

Informe de la Tarea Investigativa II, presentado por los estudiantes
del equipo No.-27

Raudel Alejandro Gómez Molina - 211
Fernando Valdés García - 212

**Stability analysis of an SIR model with immunity and
modified transmission function**

Nidhi Nirwani, V.H.Badshah, R.Khandelwal

International Journal of Applied Mathematical Research, 2015
Factor de impacto: 0.55

1. Introducción

Desde el comienzo de la humanidad el hombre se ha enfrentado a fenómenos de la naturaleza, causados por la propia actividad humana o muchas veces sin explicación de su origen desde el punto de vista científico. Uno de estos fenómenos son las epidemias, las cuales se caracterizan por ser grandes enfermedades sobre las cuales muchas veces no se tiene absoluto control sobre el tratamiento y eliminación de la transición. De ahí que el ser humano busque y estudie estrategias para emplear en este tipo de situaciones.

Una de estas estrategias recurre a la matemática como herramienta para tratar de modelar el problema y predecir la evolución del mismo, específicamente la epidemiología matemática modela la propagación de enfermedades infecciosas en una comunidad y su objetivo es entender los mecanismos que hacen posible que se lleve a cabo dicha propagación. Pero esta modelación epidemiológica suele ser bastante compleja, porque tiene que modelar varios factores dentro de la comunidad que pueden influir en la epidemia, tal es el caso de los factores geográficos, sociales, culturales, económicos o políticos.

El **SIR** (Susceptibles-Infectados-Recuperados) es un modelo matemático que divide a la población en clases epidemiológicas: las personas susceptibles a la enfermedad **S**, la cantidad de personas infectadas **I** y la cantidad de personas recuperadas **R** en un determinado momento. También debemos introducir otro parámetro **N** que es la cantidad de individuos de la población en un momento dado, de manera que: $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$. Este modelo además describe las relaciones que se establecen entre cada uno de estos grupos, las cuales se pueden ilustrar mediante el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales:

$$\frac{d}{dt}S(t) = -\beta S(t)I(t) \quad (1)$$

$$\frac{d}{dt}I(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \quad (2)$$

$$\frac{d}{dt}R(t) = \gamma I(t) \quad (3)$$

donde β y γ miden la tasa de infección y recuperación respectivamente, para una determinada enfermedad.

En la ecuación (1) podemos observar que $\frac{d}{dt}S(t)$ siempre es un valor negativo por lo que la cantidad de susceptibles siempre irá en decremento, mientras que en la ecuación (3) se observa que $\frac{d}{dt}R(t)$ siempre es un parámetro positivo lo que implica que la cantidad de recuperados siempre está en aumento. Estas dos observaciones son cuestiones que vienen dadas por la propia naturaleza del fenómeno. Al inicio de la epidemia la cantidad de susceptibles es N y dicha cantidad va disminuyendo a medida que se van infectando los individuos. Por el contrario, al inicio de la enfermedad la cantidad de recuperados es 0 y dicha cantidad va aumentando a medida que las personas infectadas comienzan a recuperarse.

Esta modelación descrita anteriormente desde un punto de vista general es adaptada a la epidemia en que se aplique y los parámetros, así como las relaciones descritas por las ecuaciones (1), (2) y (3) pueden variar en dependencia de las características y peculiaridades propias de la epidemia.

2. Modelo empleado

El modelo SIR que se utiliza en el artículo estudiado presenta ciertas variaciones con respecto al SIR habitual. Está dado por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales:

$$\frac{dS}{dt} = \alpha - \beta S - \frac{(1 + aI)kIS}{(1 + bI^2)} + \gamma R \quad (4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{(1 + aI)\rho kIS}{(1 + bI^2)} - (\beta + \mu)I \quad (5)$$

$$\frac{dR}{dt} = \mu I - (\beta + \gamma)R + \frac{(1 + aI)(1 - \rho)kIS}{(1 + bI^2)} \quad (6)$$

Parámetro	Descripción
S	Número de susceptibles
I	Número de infectados
R	Número de recuperados
α	Tasa de reclutamiento de la población
β	Tasa de muerte natural
ρ	Una constante tal que $0 < \rho \leq 1$
μ	Tasa de recuperación natural de los individuos infectados
γ	Tasa con la que los recuperados pierden inmunidad
k	Constante de proporcionalidad
a	Medida de los efectos de la infraestructura médica
b	Medida de la consciencia de la población

Cuadro 1: Parámetros del modelo SIR

Posteriormente el artículo se refiere a la existencia de puntos de equilibrio. Se dice que el sistema siempre tiene un punto de equilibrio libre de enfermedad $E_0 = \left(\frac{a}{b}, 0, 0\right)$.

