

Reto 3: Modelos Epidemiológicos y Modelo Depredador-Presa

María Camila Aguirre Collante, Estefanía Bermúdez Arroyo,
Jessica Tatiana Naizaque Guevara, Angie Tatiana Peña Peña

Resumen – Se implementan los conceptos relacionados al modelo depredador-presa y los modelos epidemiológicos que implementan ecuaciones diferenciales para describir el comportamiento de estas. Para poder realizar esta implementación, se hizo uso del lenguaje de programación R en RStudio. El propósito de este reto es poder graficar, mediante el uso de los métodos numéricos de ecuaciones diferenciales, el comportamiento de los modelos anteriormente mencionados e identificar y analizar el error que la implementación pueda llegar a tener.

Palabras Clave – Modelo SI, Modelo SIR, Modelo depredador-presa, Ecuaciones Diferenciales, Error

1 Introducción

En el presente informe se evidenciará el desarrollo del modelo depredador-presa y los modelos epidemiológicos, SI y SIR, mediante los métodos numéricos Euler y RK4 (Runge-Kutta), los cuales permiten mejorar la aplicación y solución del problema en cuestión. Lo anterior, se llevó a cabo utilizando tanto la herramienta RStudio y sus librerías como el lenguaje de programación R. A lo largo del mismo, se encontrarán distintos análisis y explicaciones concretas y necesarias para el correcto entendimiento del problema. Para realizar el análisis de los modelos epidemiológicos, se hizo uso de los datos que se pueden observar en la Figura 1, relacionados con el virus COVID-19. Para el modelo depredador-presa se hizo uso de la relación lince-conejos que se puede observar en la Figura 2. Por lo tanto, durante el documento se presentarán así mismo los resultados obtenidos y el error de la solución planteada.

Parámetros del modelo	Valores
Duración media de la enfermedad (días)	14
Tasa diaria de interacción	1,5
Probabilidad de contagio (%)	18,5
Tasa de recuperación (%)	2,2
Mortalidad (%)	1,32
Población total contagiada	34 709
Población total recuperada	197
Población total fallecida	118
Población no afectada	48 223 786

Figura 1 – Datos del Virus COVID-19.

Año	Conejos	Linces	Año	Conejos	Linces
1900	30	4	1911	40.3	8
1901	47.2	6.1	1912	57	12.3
1902	70.2	9.8	1913	76.6	19.5
1903	77.4	35.2	1914	52.3	45.7
1904	36.3	59.4	1915	19.5	51.1
1905	20.6	41.7	1916	11.2	29.7
1906	18.1	19	1917	7.6	15.8
1907	21.4	13	1918	14.6	9.7
1908	22	8.3	1920	16.2	10.1
1909	25.4	9.1	1921	24.7	8.6
1910	27.1	7.4	1922	-	-

Figura 2 – Datos Relación Lince-Conejos.

2 Marco Teórico

2.1 Modelo SI

El modelo Susceptible - Infectado (SI), asume que en una comunidad con N individuos, la cantidad de individuos en estado susceptible $S(t)$ entra en contacto directo con la cantidad de individuos en estado infectado $I(t)$, quienes pueden contagiar o cambiar a estado infeccioso con una velocidad de infección a los individuos en estado susceptible. El número total de individuos N será igual a la suma del número de individuos en estado susceptible $S(t)$, más el número de individuos en estado infectado $I(t)$. En la ecuación (1) se describe la dinámica del número de individuos susceptibles, en la ecuación (2) el número de individuos infectados y en la ecuación (3) el número total de individuos.[1]

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{dI(t)}{dt} \quad (2.1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) \quad (2.2)$$

$$n = S(t) + I(t) \quad (2.3)$$

En la tabla 1 se presenta la descripción de variables:

Tabla 1 – Descripción de Variables

<i>Unidades</i>	<i>Variable</i>	<i>Descripción</i>
$S(t)$	Número de individuos susceptibles en el tiempo t	Individuos
$I(t)$	Número de individuos infectados en el tiempo t	Individuos
β	Velocidad de infección del proceso epidémico	Individuos/segundo
N	Número total de población	Individuos

2.2 Modelo SIR

El modelo básico SIR define en sus siglas “Susceptibles - Infectados - Recuperados” y fue propuesto por Kermack y McKendrick. Este se representa mediante compartimentos en los cuales la población estudiada se divide en clases epidemiológicas y presentan un flujo entre ellas. Esto se puede evidenciar en la Figura 3.

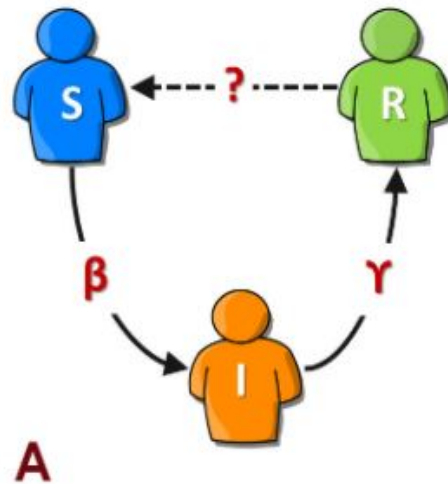


Figura 3 – Modelo SIR.

En el modelo SIR el compartimento “Infectados” tiene como función medir la prevalencia, esto hace referencia al número de casos de una enfermedad dada en la población en un tiempo específico. Esta parte tiene como notación $I(t)$.

