

Evidencia 2: Evolución de Contagios

Marissa Edith Luna Landa	Nubia Garcidueñas Barajas	Ximena Cantón Ayllón	Gustavo Aguilar Torreblanca
Tecnológico de Monterrey	Tecnológico de Monterrey	Tecnológico de Monterrey	Tecnológico de Monterrey
Guadalajara, Jalisco	Guadalajara, Jalisco	Guadalajara, Jalisco	Guadalajara, Jalisco
A01645653	A01352303	A01645105	A00839690

I. RESUMEN

A lo largo de este trabajo se ha investigado mediante modelos de ecuaciones diferenciales la evolución de contagios de una enfermedad. Se han computado diferentes modelos que han permitido el considerar las condiciones necesarias para que se desate o no una epidemia, además de ser capaz de evaluar las variables que afectan tanto al pico como su duración.

II. DESCRIPCIÓN DEL PROBLEMA PLANTEADO

La evolución de enfermedades es un tema de alta prioridad en el área de investigación, ya que el tener conocimiento y maneras de predecir el comportamiento de los contagios de diversas enfermedades puede conllevar a la prevención y acción contra las epidemias. Un modelo generado a partir de un sistema de ecuaciones diferenciales involucrando población Susceptible, Infectada y Recuperada, llamado SIR, es una manera efectiva de obtener una estimación a como una enfermedad puede evolucionar dentro de una población dada. El generar modelos que permitan visualizar y analizar como una enfermedad puede afectar a una población tiene como objetivo fundamental el proteger la salud e integridad de las personas en dicha población.

III. PRINCIPALES SUPUESTOS

Los principales supuestos en el modelo desarrollado son los siguientes:

- 1) **Homogeneidad en la transmisión:** En el modelo SIR, se asume que la tasa de infección es proporcional a la interacción entre los individuos susceptibles e infectados.
- 2) **Condiciones ideales de movimiento y contacto:** En el modelo de geometría de ciudad, se asume que los individuos se distribuyen y mueven aleatoriamente, lo que implica un comportamiento sin patrones fijos de agrupación.
- 3) **Población constante o controlada por tasas de natalidad y mortalidad:** En el segundo modelo con nacimientos y muertes se asume que la población puede cambiar a lo largo del tiempo dependiendo de las tasas de natalidad y mortalidad, lo que puede generar varios picos de infección, pero también se asume que la población sigue un comportamiento controlado por esas tasas.

- 4) **Homogeneidad de las tasas de infección y recuperación:** Se asume que las tasas de infección y recuperación son constantes para toda la población, sin tener en cuenta las variaciones individuales o contextuales que puedan afectar la velocidad de la propagación o recuperación.
- 5) **Simplificación del comportamiento de la población:** El modelo no toma en cuenta el comportamiento individual frente a la enfermedad, ni intervenciones de salud pública, que podrían alternar significativamente la dinámica de los contagios y recuperaciones.
- 6) **Ausencia de intervenciones externas:** No se toma en cuenta la implementación de medidas preventivas.

Estos supuestos nos permiten simplificar el modelo para facilitar el análisis matemático, aunque no refleja la complejidad de las situaciones reales.

IV. MODELOS E IDEAS IMPLEMENTADAS

El primer modelo con el que se trabajó fue el modelo SIR, que consiste de un sistema de ecuaciones diferenciales que describen la tasa de crecimiento de una población N con S Susceptibles, I Infectados y R Recuperados mediante herramientas computacionales. Las ecuaciones que componen el modelo son las siguientes:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I}{N} S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{I}{N} S - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}\tag{1}$$

$\beta \frac{I}{N}$ representa la razón con que las personas se infectan, pasando de Susceptibles a Infectados. Mientras que γ representa la razón con la que las personas se recuperan, pasando de Infectados a Recuperados. Es posible variar diferentes datos para visualizar los cambios en el modelo, puesto que cambiar la población total, las razones de infección y recuperación o el número inicial de las variables SIR afecta de diferentes maneras al modelo.

Se generó un segundo modelo SIR que toma en cuenta que nace y muere gente dentro del total de población. Con este modelo, el número de recuperados puede disminuir, no sólo aumentar, mientras que el número de susceptibles puede aumentar, no solo disminuir. Esto produce un modelo que

puede presentar múltiples picos de infección pasado un tiempo. El nuevo sistema de ecuaciones diferenciales luce así:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I}{N} S + bN - \mu S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{I}{N} S - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}\quad (2)$$

Donde b es la razón con la que nace y μ es la razón con la que muere la gente. El tamaño de la población N en el modelo puede presentar un crecimiento, decrecimiento o permanecer igual dependiendo de la diferencia en las tasas de nacimiento y muerte. Si la tasa de muerte es mayor, la población N disminuye. Si la tasa de nacimiento es mayor, la población N crece. Si ambas tasas son iguales, la población N no mostrará un cambio entre iteraciones del modelo.