Además dado el valor $R_0 = \frac{\rho ak}{\beta(\beta + \mu)}$ llamado número de reproducción, se dice que cuando $R_0 > 1$ existe un único equilibrio positivo $E^* = (S^*, I^*, R^*)$ llamado equilibrio endémico, dado por:

$$S^* = \frac{(1 + bI^{*2})(\beta + \mu)}{\rho k(1 + \alpha I^*)} \quad (7)$$

$$I^* = \frac{-\Delta + \sqrt{\Delta^2 - 4\beta(\beta + \mu)[\beta b(\beta + \mu)(\beta + \gamma) + \rho ka\beta(\beta + \gamma + \mu)](1 - R_0)}}{2[\beta b(\beta + \mu)(\beta + \gamma) + \rho ka\beta(\beta + \gamma + \mu)]} \quad (8)$$

$$R^* = \frac{1}{(\beta + \gamma)} \left[\mu I^* + \frac{(1 - \rho)(1 + aI^*)kI^*S^*}{(1 + bI^{*2})} \right] \quad (9)$$

$$\Delta = \rho k(\beta + \mu)(\beta + \gamma) - \alpha \rho ka(\beta + \gamma) - \rho k\gamma\mu \quad (10)$$

Posteriormente realizaremos el análisis de estabilidad de dichos puntos.

3. Reproducción de experimentos

En el artículo se prueban distintos valores de ρ para ver como afecta el número de reproducción R_0 y por ende, como afecta el equilibrio endémico E^* . Realizando los cálculos por nuestra cuenta obtuvimos los siguientes resultados:

$$\alpha = 0,9, \beta = 0,82, k = 2,11, \mu = 0,11$$

ρ	R_0 obtenido	R_0 en el artículo
0.1	0.2490	0.1899
0.2	0.4980	0.4980
0.3	0.7470	0.7470
0.4	0.9961	1
0.5	1.2451	1.2450
0.6	1.4941	1.5192

Cuadro 2: Comparación de R_0

Podemos observar que la mayoría de los valores son casi iguales, con la excepción de $\rho = 0,1$ y $\rho = 0,6$, lo cual puede deberse a incongruencias en las aritméticas de punto flotante, o a errores en los cálculos del autor.

4. Gráfica del modelo

Al modelar las ecuaciones (4), (5) y (6) con el código del Anexo 1 (método de Runge-Kutta de 4to orden), se obtuvo la gráfica mostrada en la figura 1.

