

# Reto MA1002B: Evolución de Contagios

Santiago Mora, Adamaris de Dios, Gabriel Reynoso

1 de diciembre de 2023

## Resumen

En este reto se modeló un fenómeno de evolución de contagios en un sistema cerrado utilizando un modelo *SIR*. Además del modelo simple, se realizaron otros dos modelos de los cuales uno incluye nacimientos y decesos y el otro vacunación. Se concluye que si el cociente entre el cociente del de infección entre el de recuperación es mayor a 1, sucede una pandemia en el sistema. Del mismo modo, se encuentra que, al haber nacimientos y decesos, en un periodo de tiempo largo habrá pandemias periódicamente, pero cada vez más pequeñas. Finalmente, el modelo con vacunación reveló que no importa la razón de vacunación esto ayuda a mitigar la infección, evitándose una pandemia al lograr inmunidad de rebaño vacunando al 75 % de la población.

## 1. Introducción

El problema que se busca desarrollar durante el transcurso de la materia es un fenómeno de evolución de contagios en un sistema cerrado (que nadie entra ni sale del sistema), en el cual los individuos se mueven de forma aleatoria. Se asume que en este sistema la población es afectada por una infección que se contagia entre individuos de la misma especie. Se asume, también, que los individuos se recuperan de esta infección, y que estos individuos recuperados son inmunes a recontagiarse de la infección. Para modelar esta situación utilizando ecuaciones diferenciales, es necesario clasificar a los individuos dentro de la población ( $N$ ) como susceptibles ( $S$ ), infectados ( $I$ ) y recuperados ( $R$ ) y, a su vez, utilizar este modelo *SIR* para pronosticar las curvas de contagios de la infección en cuestión. Los parámetros del modelo serán modificados con el fin de experimentar y observar qué sucede al modificar cada parámetro; y también será modificado para modelar situaciones en las que existan vacunas contra la infección, nacimientos y decesos, entre otras cosas.

Asimismo, los supuestos principales que se tomaron en cuenta son los siguientes:

- Todos los individuos susceptibles tienen la mis-

ma probabilidad de contagiarse

- Todos los individuos infectados tienen el mismo tiempo de recuperación.
- Al ser un sistema cerrado, la población total  $N$  es constante

## 2. Metodología

Tomando las consideraciones anteriores en cuenta, se puede construir el sistema *SIR* de ecuaciones diferenciales en el lenguaje de programación R [R C21] y los paquetes `deSolve` [KTR10], `ggPlot2` [Wic16] y `reShape2` [Wic07], de la siguiente manera:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I}{N} S \quad (1)$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

Donde las letras  $S$ ,  $I$ ,  $R$  y  $N$  fueron definidas anteriormente; el tiempo  $t$  es la variable independiente, el coeficiente  $\beta$  representa la razón con la que las personas se infectan y el coeficiente  $\gamma$  la razón con la que las personas se recuperan.

Este primer modelo es el más simple con el que se trabajó, y para referencia en futuras secciones se le denominará *Modelo 1*.

Se toma en cuenta un segundo modelo, que se denominará *Modelo 2*, para simular los nacimientos y los decesos en este mismo sistema cerrado. Se considera que todos los individuos nacen susceptibles a la infección con una tasa de nacimientos  $b$  y que la tasa de mortalidad  $\mu$  para los individuos susceptibles, infectados y recuperados es la misma. Tomando en cuenta lo anterior, el sistema se construye de la siguiente manera:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I}{N} S + bN - \mu S \quad (4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I}{N} S - \gamma I - \mu I \quad (5)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (6)$$

Finalmente, se toma en cuenta un último modelo denominado *Modelo 3* que considera a los individuos susceptibles que se vacunan para obtener inmunidad a la infección, es decir, pasan directamente de la población susceptible a la recuperada. Para esto, se considera un nuevo coeficiente  $v$  que representa a la proporción de personas que se vacunan. Con estas modificaciones, el sistema luce de la siguiente manera:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I}{N} S - vS \quad (7)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I}{N} S - \gamma I \quad (8)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + vS \quad (9)$$

Las condiciones iniciales que se asumen para estos modelos son que para una población de 1,000,000 de individuos, se comienza con 999,999 individuos susceptibles, 1 individuo infectado y 0 recuperados.

### 3. Resultados

#### 3.1. Modelo 1

Graficando la evolución del sistema on el coeficiente de infección  $\beta = 1$  y el coeficiente de recuperación  $\gamma = 0,1$ , obtenemos la figura 1. Podemos observar que la población de infectados aumenta rápidamente durante días 10 a 18, día en el cual alcanza su punto máximo (669,741 individuos), y después de esto disminuye mientras que la población de recuperados aumenta hasta llegar al punto en el que ya no hay más población susceptible.

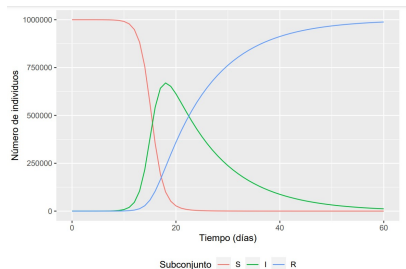


Figura 1: Modelo 1 en 60 días ( $\beta = 1$ ,  $\gamma = 0,1$ )

Modificando los coeficientes de infección  $\beta$  y recuperación  $\gamma$  para que estos sean iguales, obtenemos la gráfica en la figura 2, en la cual observamos que tanto la población susceptible como la recuperada permanecen constantes.