El modelo SIR toma a la población total como variable N y asume que esta es constante en el tiempo, la ecuación que permite representar lo anterior es:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (2.4)$$

Donde,

$S(t)$ son los susceptibles

$I(t)$ son los infectados

$R(t)$ son los recuperados

Se conoce que la transmisión en una epidemia normalmente se produce por contacto directo. Si un infectado hace contacto con βN individuos por unidad de tiempo, está propagando el virus. La probabilidad de contacto entre un infectado y un susceptible se puede encontrar aplicando $\frac{S}{N}$. Luego, el número de nuevas infecciones por unidad de tiempo es:

$$(\beta N) * \left(\frac{S}{N}\right) * I = \beta SI \quad (2.5)$$

La ecuación 5 quiere decir que un infectado transmite la enfermedad con una tasa de contagio β . Adicionalmente, se tiene una fracción de infectados por unidad de tiempo que deja de ser infectado para convertirse en recuperado con inmunidad permanente. Lo anterior, permite obtener el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales:

$$\frac{d}{dt}S(t) = -\beta S(t)I(t) \quad (2.6)$$

$$\frac{d}{dt}I(t) = \beta S(t)I(t) - \nu I(t) \quad (2.7)$$

$$\frac{d}{dt}R(t) = vI(t) \quad (2.8)$$

Cuando una cantidad inicial (mayor a cero infecciosos) entra a la población en el tiempo inicial, el modelo comienza a funcionar llegando o no a un brote epidémico. El símbolo $\frac{d}{dt}$ hace referencia a la derivada, la cual se puede interpretar como los cambios que se presentan por unidad de tiempo en cada compartimento. No obstante, $\frac{d}{dt} I(t)$ representa la incidencia que se define como el número de casos nuevos de la enfermedad por unidad de tiempo.

Realizando un análisis a las ecuaciones 6, 7 y 8, se puede decir que la cantidad de susceptibles $S(t)$, siempre decrece. Lo anterior se debe a que su cantidad inicial disminuye, mientras que los infectados aumentan. Así mismo, la cantidad de recuperados $R(t)$, siempre crece. Con el fin de conocer si la cifra de infecciosos crecerá o, por el contrario, decrecerá extinguiéndose, se debe analizar el número reproductivo básico, con notación R_0 . El cual tiene como ecuación:

$$R_0 = \frac{\beta}{v}N \quad (2.9)$$

En la ecuación 9, R_0 hace referencia al número promedio de infecciones producidas por un individuo en una población llena de susceptibles. En caso de que este número sea menor que uno, no hay brote epidémico, porque la incidencia es negativa. En cambio, si $R_0 > 1$ significa que se trata de un brote epidémico que crecerá exponencialmente. [2]

2.3 Modelo depredador-presa

En este modelo se describe el comportamiento de las poblaciones de presa y depredador, mediante las ecuaciones de Lotka-Volterra, teniendo en cuenta las siguientes hipótesis:

- El ecosistema, donde se encuentran las especies, está aislado. Es decir, no hay más especies, no hay plagas, no hay migración.
- Por un lado, las presas crecen de manera exponencial cuando no hay depredadores y solo pueden morir al ser cazadas. Por otro lado, cuando no hay presas, los depredadores decrecen de manera exponencial.

Este modelo se define como un sistema de dos ecuaciones diferenciales de primer orden no lineales:

$$\frac{dx}{dt} = \alpha x - \beta xy \quad (2.10)$$

$$\frac{dy}{dt} = -\gamma y + \delta yx \quad (2.11)$$

Donde,

x : Número de presas.

y : Número de depredadores.

α : Tasa de crecimiento de las presas, en ausencia de depredadores.

β : Éxito en la caza del depredador.

γ : Tasa de decrecimiento de los depredadores, debido a la presencia de presas.

δ : Tasa de mortalidad de los depredadores, en ausencia de presas. [3]

2.4 Librerías Usadas

2.4.1 deSolve

Este paquete de RStudio se enfoca en el tratamiento numérico de sistemas de ecuaciones diferenciales. También, contiene funciones que resuelven problemas de valor inicial en un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden (ODE), parciales (PDE), de retardo (DDE) y de ecuaciones algebraicas diferenciales (DAE). [4] En el código fuente realizado se utiliza para implementar los modelos depredador - presa, SI y SIR. El grupo hace uso de la función “ODE” que es la rutina de integración default, la cual recibe como parámetros el vector estático (y), la cantidad de veces que la salida es requerida ($times$), la función modelo que retorna la velocidad de cambio ($func$) y el vector ($parms$). La función “ODE” retorna un objeto con una matriz que contiene los valores de las variables estáticas, es decir, las columnas y la cantidad requerida de salidas. [5]

2.4.2 phaseR

El paquete phaseR que pertenece a RStudio, hace un análisis cualitativo de sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias tanto unidimensionales como bidimensionales. En la parte unidimensional, existen funciones que trazan la fase retrato. De la misma forma, en la parte bidimensional, las funciones permiten trazar líneas nulas y variedades tanto inestables como estables de puntos silla. [6] En el código fuente realizado se utiliza la presente librería para utilizar las funciones:

- flowField: Esta cumple el objetivo de trazar el campo de flujo o velocidad para un sistema ODE autónomo ya sea de una o de dos dimensiones. [7]
- nullclines: Esta cumple el fin de trazar líneas nulas para sistemas ODE autónomos que son bidimensionales. Además, esta puede ser utilizada para trazar líneas horizontales en puntos de equilibrio para sistemas ODE autónomos que son unidimensionales. [8]

2.4.3 epiDynamics

Este paquete perteneciente a RStudio se basa en los modelos matemáticos de enfermedades infecciosas en humanos y animales. Las funciones que hacen parte del paquete, se relacionan con modelos como los deterministas y los estocásticos, estos pueden ser simulados y trazados. [9] En el código fuente realizado se utiliza para implementar los modelos SI y SIR. En estos el grupo hace uso de las funciones “loadNamespace” y “SIR”.

3 Análisis y Desarrollo

Para cada uno de los modelos se implementa un código en el lenguaje R que permite visualizar y desarrollar la lógica de cada método con sus respectivos errores. Adicionalmente, los métodos SI y SIR se desarrollan bajo dos métodos numéricos que son euler y Runge-kutta conocido como RK4. El método depredador-presa es desarrollado bajo el modelo de Lotka-Volterra, el cual, permite conocer la interacción presa-depredador.

3.1 Modelo SI

Para el modelo SI se debe tener en cuenta la población susceptible y la población infectada, por lo tanto, se tienen en cuenta los valores de la Figura 1 respecto a los datos tomados para la evaluación de los modelos. Se tiene que la población susceptible es la suma de la población no contagiada más la población recuperada, y en el caso de los infectados, se toma la población total contagiada. Finalmente, para conocer el valor total de la población se hace uso de la función 3 del modelo que nos indica que la población total es la suma de los infectados más los susceptibles.