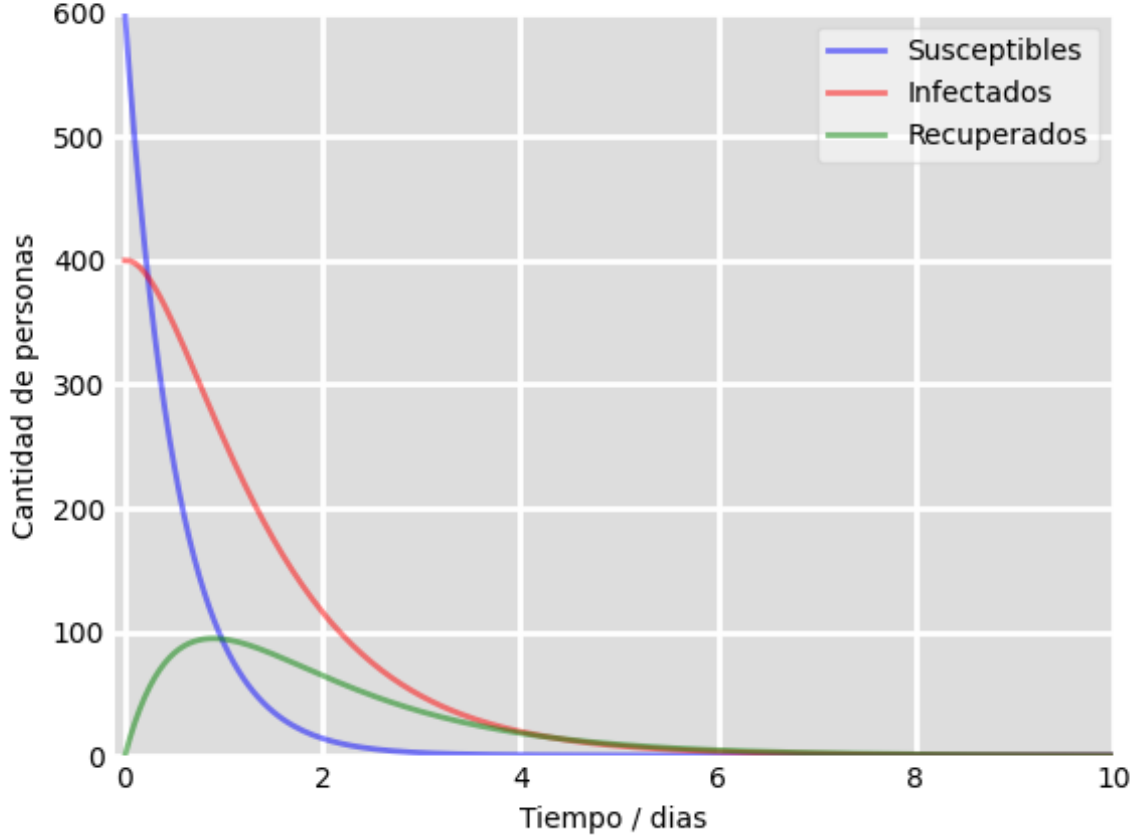


Figura 1: Gráfica del modelo SIR

Podemos observar un comportamiento inusual ya que se reduce la cantidad de recuperados con el paso del tiempo. Esto se puede deber a un error en el artículo, en nuestra interpretación de este, o en la selección de los parámetros. Los parámetros usados fueron los mismos que en el cuadro 2, además de los valores $\rho = 0,6$, $a = 0,2$, $b = 0,4$, $\gamma = 0,003$, y las condiciones iniciales $S(0) = 600$, $I(0) = 400$, $R(0) = 0$.

5. Puntos de Equilibrio, Diagrama de Fase y Estabilidad del sistema

Para analizar la estabilidad del sistema necesitamos reducir nuestro modelo, ya que este cuenta con 3 ecuaciones.

Para ello tenemos que: $\frac{dN}{dt} = \alpha - \beta N$, de donde el único punto de equilibrio es $\alpha - \beta N = 0 \Rightarrow N(t) = \frac{\alpha}{\beta} \Rightarrow S + R + I = \frac{\alpha}{\beta}$. De este razonamiento y de nuestro sistema **SIR** obtenemos el siguiente sistema reducido:

$$\frac{dI}{dt} = \frac{kI\rho(1+aI)}{1+bI^2} \left(\frac{\alpha}{\beta} - I - R \right) - (\beta + \mu)I \quad (11)$$

$$\frac{dR}{dt} = \mu I - (\beta + \gamma)R + \frac{kI(1+aI)(1-\rho)}{1+bI^2} \left(\frac{\alpha}{\beta} - I - R \right) \quad (12)$$

Ahora tratemos de buscar un sistema equivalente más cómodo para realizar el análisis de estabilidad, para ello sea $x = \frac{k}{\beta+\gamma}I$, $y = \frac{k}{\beta+\gamma}R$ y $\tau = (\beta + \gamma)t$, donde $A = \frac{\alpha k}{\beta(\beta+\gamma)}$, $p = \frac{a(\beta+\gamma)}{k}$, $q = \frac{b(\beta+\gamma)^2}{k^2}$, $B = \rho$, $m = \frac{\beta+\mu}{\beta+\gamma}$ y $r = \frac{\mu}{\beta+\gamma}$, entonces:

$$\frac{dx}{d\tau} = \frac{x(1+px)B}{1+qx^2}(A-x-y) - mx \quad (13)$$

$$\frac{dy}{d\tau} = rx - y + \frac{1+px}{1+qx^2}(1-B)x(A-x-y) \quad (14)$$

Ahora analicemos el siguiente diagrama de fase que describe el sistema anterior:

