

Modelo epidémico de SIR

Realizado por: Tatiana Cárdenas Jho

Introducción:

Los modelos matemáticos se sirven de herramientas matemáticas para estudiar un fenómeno de la vida real de manera abstracta y simplificada. Para ello se expresan mediante una formulación matemática las relaciones entre las magnitudes que intervienen en el fenómeno.

El modelo básico SIR (Susceptibles-Infectados-Recuperados) de Kermack y McKendrick, es un modelo de compartimentos donde la población bajo estudio se divide en clases epidemiológicas y se describe un flujo entre ellas. Un sistema sanitario robusto que proporcione al modelo datos confiables y aunados a políticas públicas de salud coherentes contribuye a controlar los impactos de contingencias epidémicas. De ahí que el objetivo del presente estudio sea aplicar el modelo SIR, sin profundizar en el aparato matemático que lo acompaña, para conocer el impacto de la COVID-19 en Cuba, con énfasis en La Habana, como centro de la epidemia en el país en el período del 11 de marzo al 16 de julio de 2020.

De tal manera que se muestra el modelo con coeficientes variables en el tiempo y su utilidad como modelo dinámico para hacer proyecciones en situaciones epidémicas; se aplica a regiones locales específicas y se manifiestan sus potencialidades para analizar rebrotes por la aparición de eventos locales que se alejan de las predicciones previstas.

Desarrollo:

Librerías:

Entre las librerías utilizadas para el desarrollo del mismo se encuentran las siguientes:

```
#Importación de librerías
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import pandas as pd
import time
print('Importadas')
```

Ilustración 1 Librerías utilizadas

Variables para utilizar:

Entre las variables que utilizaremos se encuentran:

- Total, de la población
- Numero Inicial de Infectados

- Numero de Recuperados
- Susceptibles a la infección inicialmente.
- Tasa de contacto, beta nivel de reproductividad del virus
- Tiempo

```
#Variables
N = 17000000
I0 = 1
R0 = 0
S0 = N - I0 - R0
beta, gamma = 0.24, 1/15
t = np.linspace(0, 365, 365)
```

Ilustración 2 Variables a utilizar

Funciones:

```
def deriv(y, t, N, beta, gamma):
    S, I, R = y
    dSdt = -beta * S * I / N
    dIdt = beta * S * I / N - gamma * I
    dRdt = gamma * I
    return dSdt, dIdt, dRdt
```

```
# Condiciones principales
y0 = S0, I0, R0
ret = odeint(deriv, y0, t, args=(N, beta, gamma))
S, I, R = ret.T # Obtencion de resultados
```

Ilustración 3 Funciones

Graficas representativas del modelo SIR:

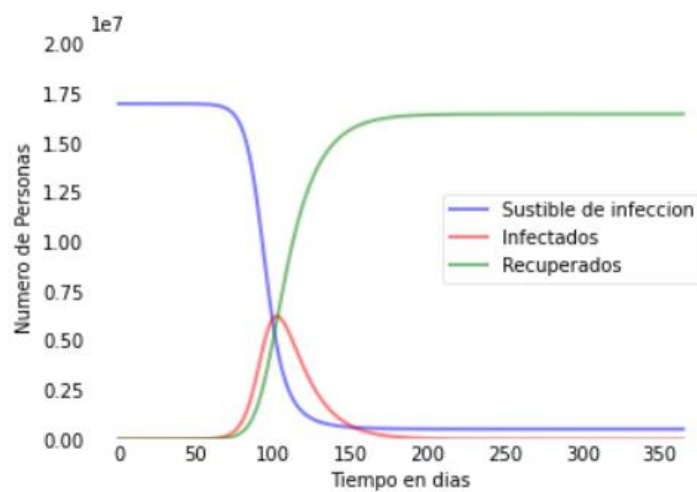


Ilustración 4 Modelo SIR

Análisis de los resultados:

Como se puede observar en la gráfica, el pico de contagios se representará a los 100 días, de tal manera que las personas que pueden contagiarse disminuirán con respecto a las personas recuperadas e infectadas.

Conclusiones:

- Un sistema de salud robusto y organizado es una ventaja muy importante para aprovechar las potencialidades de los modelos epidemiológicos, ya que el empleo de modelos matemáticos para enfermedades infecciosas ha crecido en grado significativo en los últimos años debido a que proporcionan información útil para tomar decisiones, e instituir medidas operativas en el control o erradicación de una enfermedad infecciosa.
- La calidad en la estimación de parámetros depende en gran medida de la calidad de los datos que el sistema de salud pueda proporcionar.