Por consiguiente, se implementa el modelo haciendo uso de la herramienta deSolve, y comparándolas con los valores teóricos dados por EpiDynamics. La comparación de estos errores le permite al equipo evidenciar el error del modelo.

3.1.1 Método de Euler

Para la implementación del modelo por medio del método de euler se puede evidenciar que el error es considerablemente alto, esto se puede deducir por el valor numérico de los datos iniciales.

3.1.2 Método RK4 (Runge-Kutta)

Para la implementación del modelo por medio del método de RK4 se puede evidenciar que el error es considerablemente alto respecto a la implementación realizada por medio del método numérico de euler, esto se puede considerar por el valor numérico de los datos iniciales.

3.2 Modelo SIR

Para el modelo SIR se debe tener en cuenta la población susceptible, la población infectada y la población recuperada. Por lo tanto, teniendo en cuenta los valores de la Figura 1 respecto a los datos tomados para la evaluación de los modelos, se toma la población susceptible como la población no contagiada, la población recuperada como la población total recuperada y en el caso de los infectados se toma la población total contagiada. Finalmente, para conocer el valor total de la población se suma la población infectada más la población susceptible y la población recuperada.

Por consiguiente, se implementa el modelo haciendo uso de la herramienta deSolve, y comparándolas con los valores teóricos dados por EpiDynamics, la comparación de estos errores le permite al equipo evidenciar el error del modelo.

3.2.1 Método de Euler

Para la implementación del modelo por medio del método de euler se puede evidenciar que el error es considerablemente alto, esto se puede evidenciar por el valor numérico de los datos iniciales.

3.2.2 Método RK4 (Runge-Kutta)

Para la implementación del modelo por medio del método de RK4 se puede evidenciar que el error es considerablemente alto respecto a la implementación realizado por medio del método numérico de euler, esto se puede observar por el valor numérico de los datos iniciales.

3.3 Modelo Depredador-Presa

Para el modelo depredador presa se hace uso del modelo Lotka-Volterra donde $x(t)$, $y(t)$ son las poblaciones de conejos (presas) y lince (depredadores) respectivamente. La razón de cambio de las presas $x(t)$ es proporcional en cada momento al número de ellas, menos la probabilidad de contacto entre los conejos y los lince $a_2x(t)y(t)$. Es decir:

$$\frac{dx(t)}{dt} = a_1x(t) - a_2x(t)y(t). \quad (3.1)$$

De manera similar, en ausencia de presas la población de lince disminuye a una tasa proporcional al número de ellos, $b_1y(t)$, y al incluir los conejos, su población aumenta proporcional a la posibilidad de contacto entre las presas y los depredadores $b_2x(t)y(t)$. Combinando estos factores:

$$\frac{dy(t)}{dt} = -b_1y(t) + b_2x(t)y(t). \quad (3.2)$$

Por lo tanto, haciendo uso de los valores de la Figura 2 respecto a los datos por año de la población de presas y depredadores, se toman como valores iniciales para las presas y los depredadores, los valores de 30 y 4, respectivamente. Con lo anterior, es posible conocer las variables de tasas de interacción, las cuales son:

$$\alpha = 0.4 \beta = 0.018 \delta = 0.023 \gamma = 0.8 \quad (3.3)$$

Obteniendo así, los resultados de la interacción entre presas y depredadores y su modelo fase donde se evidencia la trayectoria de la interacción con sus puntos críticos, lo que permite realizar un análisis de la población.

4 Resultados

4.1 Modelo SI

4.1.1 Método de Euler

En la Tabla 2, se puede observar el porcentaje de los susceptibles e infectados con respecto al tiempo en horas, teniendo en cuenta los datos de la Figura 1.

Tabla 2 – Porcentaje Susceptibles e Infectados

<i>Tiempo</i>	<i>PorcentajedeSusceptibles</i>	<i>PorcentajedeInfectados</i>
0	9.990000e+01	1.000000e-01
1	6.416537e+07	6.416547e+07
2	3.675778e+22	-3.675778e+22
3	1.206274e+52	-1.206274e+52
4	1.299090e+111	-1.299090e+111
5	1.506695e+229	-1.506695e+229

En la Figura 4, se puede ver la gráfica resultante del modelo SI al ejecutar el programa desarrollado con el método de Euler.

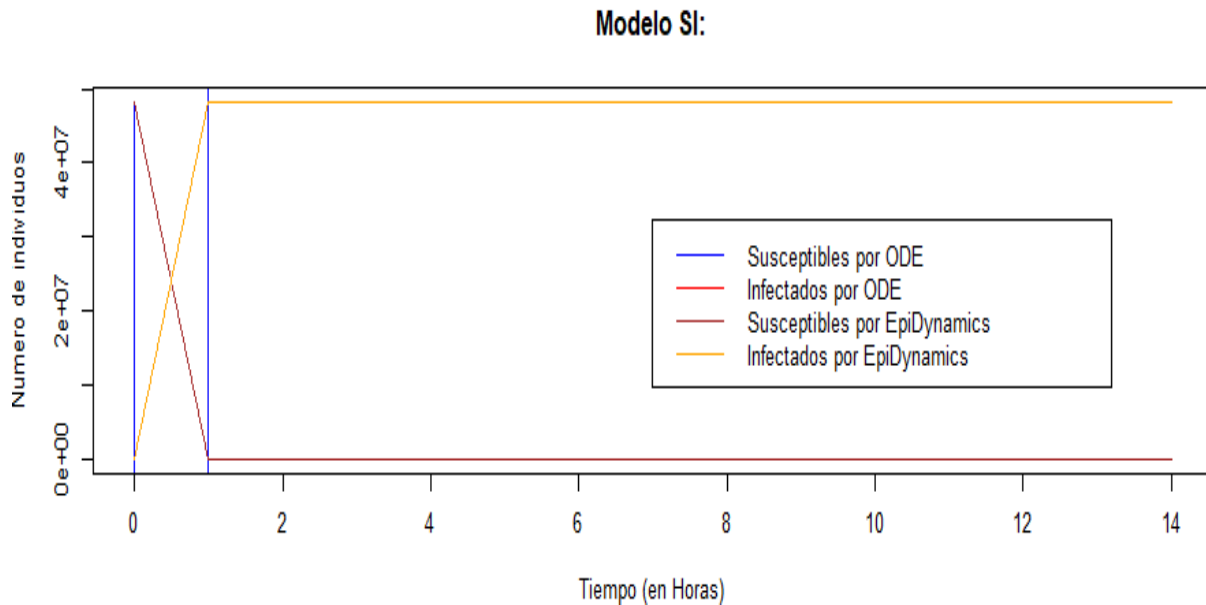


Figura 4 – Gráfica Resultante del Modelo SI con el Método de Euler.

