

Modelado epidemiológico

MODELOS Y SIMULACIÓN DE SISTEMAS BIOLÓGICOS



Contenidos

1

Introducción

Modelos en
epidemiología

2

Modelo SIR

3

Variaciones del modelo SIR básico

4

Tarea

Entregas pasadas y futuras





1

Introducción

Modelado en epidemiología

Modelado de poblaciones

01



**CONTINUOS PARA
UNA SOLA ESPECIE**

Exponencial
Logístico

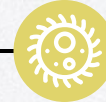
Modelos continuos
no lineales de
interacciones:
Presa-Predador



**PARA POBLACIONES
EN INTERACCIÓN**

02

03



EPIDEMIOLÓGICOS

Modelos
compartimentales:
SIR
Variaciones del SIR

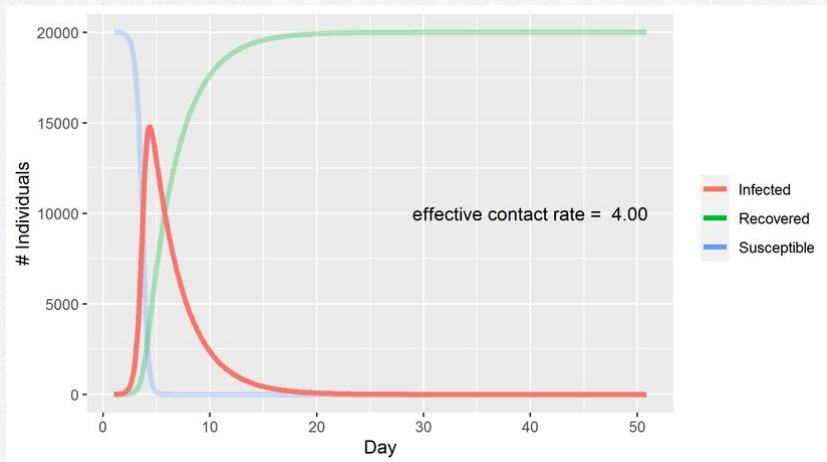
Breve historia de la epidemiología matemática:

- El estudio de las enfermedades infecciosas comenzó con el trabajo de John Graunt en 1662: “Natural and Political Observations made upon the Bills of Mortality” donde utilizó registros semanales de números y causas de muerte en Londres para finalmente identificar posibles causas de los patrones de muerte observadas.
- En el siglo XVIII la viruela era endémica y el primer modelo epidemiológico matemático, formulado por Daniel Bernoulli, se centró en estimar el impacto de la vacunación contra ésta.
- Muchos de los descubrimientos en modelos matemáticos de enfermedades transmisibles son atribuibles a médicos de sistemas públicos. Algunos ejemplos son Sir. R.A. Ross, W.H. Hamer, A.G. McKendrick y W.O. Kermack.

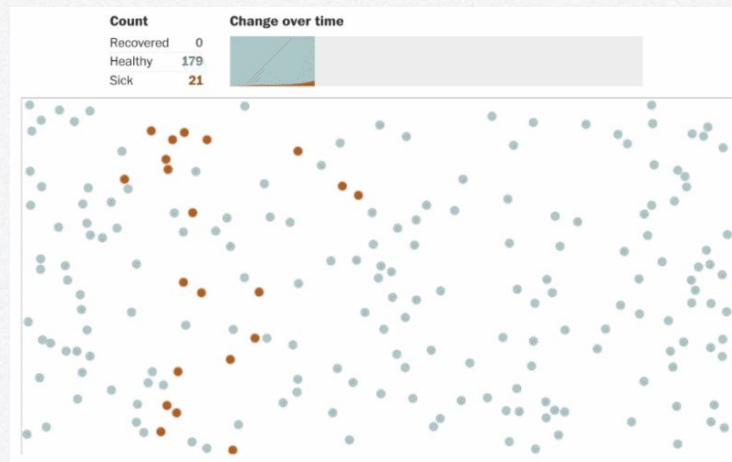
Introducción

Modelado en epidemiología de enfermedades contagiosas

MODELOS COMPARTIMENTALES



MODELOS BASADOS EN AGENTES



Introducción

MODELOS COMPARTIMENTALES EN EPIDEMIOLOGÍA

- Modelos compartimentales: representan el transporte de material en sistemas como reacciones químicas, procesos biológicos e interacciones ecológicas.

Introducción

MODELOS COMPARTIMENTALES EN EPIDEMIOLOGÍA

- Modelos compartimentales: representan el transporte de material en sistemas como reacciones químicas, procesos biológicos e interacciones ecológicas. Consisten en una colección de **compartimentos interconectados** por flujos de materiales de diferente orden.

Introducción

MODELOS COMPARTIMENTALES EN EPIDEMIOLOGÍA

- Modelos compartimentales: representan el transporte de material en sistemas como reacciones químicas, procesos biológicos e interacciones ecológicas. Consisten en una colección de **compartimentos interconectados** por flujos de materiales de diferente orden.
- Cada estado de enfermedad es un compartimento diferente etiquetado que contiene una población homogénea de individuos (divisiones de la población de estudio).