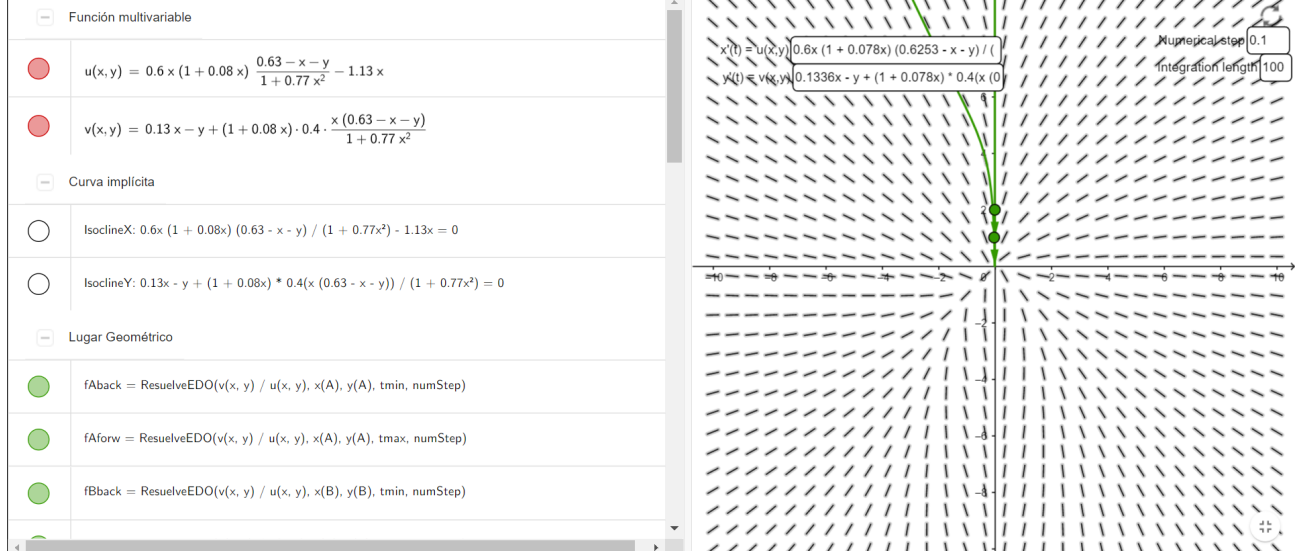


Figura 2: Diagrama de Fase

Aquí podemos observar que existe un único punto de equilibrio en el sistema en el punto $(0,0)$. El cual se alcanza con las siguientes soluciones:

$$x^* = \frac{By}{m + B(r - m)}$$

$$y^* = \frac{(m + B(r - m))x^*}{B}$$

Analicemos la matriz Jacobiana del sistema formado por las ecuaciones (13) y (14), teniendo en cuenta que $D = \frac{(1 + bI^2)}{(1 + aI)\rho kI}$:

$$M = \begin{pmatrix} BD - m & -\frac{B(1+px)x}{1+qx^2} \\ r + (1-B)C & -1 - \frac{(1-B)(1+px)x}{1+qx^2} \end{pmatrix} \quad (15)$$

Ahora si se cumple que:

$$m + \frac{m(1 - B(1 + px)x)}{1 + qx^2} + \frac{rB(1 + px)x}{1 + qx^2} > BD \quad (16)$$

entonces tenemos que (x^*, y^*) es un nodo o un foco o un centro del sistema.

$$tr(M) = BD - m - 1 - \frac{(1-B)(1+px)x}{1+qx^2} \quad (17)$$

Si $m + 1 + \frac{(1-B)(1+px)x}{1+qx^2} > BD$ entonces $tr(M) < 0$, donde:

$$D = \frac{(1 + qx^2)(A - x - y)(1 + 2px) - (x + px^2)(1 + qx^2 + (A - x - y)2px)}{1 + qx^2}$$

Por tanto las condiciones de las ecuaciones (16) y (17) son satisfechas, luego existe un único punto de equilibrio en el sistema, $(0,0)$, el cual podemos decir que es estable.