4.1.2 Método RK4 (Runge-Kutta)

En la Tabla 3, se puede observar el porcentaje de los susceptibles e infectados con respecto al tiempo en horas, teniendo en cuenta los datos de la Figura 1.

Tabla 3 – Porcentaje Susceptibles e Infectados

<i>Tiempo</i>	<i>PorcentajedeSusceptibles</i>	<i>PorcentajedeInfectados</i>
0	9.990000e+01	1.000000e-01
1	5.285976e+106	-5.285976e+106

En la Figura 5, se puede ver la gráfica resultante del modelo SI al ejecutar el programa desarrollado con el método RK4.

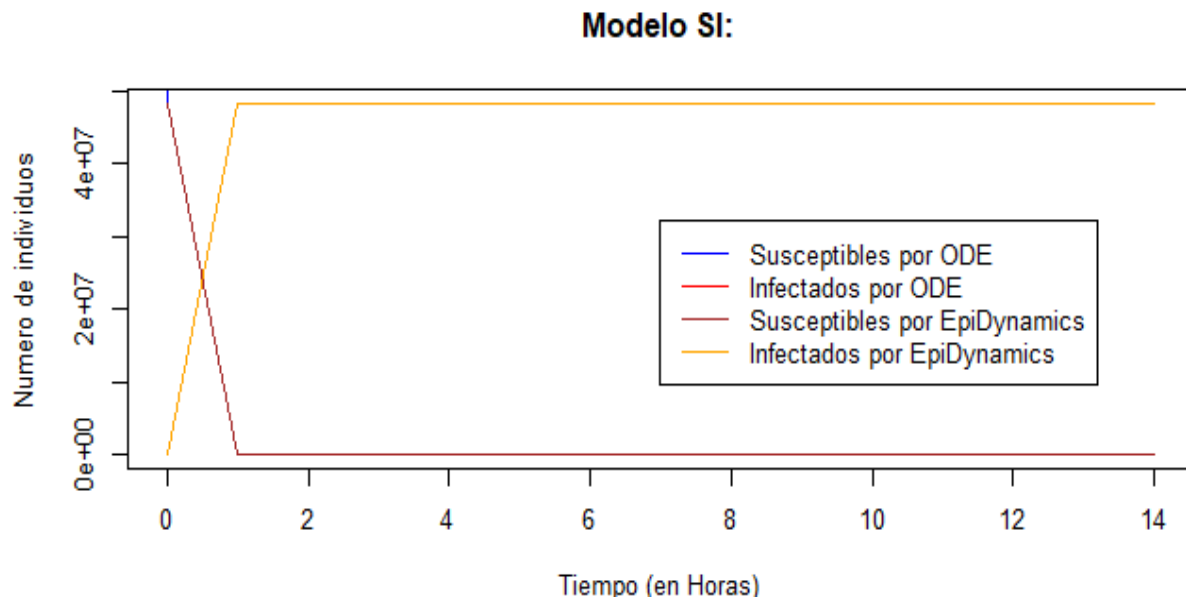


Figura 5 – Gráfica Resultante del Modelo SI con el Método RK4.

4.2 Modelo SIR

4.2.1 Método de Euler

En la Tabla 4, se puede observar el porcentaje de los susceptibles, infectados y recuperados con respecto al tiempo en horas, teniendo en cuenta los datos de la Figura 1.

Tabla 4 – Porcentaje Susceptibles, Infectados y Recuperados

<i>Tiempo</i>	<i>PorcentajedeSusceptibles</i>	<i>PorcentajedeInfectados</i>	<i>PorcentajedeRecuperados</i>
0	4.822379e+07	3.470900e+04	1.970000e+02
1	-3.096524e+13	3.096529e+13	5.226050e+04
2	1.773868e+28	-1.773868e+28	4.644793e+13
3	5.821225e+57	-5.821225e+57	-2.660802e+28
4	6.269032e+116	-6.269032e+116	-8.731837e+57
5	7.270640e+234	-7.270640e+234	-9.403547e+116
6	Inf	-Inf	-1.090596e+235
7	Inf	NaN	-Inf

En la Figura 6, se puede ver la gráfica resultante del modelo SIR al ejecutar el programa desarrollado con el método de euler.