Introducción

MODELOS COMPARTIMENTALES EN EPIDEMIOLOGÍA

- Modelos compartimentales: representan el transporte de material en sistemas como reacciones químicas, procesos biológicos e interacciones ecológicas. Consisten en una colección de **compartimentos interconectados** por flujos de materiales de diferente orden.
- Cada estado de enfermedad es un compartimento diferente etiquetado que contiene una población homogénea de individuos (divisiones de la población de estudio).
- El orden de las etiquetas muestra patrones de flujo entre los compartimentos.

Introducción

MODELOS COMPARTIMENTALES EN EPIDEMIOLOGÍA

- Modelos compartimentales: representan el transporte de material en sistemas como reacciones químicas, procesos biológicos e interacciones ecológicas. Consisten en una colección de **compartimentos interconectados** por flujos de materiales de diferente orden.
- Cada estado de enfermedad es un compartimento diferente etiquetado que contiene una población homogénea de individuos (divisiones de la población de estudio).
- El orden de las etiquetas muestra patrones de flujo entre los compartimentos.
- Se establecen supuestos sobre la naturaleza y la tasa de transferencia de individuos de un compartimento a otro en el tiempo.

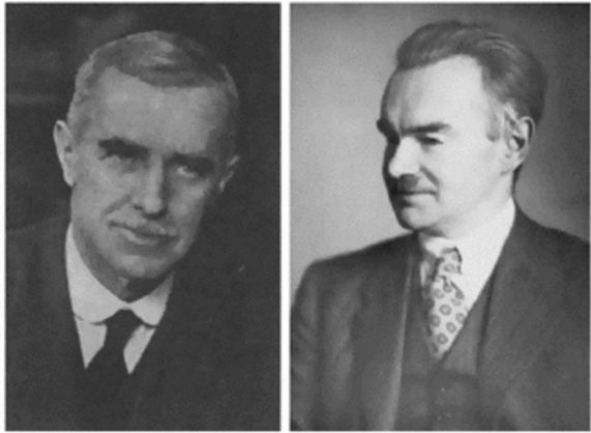
Introducción

MODELOS COMPARTIMENTALES EN EPIDEMIOLOGÍA

- Modelos compartimentales: representan el transporte de material en sistemas como reacciones químicas, procesos biológicos e interacciones ecológicas. Consisten en una colección de **compartimentos interconectados** por flujos de materiales de diferente orden.
- Cada estado de enfermedad es un compartimento diferente etiquetado que contiene una población homogénea de individuos (divisiones de la población de estudio).
- El orden de las etiquetas muestra patrones de flujo entre los compartimentos.
- Se establecen supuestos sobre la naturaleza y la tasa de transferencia de individuos de un compartimento a otro en el tiempo.
- Los modelos compartimentales más comunes son deterministas **---** ➤ ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE) o una ecuaciones diferenciales parciales (PDE).

Introducción

MODELOS COMPARTIMENTALES EN EPIDEMIOLOGÍA



A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics.

By W. O. KERMACK and A. G. MCKENDRICK.

(Communicated by Sir Gilbert Walker, F.R.S.—Received May 13, 1927.)

(From the Laboratory of the Royal College of Physicians, Edinburgh.)

Introduction.

(1) One of the most striking features in the study of epidemics is the difficulty of finding a causal factor which appears to be adequate to account for the magnitude of the frequent epidemics of disease which visit almost every population. It was with a view to obtaining more insight regarding the effects of the various factors which govern the spread of contagious epidemics that the present



2

Modelo SIR de Kermack–McKendrick

Supuestos, ecuaciones y limitaciones

Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Objetivo: predecir el número de personas susceptibles a la infección, que están activamente infectadas o se han recuperado de la infección en cualquier momento.

Compartimentos:

- S** → Población susceptible: individuos sin inmunidad al agente infeccioso
- I** → Población infectada: individuos infectados que pueden transmitir la infección a individuos susceptibles tras el contacto.
- R** → Población recuperada: individuos inmunes a la infección, que no transmiten por contacto



Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

- N individuos

Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

- N individuos
- 3 estados (S, I, R)

Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

- N individuos
- 3 estados (S, I, R)
- Transición:



Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

- N individuos
- 3 estados (S, I, R)
- Transición:



- $S(t) + I(t) + R(t) = N$

Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

- N individuos
- 3 estados (S, I, R)
- Transición:



- $S(t) + I(t) + R(t) = N$
- No hay nacimientos o muertes (SIR sin dinámica vital)

Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

- N individuos
- 3 estados (S, I, R)
- Transición:



- $S(t) + I(t) + R(t) = N$
- No hay nacimientos o muertes (SIR sin dinámica vital)
- La población es grande y homogéneamente mezclada

Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

- N individuos
- 3 estados (S, I, R)
- Transición:



- $S(t) + I(t) + R(t) = N$
- No hay nacimientos o muertes (SIR sin dinámica vital)
- La población es grande y homogéneamente mezclada
- Tasa de recuperación constante