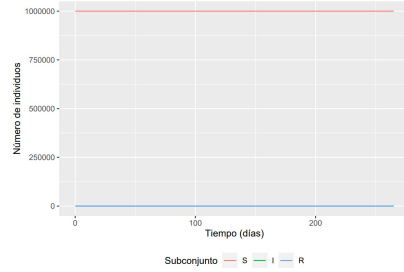


Figura 2: Modelo 1 en 60 días ( $\beta = 0,1$ ,  $\gamma = 0,1$ )

#### 3.2. Modelo 2

Utilizando los coeficientes anuales siguientes:  $\beta = 0,4 \cdot 365$ ,  $\gamma = 0,2 \cdot 365$ ,  $b = \frac{1}{70}$  y  $\mu = \frac{1}{70}$ ; se modeló el sistema durante 400 años y el resultado gráfico puede ser observado en la figura 3. Podemos observar que en este caso hay picos de infección y recuperación cada cierta cantidad de tiempo, siendo estos picos cada vez más pequeños. Esto se debe principalmente a que, como este modelo tome en cuenta nacimientos y decesos, hay puntos donde la población susceptible es lo suficientemente grande en proporción a las otras dos que se genera otra pandemia, pero tienden a ser iguales y los picos menores conforme pasa más tiempo.

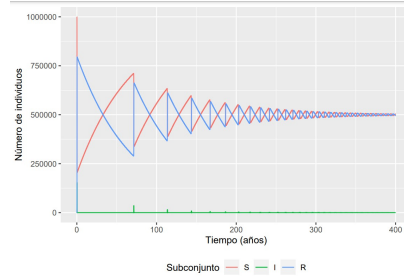


Figura 3: Modelo 2 en 400 años

#### 3.3. Modelo 3

Finalmente, el modelo 3 simula lo que sucede cuando la población se vacuna. Podemos observar en la figura 4 que al vacunar al 10% de la población, se reduce el tiempo en el que finaliza la pandemia, y en la figura 5 que al vacunar al 75% de la población ni siquiera sucede una pandemia. Esto se debe a que, al calcular la población susceptible que debe haber para que exista la inmunidad

de rebaño, obtenemos que esta debe ser de 250,000 individuos; y calculando el coeficiente de vacunación correspondiente, obtenemos que es 0.75, significando que al vacunar al 75 % de la población la inmunidad de rebaño sucede y la pandemia se evita.

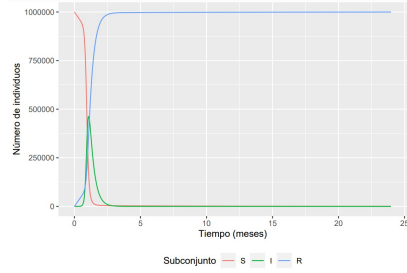


Figura 4: Modelo 3 con 10 % de la población vacunada

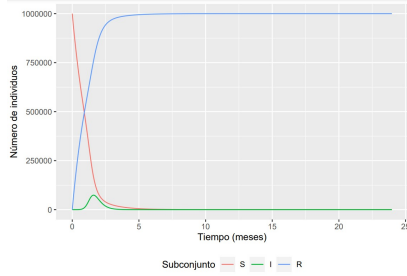


Figura 5: Modelo 3 con 75 % de la población vacunada

## 4. Conclusión

Después de haber graficado los tres diferentes modelos y haber experimentado con los diferentes parámetros que cada uno de estos tenía, cada modelo permite una conclusión diferente:

*Modelo 1:* Una pandemia ocurre cuando existe un momento de rápido crecimiento de infección que genera un pico, que después es contrarrestado por la población recuperada aumentando. Pero si los coeficientes de infección y recuperación son iguales, no ocurre ninguna pandemia ni nada similar. De esto podemos concluir que si esta relación  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$  es mayor a 1, el paciente 0 transmite la enfermedad antes de curarse dando origen a una epidemia.

*Modelo 2:* Añadiendo nacimientos y decesos al modelo podemos concluir que, al ser los individuos nacidos susceptibles a la enfermedad, en un periodo de tiempo largo habrá pandemias periódicas cada vez con picos más pequeños hasta igualarse la población susceptible y recuperada.

*Modelo 3:* Añadiendo vacunas al sistema, podemos concluir que no importa si el coeficiente de vacunación es muy pequeño, ayuda a mitigar los efectos de la infección haciendo que, ya sea el tiempo de pandemia se reduzca o ni siquiera suceda una pandemia, esto último lográndose al tener inmunidad de rebaño.

## Referencias

- [KTR10] Karline Soetaert, Thomas Petzoldt, and R. Woodrow Setzer. Solving differential equations in R: Package deSolve. *Journal of Statistical Software*, 33(9):1–25, 2010.
- [R C21] R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2021.
- [Wic07] Hadley Wickham. Reshaping data with the reshape package. *Journal of Statistical Software*, 21(12):1–20, 2007.
- [Wic16] Hadley Wickham. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York, 2016.