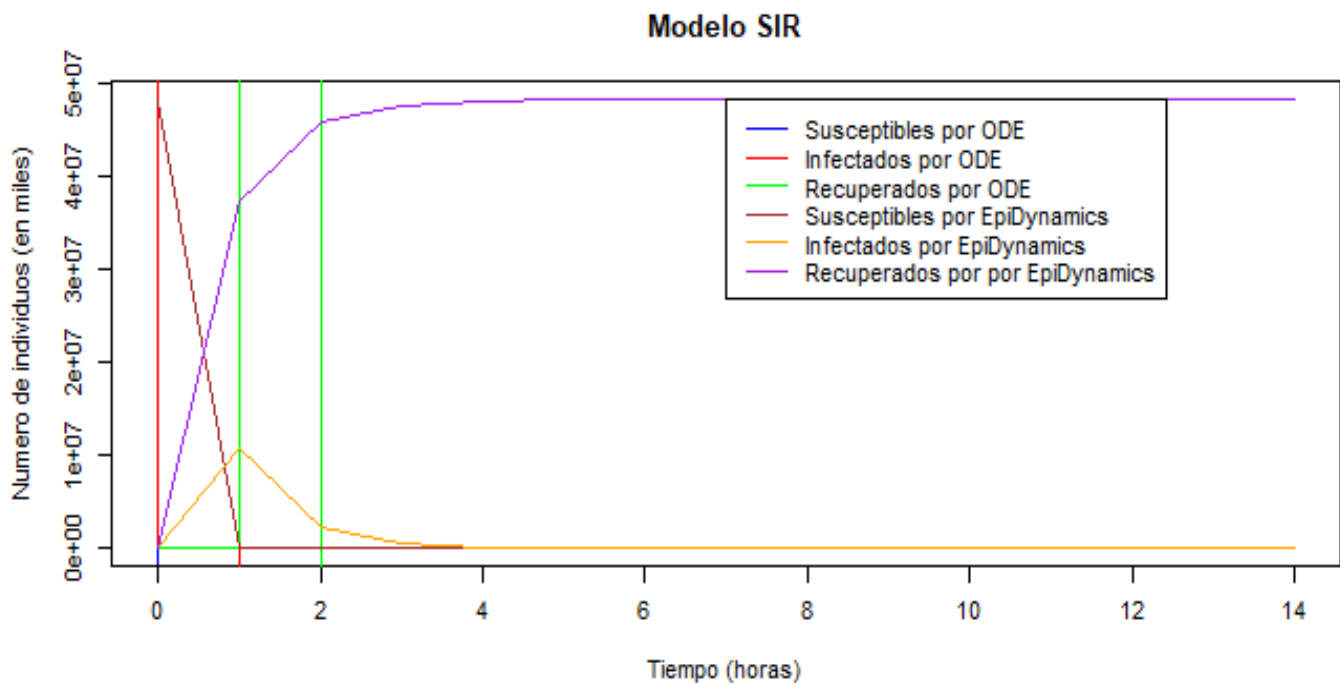


Figura 6 – Gráfica Resultante del Modelo SIR con el Método de Euler.

4.2.2 Método RK4 (Runge-Kutta)

En la Tabla 5, se puede observar el porcentaje de los susceptibles e infectados con respecto al tiempo en horas, teniendo en cuenta los datos de la Figura 1.

Tabla 5 – Porcentaje Susceptibles, Infectados y Recuperados

<i>Tiempo</i>	<i>PorcentajedeSusceptibles</i>	<i>PorcentajedeInfectados</i>	<i>PorcentajjedeRecuperados</i>
0	4.822379e+07	3.47090e+04	1.970000e+02
1	2.550860e+112	-2.55086e+112	-2.273909e+55
2	NaN	NaN	NaN

En la Figura 7, se puede ver la gráfica resultante del modelo SIR al ejecutar el programa desarrollado con el método RK4.

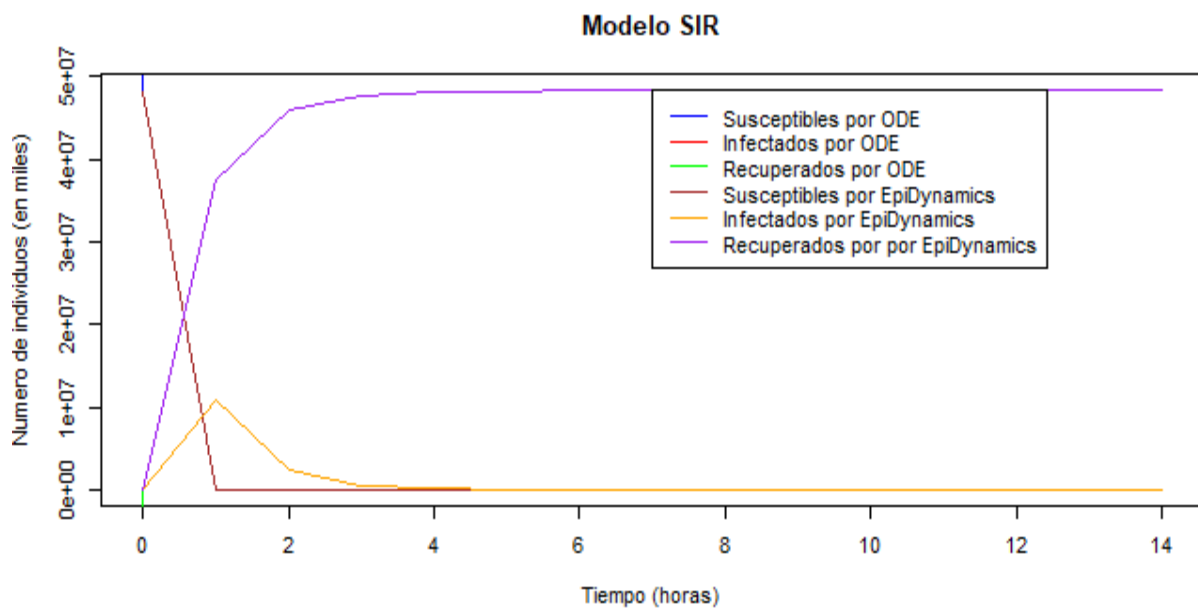


Figura 7 – Gráfica Resultante del Modelo SIR con el Método RK4.

4.3 Modelo Depredador-Presa

En la Figura 8, se puede observar el comportamiento de la población de conejos y linces con respecto al tiempo.