Hipótesis

Se considera una enfermedad infecciosa que se propaga en una población, con los siguientes supuestos:

- N individuos
- 3 estados (S, I, R)
- Transición:



- $S(t) + I(t) + R(t) = N$
- No hay nacimientos o muertes (SIR sin dinámica vital)
- La población es grande y homogéneamente mezclada
- Tasa de recuperación constante

Ejemplo:

- Pandemia de influenza
- SARS
- Ebola

Ecuaciones



El modelo SIR clásico está dado por las siguientes ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha \frac{SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Condiciones iniciales:

$$S(0) = S_{in}$$

$$I(0) = I_{in}$$

$$R(0) = R_{in}$$

Parámetros:

$\alpha > 0$: Tasa de transmisión

$\gamma > 0$: Tasa de recuperación

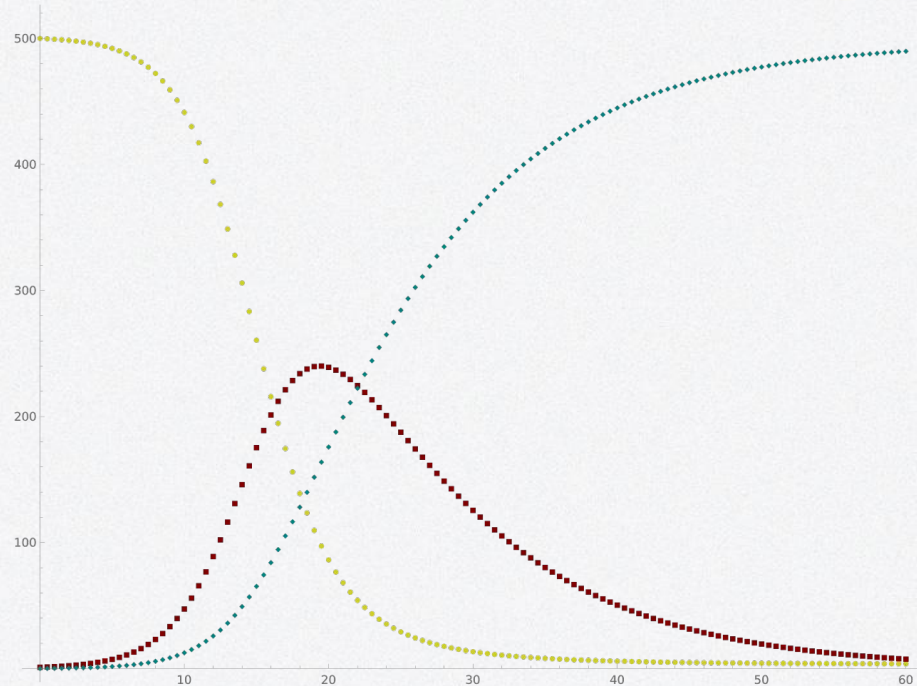
Ecuaciones

Cualitativamente, las curvas $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$, deberían verse de la siguiente manera:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha \frac{SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$



Ecuaciones

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha \frac{SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Aspecto importante:

$$\frac{dI}{dt} = \left(\alpha \frac{S}{N} - \gamma \right) I = \gamma \left(\frac{\alpha S}{\gamma N} - 1 \right) I$$

Ecuaciones

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha \frac{SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Aspecto importante:

$$\frac{dI}{dt} = \left(\alpha \frac{S}{N} - \gamma \right) I = \gamma \left(\frac{\alpha S}{\gamma N} - 1 \right) I$$

$$R_0 = \frac{\alpha}{\gamma}$$

Basic reproduction
ratio

Simulación

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha \frac{SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

$$N = 1000, \alpha = 2.18, \gamma = 0.5$$

$$S(0) = 999, I(0) = 1, R(0) = 0$$

Resultados

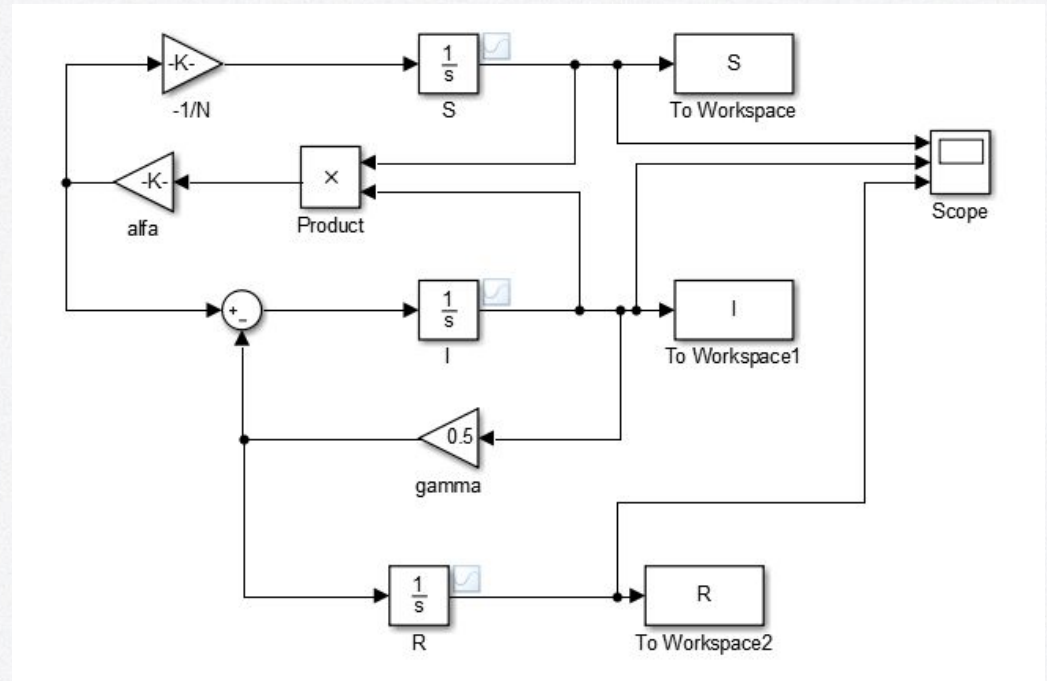
$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha \frac{SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

