

Publicación de Sergio Francisco Juárez Cerrillo



Sergio Francisco Juárez Cerrillo

7 de mayo de 2020 · 🌐

El Modelo SIR

Uno de los modelos matemáticos más simples y fundamentales para describir la transmisión de infecciones contagiosas en una población de humanos es el modelo Susceptibles-Infectados-Removidos, o simplemente modelo SIR. Veamos cómo funciona este modelo en su versión discreta. Una enfermedad infecciosa ataca a una población y la divide en tres grupos: Los Susceptibles (sujetos que se pueden contagiar), los Infectados (sujetos infectados), y los Removidos (sujetos que se curan o mueren a causa de la infección). Observaremos a las proporciones de individuos en cada uno de estos grupos durante un periodo de $t = 0, 1, \dots, T$ días. En el día t tenemos

$S(t)$: proporción de Susceptibles.

$I(t)$: proporción de Infectados.

$R(t)$: proporción de Removidos.

Supongamos que un individuo dura infectado D_{infec} días y que puede contagiar a R individuos mientras está infectado. De modo que R/D_{infec} es el número individuos que un contagiado infecta por día. Si los susceptibles y los infectados están bien revueltos entre ellos (los infectados no están aislados, por ejemplo) entonces al producto $S(t)I(t)$ lo podemos interpretar como la probabilidad de un contacto entre un individuo susceptible con un individuo infectado en el día t . De tal manera que $(R/D_{infec})S(t)I(t)$ es el número de infectados en el día t . Entonces, el número de sujetos susceptibles que habrá el día $t+1$, $S(t+1)$, es igual a los susceptibles el día t , $S(t)$, menos los que se contagien el día t

$$S(t+1) = S(t) - (R/D_{infec})S(t)I(t)$$

El número de infectados el día $t+1$, $I(t+1)$, es igual al número de infectados el día t , $I(t)$, más los susceptibles que se infectaron ese mismo menos los que se curan o mueren también ese mismo día t . Si D_{infec} son los días que dura infectado un individuo, entonces ese infectado cubre por día $(1/D_{infec})$ del periodo de infección, por lo que el número de infectados que pasan al grupo de removidos el día t es $(1/D_{infec})I(t)$

$$I(t+1) = I(t) + (R/D_{infec})S(t)I(t) - (1/D_{infec})I(t)$$

Finalmente, para calcular cuántos se removerán el día $t+1$, le sumamos a los que van removidos el día t los que fueron removidos del grupo de infectados el día t

$$R(t+1) = R(t) + (1/D_{infec})I(t)$$

El modelo se termina especificando las condiciones iniciales $S(0) = 1, 0 < I(0) < 1$, y $R(0) = 0$.

Ejemplo: Supongamos que, con cierta infección, un individuo contagia a 3 y que son 14 días los que permanece infectado. Entonces las ecuaciones del modelo SIR son

$$S(t+1) = S(t) - (3/14)S(t)I(t)$$

$$I(t+1) = I(t) + (3/14)S(t)I(t) - (1/14)I(t)$$

$$R(t+1) = R(t) + (1/14)I(t)$$

La imagen abajo presenta a $S(t)$, $I(t)$, y $R(t)$ con $S(0) = 1, I(0) = 0.001$, y $R(0) = 0$. Una vez que se ha postulado al modelo, la dinámica de la evolución de los tres grupos de individuos es fácil de implementar con cualquier plataforma de cálculo matemático como R, Python o matlab. Incluso en una hoja de excel es fácil de implementar. Si la población tiene N individuos, basta con multiplicar por N a $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ para obtener el número de individuos en cada grupo en el día t .

Comentarios:

El modelo SIR es aplicable cuando:

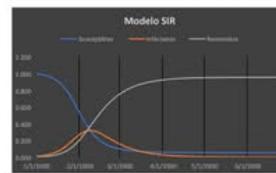
- 1) Durante el periodo de observación de la enfermedad, la población es de tamaño constante.
- 2) Al inicio todos los individuos son susceptibles de infectarse.
- 3) Los individuos infectados pueden contagiar la enfermedad.
- 4) Los individuos adquieren inmunidad después de curarse.
- 5) Tanto R como D_{infec} no cambian durante el periodo de observación.
- 6) Se describe la evolución de la infección sin intervenciones exógenas que modifiquen a R o a D_{infec} .
- 7) Ley de Acción de Masa (Cinética Química): En la población todos los individuos interactúan entre ellos como en una reacción química, de manera homogénea. Es decir, la probabilidad de que cualquier individuo tenga contacto con cualquier otro es de $1/N$. Se descarta heterogeneidad entre los contactos debido a aspectos geográficos, sociales, económicos, demográficos. De acuerdo con esto, el modelo SIR no es aplicable para describir a la epidemia del covid-19 en todo México: Los 127 millones de habitantes estamos distribuidos heterogéneamente en una superficie territorial de casi 2 millones de km^2 de extensión; unos en regiones urbanas de altísima densidad poblacional mientras que otros están en regiones casi despobladas. En la medida en la que la ley de acción de masas sea razonablemente válida para una región, es que se puede aplicar el modelo SIR.

Un excel para calcular S , I y R está disponible aquí:

tiempo t	Susceptibles, S(t)	Infectados, I(t)	Removidos, R(t)
1	1.0000	0.0010	0.0000
2	0.9998	0.0011	0.0001
3	0.9995	0.0012	0.0003
4	0.9991	0.0013	0.0005
5	0.9989	0.0013	0.0006
6	0.9986	0.0013	0.0007
7	0.9982	0.0013	0.0008
8	0.9977	0.0013	0.0009
9	0.9972	0.0013	0.0010
10	0.9966	0.0013	0.0011
11	0.9959	0.0013	0.0012
12	0.9951	0.0013	0.0013
13	0.9943	0.0013	0.0014
14	0.9933	0.0013	0.0015
15	0.9923	0.0013	0.0016
16	0.9913	0.0013	0.0017
17	0.8913	0.0013	0.0018
18	0.8813	0.0013	0.0019
19	0.8668	0.0013	0.0020
20	0.8448	0.0013	0.0021
21	0.8159	0.0013	0.0022
22	0.7808	0.0013	0.0023
23	0.7395	0.0013	0.0024
24	0.7011	0.0013	0.0025
25	0.6715	0.0013	0.0026
26	0.6477	0.0013	0.0027
27	0.6279	0.0013	0.0028
28	0.6110	0.0013	0.0029

Parámetros	Valor
R0	3
Dias infectado	14

Condición	Valor
S(0)	1
I(0)	0.001
R(0)	0



DRIVE.GOOGLE.COM

SIR.xlsx



11

5 veces compartido

