

IV. PROPAGACIÓN DE ENFERMEDADES

Andrés Felipe Valencia

andres.valencia.fonseca@correounivalle.edu.co

Nicolás Aguilera García

nicolas.aguilera@correounivalle.edu.co

Resumen—

Palabras clave—

Abstract

Key words

I. INTRODUCCIÓN

EL presente trabajo es el desarrollo numérico, bajo el uso de lenguaje *C++*, orientado al análisis matemático del modelo epidemiológico Ross [1] y McKendrick [2] a nivel poblacional conocido como modelo *SIR*. Es a través de la modelación de procesos biológicos que la epidemiología teórica recibe su mayor aporte. Así que se opta por solucionar mediante el método de *Runge-Kutta 4* el conjunto de ecuaciones acopladas del modelo, considerando de manera particular las condiciones iniciales, y los parámetros propios de la enfermedad.

I-A. Modelo de Kermack y McKendrick

El estudio fundamental de Kermack [1] y McKendrick [2] ha sido de gran importancia en las últimas décadas. Su modelo *SIR*, susceptible-infeccioso-recuperado, y sus variaciones, se han convertido en modelos básicos para sistemas no lineales que son utilizados no solo por estudiantes interesados en aplicaciones matemáticas en biología, sino también para explicar a responsables de políticas, epidemiólogos y expertos en salud pública la importancia del estudio de dinámica en enfermedades contagiosas.

Los campos de salud pública y epidemiología han sido dominados, con buenas razones, por el uso de modelos estadísticos, sin embargo, se espera, que el uso de modelos dinámicos aporte una nueva perspectiva, ya que permite a teóricos y prácticos formular nuevas preguntas dentro de un marco que permite explorar el impacto de intervenciones en la dinámica de transmisión de enfermedades contagiosas. Además, los modelos utilizados deben dar cuenta de los mecanismos responsables de los patrones observados en la transmisión de una enfermedad contagiosa. Este proceso ayuda a identificar, cuantificar, evaluar e implementar políticas de intervención dirigidas a reducir el impacto de la epidemia o incluso brotes pandémicos a través de la reducción del impacto de estos mecanismos.

El presente documento corresponde al artículo final del proyecto de Física computacional

I-B. Modelo *SIR*

Según este modelo los individuos de la población sobre la cual actúa la enfermedad, que en principio se considera constante, se clasifican en los siguientes grupos:

- Susceptibles, son aquellos individuos sanos pero que en potencia se pueden enfermar.
- Infectados, son los individuos enfermos.
- Removidos, son aquellos individuos que han muerto por la enfermedad, o que permanecen inmune a la misma sin poder propagarla.

Se denota por $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ el número de individuos susceptibles, infectados y removidos respectivamente. En su versión más simple el modelo *SIR* supone la siguiente retroalimentación $S \rightarrow I \rightarrow R$.

Si consideramos una relación mas simple, que nos da cuenta de la relación entre cada población con la población total N , de este modo;

$$\begin{aligned}s(t) &= \frac{s(t)}{N}, \\ i(t) &= \frac{i(t)}{N}, \\ r(t) &= \frac{r(t)}{N},\end{aligned}$$

Para describir entonces la dinámica de la enfermedad se propone el siguiente sistema:

$$\begin{aligned}\frac{ds}{dt} &= -bs(t)i(t), \\ \frac{di}{dt} &= bs(t)i(t) - ki(t), \\ \frac{dr}{dt} &= -Ki(t),\end{aligned}\tag{1}$$

Donde b y k , son parámetros de la enfermedad, más estrictamente; la tasa de remoción de individuos infectados es constante e igual a k , quiere decir, una número de miembros infectados pasa a la clase de removidos por unidad de tiempo. Mientras b es la tasa de contacto, representa la capacidad de infectar que posee la enfermedad. En el modelo que estamos considerando los parámetros depende de la enfermedad particular que se estudié, y por lo tanto, puede también depender de factores sociales y de comportamiento. En general es difícil estimar ambas constantes.

I-C. Otros Modelos

II. METODOLOGÍA

III. SOLUCIÓN PROPUESTA

IV. SIMULACIONES Y PRUEBAS

testbench o pruebas realizadas

V. IMPLEMENTACIÓN DE LA SOLUCIÓN

VI. RESULTADOS

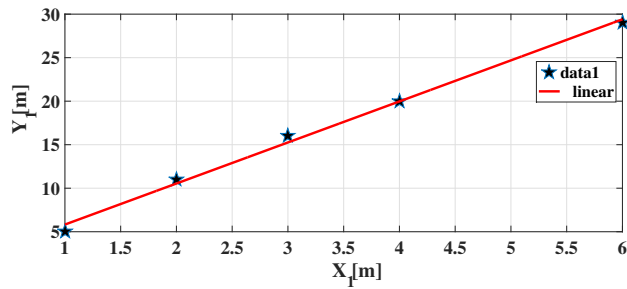


Figura 1. Nombre descriptivo de la figura.

Tabla I
NOMBRE DE LA TABLA

Símbolo	Nombre	Código Latex
α	alpha	\alpha
μ	mu	\mu
β	beta	\beta
Ω	Omega	\Omega

VII. CONCLUSIONES

REFERENCIAS

- [1] Ross R.. The prevention of malaria (2nd edition, with Addendum). John Murray, London. 1911.
- [2] Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. . A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics Royal Society of London Proceedings Series A. 1927;115:700–721.
- [3] Overleaf. <https://www.overleaf.com/>. Recuperado el 30 de Enero de 2017.