$$N = 1000, \alpha = 2.18, \gamma = 0.5$$

$$S(0) = 999, I(0) = 1, R(0) = 0$$





3

Variaciones del modelo SIR básico

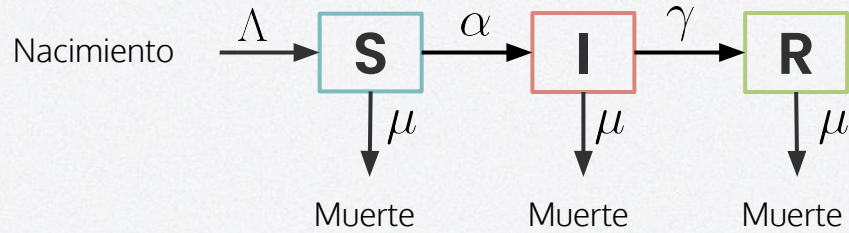
Con dinámica poblacional, SIS, SEIR, SEQIJR

Modelo SIR (con dinámica vital y población constante)

Es necesario incluir la demografía humana para las enfermedades en las que el marco temporal de la dinámica de la enfermedad es comparable al de la demografía humana

- Tasa de inmigración constante
- Tasas constantes de natalidad y mortalidad per cápita
- Tasa de mortalidad dependiente de la densidad
- Tasa de mortalidad inducida por enfermedades.

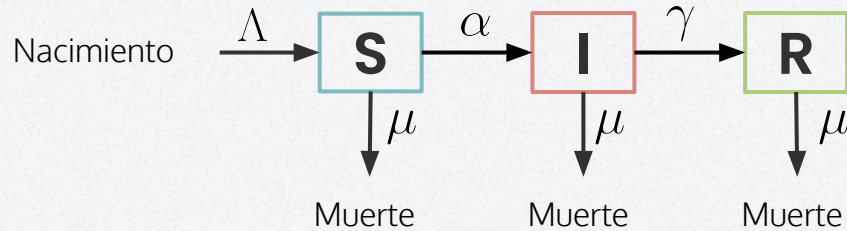
Ecuaciones



Λ : Tasa de natalidad

μ : Tasa de mortalidad

Ecuaciones



$$\frac{dS}{dt} = \Lambda - \mu S - \frac{\alpha IS}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\alpha IS}{N} - \gamma I - \mu I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

Λ : Tasa de natalidad

μ : Tasa de mortalidad

Modelo SIS

Algunas infecciones no confieren inmunidad duradera al recuperarse de la infección y los individuos vuelven a ser susceptibles.

Modelo SIS

Algunas infecciones no confieren inmunidad duradera al recuperarse de la infección y los individuos vuelven a ser susceptibles.

Se parte de una población con las siguientes características:

Modelo SIS

Algunas infecciones no confieren inmunidad duradera al recuperarse de la infección y los individuos vuelven a ser susceptibles.

Se parte de una población con las siguientes características:

- N individuos

Modelo SIS

Algunas infecciones no confieren inmunidad duradera al recuperarse de la infección y los individuos vuelven a ser susceptibles.

Se parte de una población con las siguientes características:

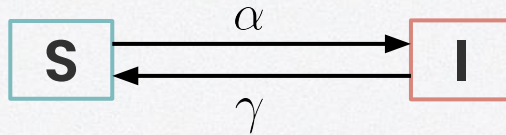
- N individuos
- 2 estados (S, I)

Modelo SIS

Algunas infecciones no confieren inmunidad duradera al recuperarse de la infección y los individuos vuelven a ser susceptibles.

Se parte de una población con las siguientes características:

- N individuos
- 2 estados (S, I)
- Transición:

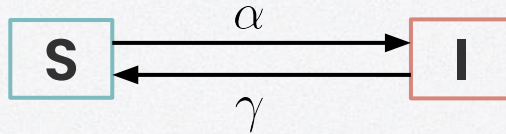


Modelo SIS

Algunas infecciones no confieren inmunidad duradera al recuperarse de la infección y los individuos vuelven a ser susceptibles.