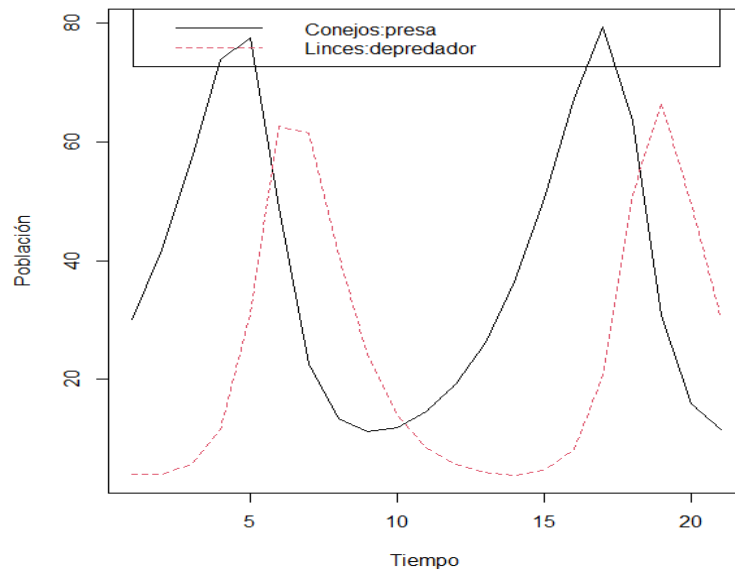


Figura 8 – Gráfica Resultante del Modelo Depredador-Presa.

En la Figura 9, se puede ver el gráfico del campo de direcciones de este modelo.

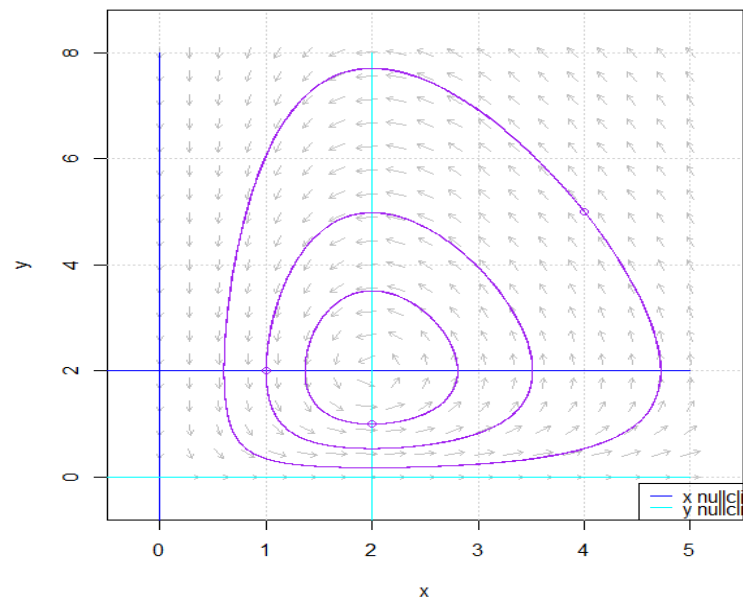


Figura 9 – Gráfica Resultante del Campo de Direcciones del Modelo Depredador-Presa.

5 Error

5.1 Modelo SI

5.1.1 Método de Euler

En la Tabla 6, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de susceptibles dado con el método de Euler.

Tabla 6 – Error Relativo para el Porcentaje Susceptibles

<i>Tiempo</i>	<i>Error Relativo</i>
0	0.000000e+00
1	2.583347e+88
2	1.316870e+108
3	5.050388e+145
4	5.567915e+209

En la Figura 10, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de susceptibles dado con el método de Euler.

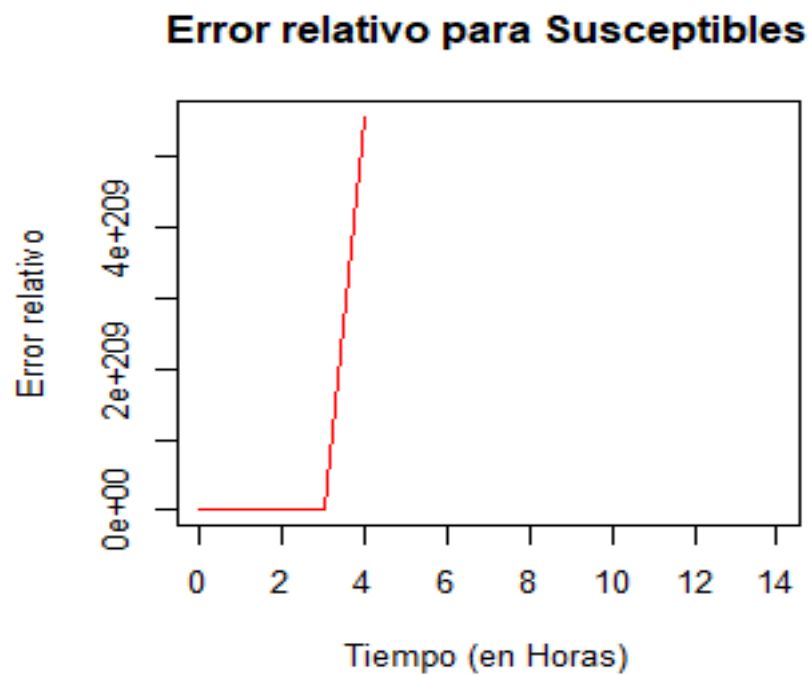


Figura 10 – Gráfica del Error Relativo para Susceptibles.

En la Tabla 7, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de infectados dado con el método de Euler.

Tabla 7 – Error Relativo para el Porcentaje Infectados

<i>Tiempo</i>	<i>ErrorRelativo</i>
0	0.000000e+00
1	6.416537e+05
2	3.675778e+20
3	1.206274e+50
4	1.299090e+109
5	1.506695e+227

En la Figura 11, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de infectados dado con el método de Euler.

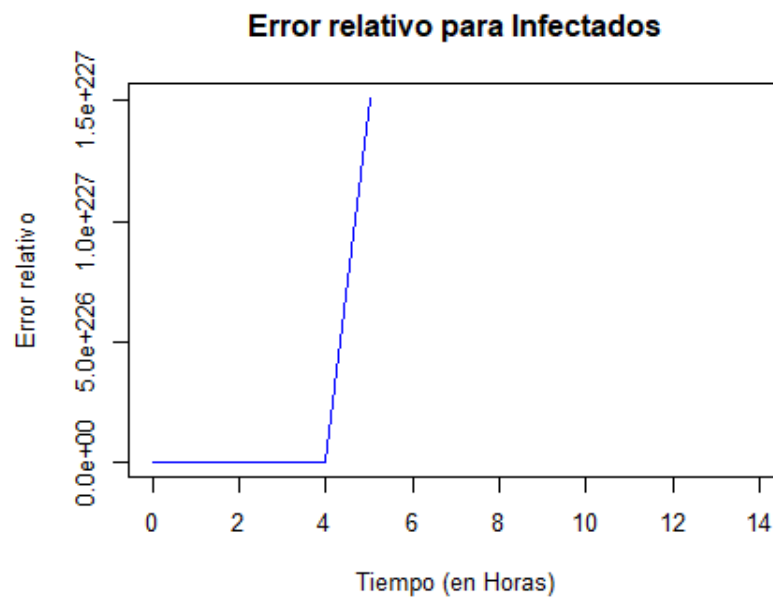


Figura 11 – Gráfica del Error Relativo para Infectados.