El otro modelo que fue empleado es la simulación de geometría de ciudad y estructura de datos para las personas. El modelo consiste en generar una ciudad cuyo contorno son diferentes formas y que las personas estén ubicadas de manera aleatoria dentro de este contorno. Además, los individuos se mueven cada iteración a un nuevo lugar aleatorio, si un susceptible se encuentra a un radio de infección r de un infectado, se contagia. Se utilizó forma cuadrada y circular además de distribución aleatoria y normal de los individuos, con el objetivo de simular una población distribuida sin un patrón y una población que se aglomera.

Este otro modelo toma en cuenta la transmisión de la enfermedad entre individuos y sus interacciones dentro de un área cerrada, a diferencia del SIR, el cual solo toma en cuenta las tendencias que sigue la enfermedad dentro de la población como un todo.

V. PRINCIPALES RESULTADOS GRÁFICOS OBTENIDOS

El modelo SIR muestra la evolución de los contagios de la población a lo largo del tiempo. Se suele observar un pico de infección cuando el número de infectados empieza a aumentar hasta que no hay suficiente población susceptible para mantener ese número de infectados. Se muestra un ejemplo del modelo SIR básico.

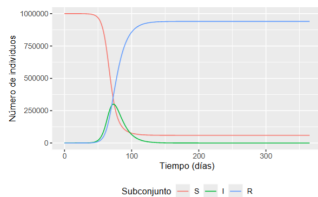


Fig. 1. Modelo SIR. Muestra un pico después del cual empiezan a disminuir el número de infectados.

Se puede observar el pico de infectados en el modelo y como bajan y suben los susceptibles y recuperados, respectivamente. El modelo SIR modificado toma en cuenta que, pasado el tiempo, la población va perdiendo su inmunidad

conforme mueren y nacen nuevas personas. Se muestra el segundo modelo a continuación.

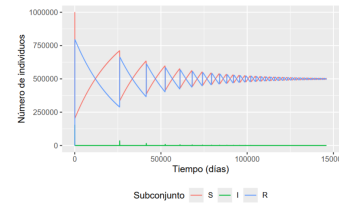


Fig. 2. Modelo SIR incluyendo tasas de nacimiento y muerte.

El modelo muestra múltiples picos de infectados formados en cuanto el número de susceptibles aumenta. Ésto se relaciona a la manera en la que se puede observar enfermedades que funcionan de manera cíclica o por temporadas.

La simulación cuenta con iteraciones donde se van infectando aquellos susceptibles que se encuentran en la cercanía de alguien infectado, por lo que se suelen observar agrupaciones de infectados en iteraciones posteriores.

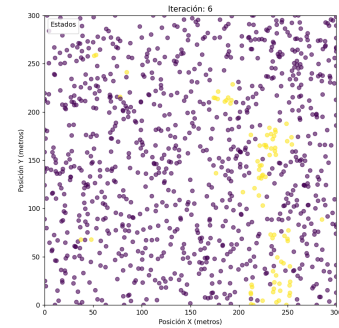


Fig. 3. Simulación de contagio de individuos en un área cerrada.

En la distribución circular la propagación es más rápida en el centro, mientras que en el clúster la infección se concentra en el área central. En la animación se logra ver como la enfermedad se difunde y se controla en función a la distribución y el tiempo.

VI. PRINCIPALES CONCLUSIONES

En el trabajo se desarrollaron modelos matemáticos para simular la propagación de enfermedades utilizando el modelo SIR (Susceptibles, Infectados y Recuperados) y sus variantes con tasas de natalidad y mortalidad. El modelo SIR básico muestra un pico de infectados que luego disminuye, mientras que el modelo modificado, al incluir nacimientos y muertes, genera múltiples picos a lo largo del tiempo. Además, la simulación de una ciudad con diferentes distribuciones de individuos muestra cómo la concentración y movilidad de la población influyen en la propagación de la enfermedad, destacando la importancia de los patrones espaciales en la dinámica de contagios.

VII. PRINCIPALES RECURSOS USADOS

Los principales recursos utilizados durante la extensión de este trabajo fueron:

- Lenguajes de programación Python y R.
- IDEs Google Collab, VS Code y R-Studio.