Se parte de una población con las siguientes características:

- N individuos
- 2 estados (S, I)
- Transición:



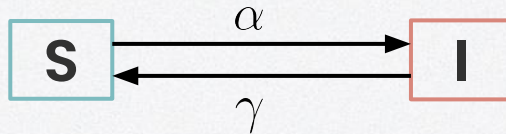
- La población es grande y homogéneamente mezclada

Modelo SIS

Algunas infecciones no confieren inmunidad duradera al recuperarse de la infección y los individuos vuelven a ser susceptibles.

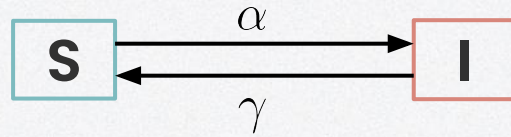
Se parte de una población con las siguientes características:

- N individuos
- 2 estados (S, I)
- Transición:



- La población es grande y homogéneamente mezclada
- Tasa de recuperación constante

Ecuaciones



$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\alpha SI}{N} + \gamma I$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \gamma I$$

Condiciones iniciales:

$$S(0) = S_{in}$$

$$I(0) = I_{in}$$

Parámetros:

$\alpha > 0$: Tasa de transmisión

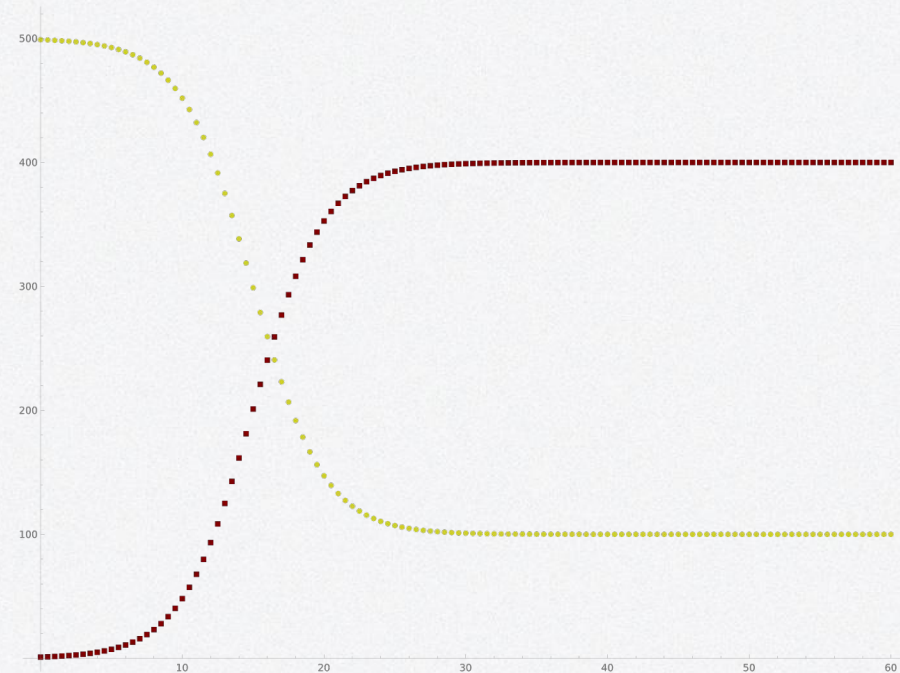
$\gamma > 0$: Tasa de recuperación

Ecuaciones

Cualitativamente, las curvas $S(t)$ e $I(t)$, deberían verse de la siguiente manera:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\alpha SI}{N} + \gamma I$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \gamma I$$



Simulación

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\alpha SI}{N} + \gamma I$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \gamma I$$

$$N = 1000, \alpha = 2.18, \gamma = 0.5$$

$$S(0) = 999, I(0) = 1$$



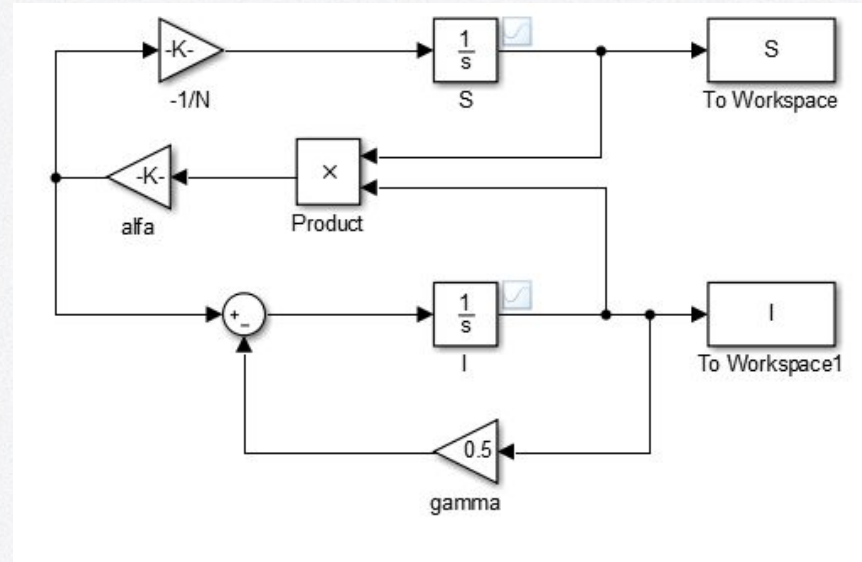
Resultados

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\alpha SI}{N} + \gamma I$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \gamma I$$