5.1.2 Método RK4 (Runge-Kutta)

En la Tabla 8, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de susceptibles dado con el método RK4.

Tabla 8 – Error Relativo para el Porcentaje Susceptibles

<i>Tiempo</i>	<i>ErrorRelativo</i>
0	0.000000e+00
1	2.128174e+187
2	Inf

En la Figura 12, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de susceptibles dado con el método RK4.

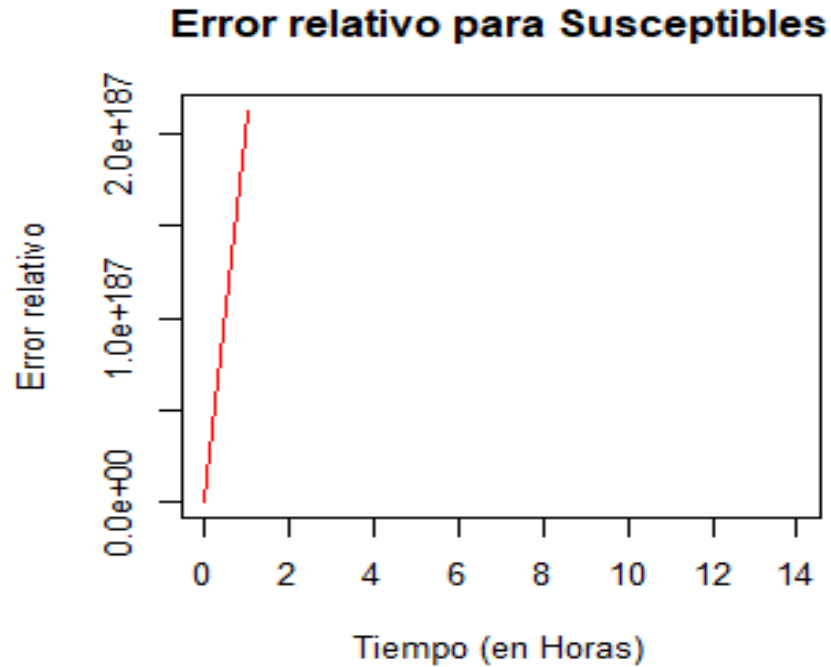


Figura 12 – Gráfica del Error Relativo para Susceptibles.

En la Tabla 9, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de infectados dado con el método RK4.

Tabla 9 – Error Relativo para el Porcentaje Infectados

<i>Tiempo</i>	<i>ErrorRelativo</i>
0	0.000000e+00
1	5.285976e+104
2	Inf

En la Figura 13, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de infectados dado con el método RK4.

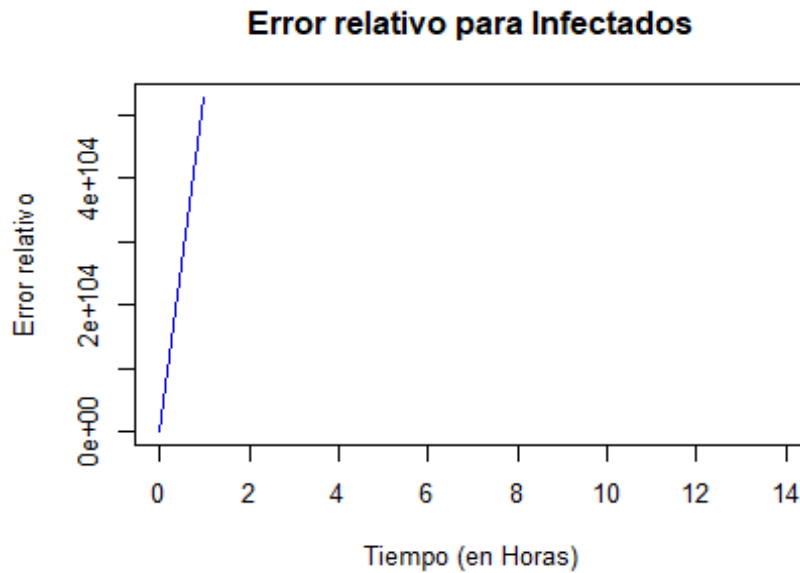


Figura 13 – Gráfica del Error Relativo para Infectados.

5.2 Modelo SIR

5.2.1 Método de Euler

En la Tabla 10, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de susceptibles dado con el método de Euler.

Tabla 10 – Error Relativo para el Porcentaje susceptibles

<i>Tiempo</i>	<i>Error Relativo</i>
0	0.000000e+00
1	-2.804784e+29
2	-1.569362e+40
3	-1.791095e+67
4	-3.850999e+123
5	-3.395590e+246
6	-Inf
7	Inf
8	NaN

En la Figura 14, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de susceptibles dado con el método de Euler.

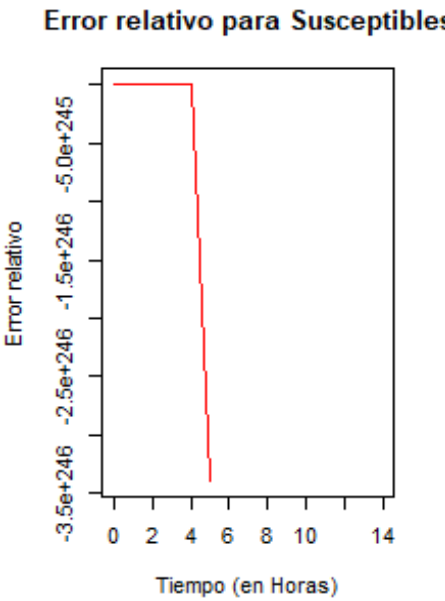


Figura 14 – Gráfica del Error Relativo para Susceptibles.