6. Conclusiones

Durante el desarrollo de este trabajo pudimos adquirir conocimientos sobre el funcionamiento del modelo SIR, el cual resulta ser muy empleado en la modelación de la propagación de enfermedades infecciosas. Además descubrimos herramientas útiles para determinar los puntos de equilibrio de un sistema de ecuaciones diferenciales, y como estos puntos afectan el comportamiento del sistema. También aprendimos sobre la metodología que se emplea para analizar la estabilidad del sistema en dichos puntos mediante la experimentación con esta.

Creemos habernos topado con algunos errores en el artículo estudiado. El primer ejemplo de esto fue la discrepancia entre los valores de R_0 para diferentes valores de ρ entre el artículo y nuestra experimentación. También debemos hacer notar el comportamiento inusual del valor R , pues como podemos ver en la figura 1, a partir de cierto punto la cantidad de recuperados se reduce, cosa que no debería suceder en un modelo SIR. Intentamos modificar las constantes del modelo para ver si esto se solucionaba, pero no tuvimos éxito.

Teniendo en cuenta lo anterior creemos conveniente recomendar una revisión más exhaustiva del modelo propuesto en el artículo, para ver si se puede corregir el error que se presenta en el mismo.

7. Bibliografía

1. Ecuaciones diferenciales y problemas con valores en la frontera; Edwards, C. Henry; Pearson Education; 2001
2. Differential equations and dynamical systems; Perko, Lawrence; Springer, 2001
3. Stability analysis of an SIR model with immunity and modified transmission function; Nidhi Nirwani et al.; International Journal of Applied Mathematical Research; 2015

8. Anexos

Anexo 1: Graficado del sistema de EDO del modelo SIR

```

1
2 # Metodo de Runge-Kutta de 4to orden
3 def rk4(f, x, t, h, N, beta, gamma, alpha, k, miu, ro, a, b):
4     k1 = h * f(x, t, N, beta, gamma, alpha, k, miu, ro, a, b)
5     k2 = h * f(x + 0.5 * k1, t + 0.5 * h, N, beta, gamma, alpha, k, miu, ro, a, b)
6     k3 = h * f(x + 0.5 * k2, t + 0.5 * h, N, beta, gamma, alpha, k, miu, ro, a, b)
7     k4 = h * f(x + k3, t + h, N, beta, gamma, alpha, k, miu, ro, a, b)
8     return x + (k1 + 2 * k2 + 2 * k3 + k4) / 6
9
10 # Sistema de ecuaciones diferenciales del modelo
11 def deriv(y, t, N, beta, gamma, alpha, k, miu, ro, a, b):
12     S, I, R = y
13     dSdt = alpha - beta * S - ((1 + a * I) * k * I * S) / (1 + b * I ** 2) + gamma * R
14     dIdt = ((1 + a * I) * ro * k * I * S) / (1 + b * I ** 2) - (beta + miu) * I
15     dRdt = miu * I - (beta + gamma) * R + ((1 + a * I) * (1 - ro) * k * I * S) / (1 + b * I ** 2)
16     return np.array([dSdt, dIdt, dRdt])
17
18
19 t = np.linspace(0, 10, 200)
20 # Vector de condiciones iniciales
21 y0 = np.array([S0, I0, R0])
22 # Aproximar las ecuaciones del modelo con el metodo de Runge-Kutta de 4to orden
23 ret = np.array([y0])
24 for i in range(len(t) - 1):

```

```
25     ret = np.vstack((ret, rk4(deriv, ret[-1], t[i], t[i + 1] - t[i], N, beta, gamma, alpha, k, miu,  
    ro, a, b)))  
26 S, I, R = ret.T
```