$$N = 1000, \alpha = 2.18, \gamma = 0.5$$

$$S(0) = 999, I(0) = 1$$

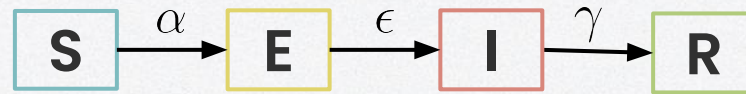


Modelo SEIR

Para muchas infecciones, hay un período de incubación significativo durante el cual las personas han sido infectadas pero aún no son infecciosas. Durante este período, el individuo está en el compartimento E (expuesto o latente).

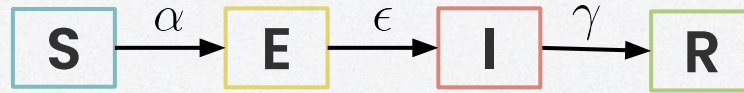
Modelo SEIR

Para muchas infecciones, hay un período de incubación significativo durante el cual las personas han sido infectadas pero aún no son infecciosas. Durante este período, el individuo está en el compartimento E (expuesto o latente).



Modelo SEIR

Para muchas infecciones, hay un período de incubación significativo durante el cual las personas han sido infectadas pero aún no son infecciosas. Durante este período, el individuo está en el compartimento E (expuesto o latente).



$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{SI}{N}$$

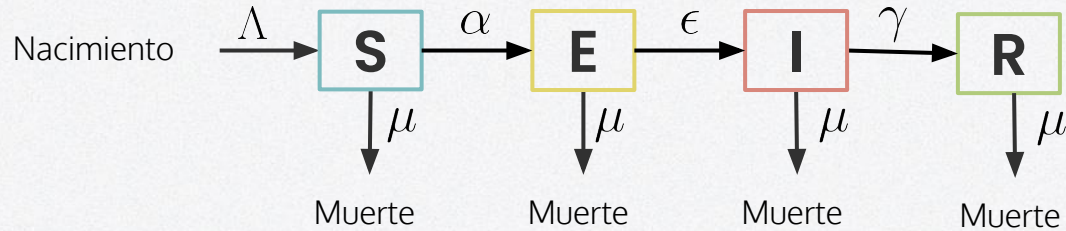
$$\frac{dE}{dt} = \frac{\alpha SI}{N} - \epsilon E$$

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

ϵ : Tasa per cápita de progresión al estado infeccioso

Ecuaciones modelo SEIR (con dinámica vital y población constante)



$$\frac{dS}{dt} = \Lambda - \mu S - \frac{\alpha IS}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\alpha IS}{N} - (\mu + \epsilon)E$$

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - (\gamma + \mu)I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

Λ : Tasa de natalidad

μ : Tasa de mortalidad

ϵ : Tasa per cápita de progresión al estado infeccioso

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo expuesto puede infectar en un grado reducido por un factor κ_E , con $0 < \kappa_E < 1$.

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo expuesto puede infectar en un grado reducido por un factor κ_E , con $0 < \kappa_E < 1$.
- Los expuestos no aislados se vuelven infectados a un paso \mathcal{E}_E .

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo expuesto puede infectar en un grado reducido por un factor κ_E , con $0 < \kappa_E < 1$.
- Los expuestos no aislados se vuelven infectados a un paso \mathcal{E}_E .
- Se introduce una clase **Q** de cuarentenados y una clase **J** de aislados (hospitalizados).

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo expuesto puede infectar en un grado reducido por un factor κ_E , con $0 < \kappa_E < 1$.
- Los expuestos no aislados se vuelven infectados a un paso \mathcal{E}_E .
- Se introduce una clase **Q** de cuarentenados y una clase **J** de aislados (hospitalizados).
- El grupo de expuestos es cuarentenado a un paso β_Q por unidad de tiempo.

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo expuesto puede infectar en un grado reducido por un factor κ_E , con $0 < \kappa_E < 1$.
- Los expuestos no aislados se vuelven infectados a un paso \mathcal{E}_E .
- Se introduce una clase **Q** de cuarentenados y una clase **J** de aislados (hospitalizados).
- El grupo de expuestos es cuarentenado a un paso β_Q por unidad de tiempo. La cuarentena no es perfecta, pero reduce los contactos por un factor κ_Q .

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo expuesto puede infectar en un grado reducido por un factor κ_E , con $0 < \kappa_E < 1$.
- Los expuestos no aislados se vuelven infectados a un paso ε_E .
- Se introduce una clase **Q** de cuarentenados y una clase **J** de aislados (hospitalizados).
- El grupo de expuestos es cuarentenado a un paso β_Q por unidad de tiempo. La cuarentena no es perfecta, pero reduce los contactos por un factor κ_Q .
- Los infectados son diagnosticados a un paso proporcional β_I y aislados.

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo expuesto puede infectar en un grado reducido por un factor κ_E , con $0 < \kappa_E < 1$.
- Los expuestos no aislados se vuelven infectados a un paso \mathcal{E}_E .
- Se introduce una clase **Q** de cuarentenados y una clase **J** de aislados (hospitalizados).
- El grupo de expuestos es cuarentenado a un paso β_Q por unidad de tiempo. La cuarentena no es perfecta, pero reduce los contactos por un factor κ_Q .
- Los infectados son diagnosticados a un paso proporcional β_I y aislados. El aislamiento no es perfecto y puede ocurrir la transmisión de la enfermedad, con un factor de infección κ_I .

Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo cuarentenado es monitoreado y se descubren infectados a un paso ϵ_Q . Se los aísla inmediatamente.

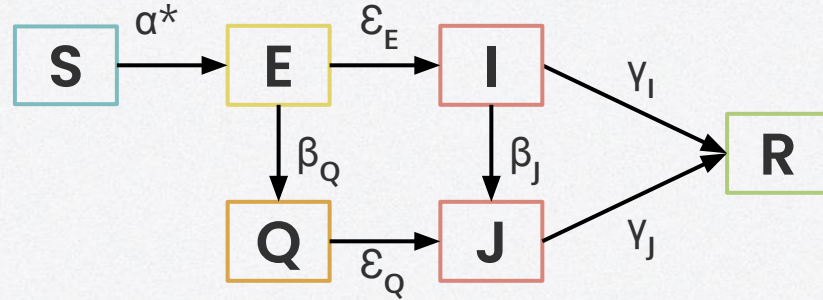
Modelo SEQIJR

Ante brotes de nuevas infecciones, cuando no existen vacunas disponibles, el aislamiento de personas infectadas y la puesta en cuarentena de aquellos en sospecha de ser infectados (usualmente contactos) son los únicos métodos de control disponibles.

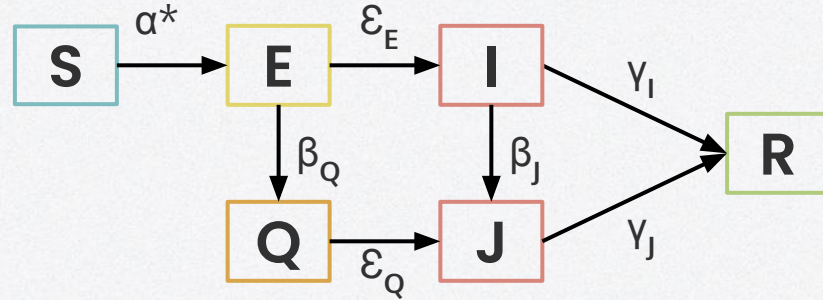
Fue originalmente formulado ante la epidemia de SARS en 2002-2003. Las medidas de control siguen los siguientes supuestos:

- El grupo cuarentenado es monitoreado y se descubren infectados a un paso ϵ_Q . Se los aísla inmediatamente.
- Los infectados dejan el grupo a un paso γ_I y los aislados a un paso γ_J .

Ecuaciones del modelo SEQIJR



Ecuaciones del modelo SEQIJR



$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \frac{S}{N} (\kappa_E E + \kappa_E \kappa_Q Q + I + \kappa_J J)$$

$$\frac{dE}{dt} = \alpha \frac{S}{N} (\kappa_E E + \kappa_E \kappa_Q Q + I + \kappa_J J) - (\beta_Q + \epsilon_E) E$$

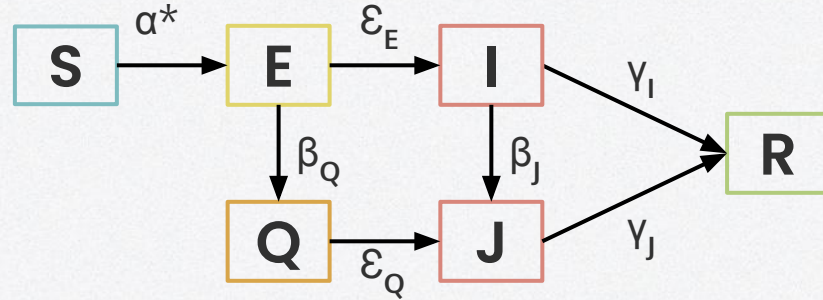
$$\frac{dI}{dt} = \epsilon_E E - (\beta_J + \gamma_I) I$$

$$\frac{dQ}{dt} = \beta_Q E - \epsilon_Q Q$$

$$\frac{dJ}{dt} = \beta_J I + \epsilon_Q Q - \gamma_J J$$

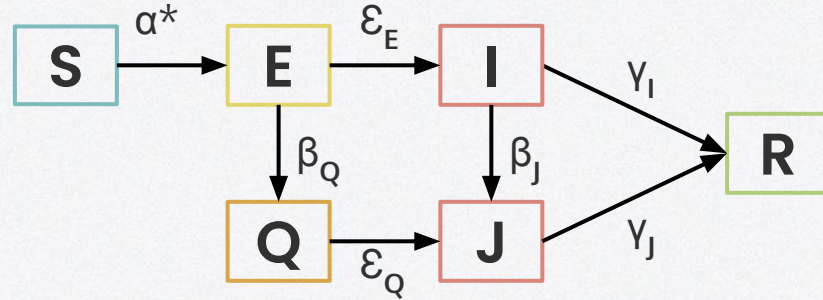
$$\frac{dR}{dt} = \gamma_I I + \gamma_J J$$

Ecuaciones del modelo SEQIJR



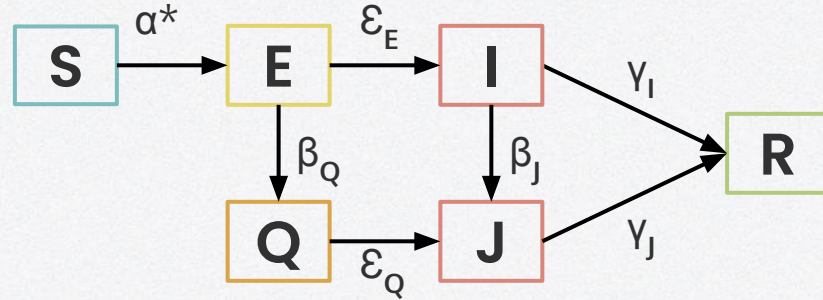
- Los parámetros β_I y β_J son parámetros de control: sus valores se definen en un intento de controlar la epidemia.

Ecuaciones del modelo SEQIJR



- Los parámetros β_I y β_J son parámetros de control: sus valores se definen en un intento de controlar la epidemia.
- Los parámetros κ_Q y κ_J dependen del grado de cumplimiento de las medidas de restricción, por lo que se pueden considerar parámetros de control.

Ecuaciones del modelo SEQIJR



- Los parámetros β_I y β_J son parámetros de control: sus valores se definen en un intento de controlar la epidemia.
- Los parámetros κ_Q y κ_J dependen del grado de cumplimiento de las medidas de restricción, por lo que se pueden considerar parámetros de control.
- Los otros parámetros del modelo son específicos de la enfermedad bajo estudio.



4

Tarea


Entregas pasadas y futuras

Quedan pendientes las tareas:

- Modelo de Biogeografía
- Modelo de Presa-Predador (clásico y con limitación de herbívoros)
- Modelo SIR y variantes (INFORME)

 **Sábado 03/09 - 23:59hs**

 **Sábado 10/09 - 23:59hs**

 **Sábado 24/09 - 23:59hs**

Quedan pendientes las tareas:

- Modelo de Biogeografía
- Modelo de Presa-Predador (clásico y con limitación de herbívoros)
- Modelo SIR y variantes



Sábado 03/09 - 23:59hs



Sábado 10/09 - 23:59hs



Sábado 24/09 - 23:59hs

Quedan pendientes las tareas:



Modelos SIR y variantes

- Plantear los modelos SIR y sus variantes propuestas en el curso
- Llegar a las ecuaciones, discutir los modelos y sus parámetros
- Simular su comportamiento mediante simulink
- Relevar en la literatura el uso de este tipo de modelos en la pandemia COVID19, si son aplicables, y qué aspectos hay que tener en cuenta al momento de aplicarlos en Uruguay

Covid19: Modelos, datos y estadísticas.

¿Qué nos pueden decir los datos (y qué no nos pueden decir)?



https://www.youtube.com/watch?v=nKqVY5lcPVU&feature=youtu.be&ab_channel=MarceloFiori



Bibliografía

- [1] Brauer, F., Castillo-Chavez, C., & Feng, Z. (2019). *Mathematical models in epidemiology*. Springer New York. ISO 690
- [2] Brauer, F., Castillo-Chavez, C., & Castillo-Chavez, C. (2012). *Mathematical models in population biology and epidemiology* (Vol. 2, p. 508). New York: Springer.
- [3] Hethcote, H. W. (1989). *Three basic epidemiological models*. In *Applied mathematical ecology* (pp. 119-144). Springer, Berlin, Heidelberg.
- [4] Hirsch, M. W., Smale, S., & Devaney, R. L. (2012). *Differential equations, dynamical systems, and an introduction to chaos*. Academic press.
- [5] Chaturvedi, D. K. (2017). *Modeling and simulation of systems using MATLAB and Simulink*. CRC press
- [6] Herman, R. (2016). *Solving Differential Equations Using SIMULINK*. Published by RL Herman, 259-268.



¡Gracias!

¿Preguntas?

Lucía Lemes

✉ llemes@cup.edu.uy



CREDITS: This presentation template was created by **Slidesgo**, including icons by **Flaticon**, and infographics & images by **Freepik**