En la Tabla 11, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de infectados dado con el método de Euler.

Tabla 11 – Error Relativo para el Porcentaje Infectados

<i>Tiempo</i>	<i>ErrorRelativo</i>
0	0.000000e+00
1	2.875688e+06
2	7.382923e+21
3	1.085829e+52
4	5.240678e+111
5	2.723961e+230
6	Inf
7	NaN

En la Figura 15, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de infectados dado con el método de Euler.

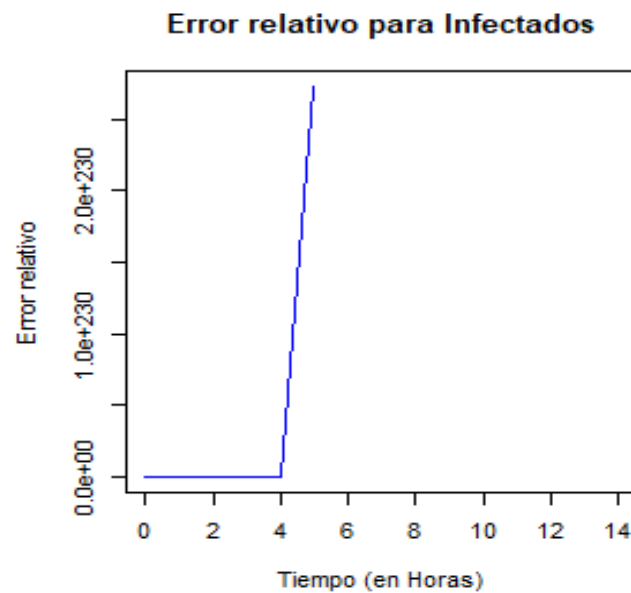


Figura 15 – Gráfica del Error Relativo para Infectados.

En la Tabla 12, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de recuperados dado con el método de Euler.

Tabla 12 – Error Relativo para el Porcentaje Recuperados

<i>Tiempo</i>	<i>Error Relativo</i>
0	0.000000e+00
1	9.986060e-01
2	1.012907e+06
3	5.575562e+20
4	1.813877e+50
5	1.949649e+109
6	2.260174e+227
7	Inf
8	NaN

En la Figura 16, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de recuperados dado con el método de Euler.

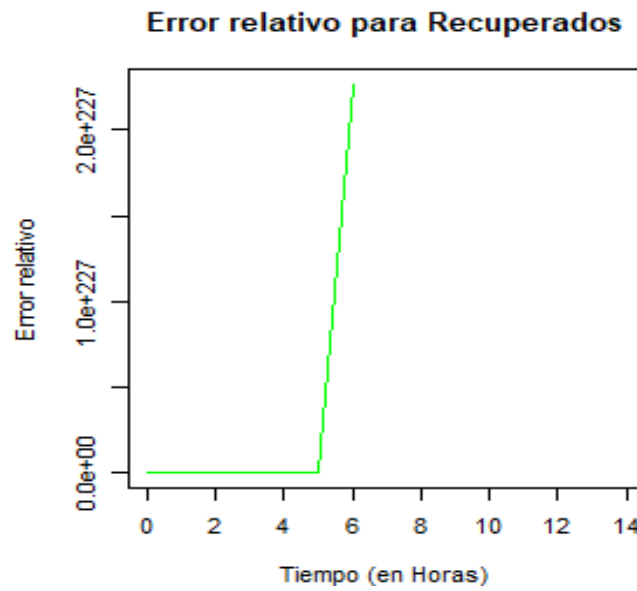


Figura 16 – Gráfica del Error Relativo para Recuperados.

5.2.2 Método RK4 (Runge-Kutta)

En la Tabla 13, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de susceptibles dado con el método RK4.

Tabla 13 – Error Relativo para el Porcentaje Susceptibles

<i>Tiempo</i>	<i>ErrorRelativo</i>
0	0.000000e+00
1	-2.310529e+128
2	-Inf

En la Figura 17, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de susceptibles dado con el método RK4.

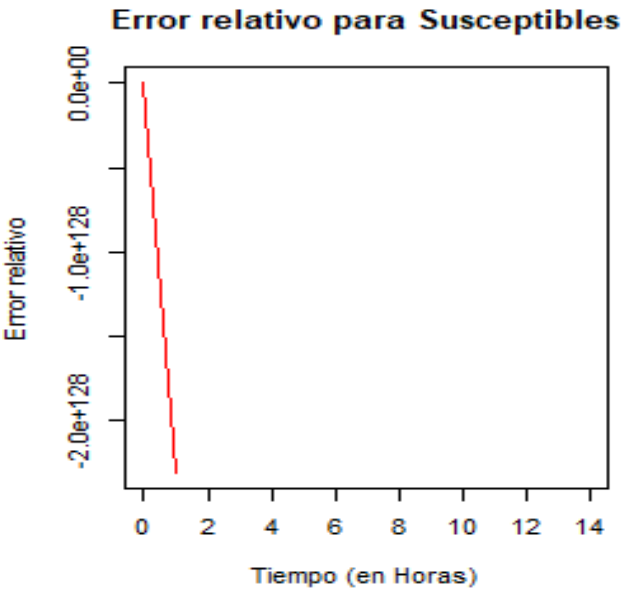


Figura 17 – Gráfica del Error Relativo para Susceptibles.

En la Tabla 14, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de infectados dado con el método RK4.

Tabla 14 – Error Relativo para el Porcentaje Infectados

<i>Tiempo</i>	<i>Error Relativo</i>
0	0.000000e+00
1	2.875688e+06
2	7.382923e+21
3	1.085829e+52
4	5.240678e+111
5	2.723961e+230
6	Inf
7	NaN

En la Figura 18, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de infectados dado con el método RK4.

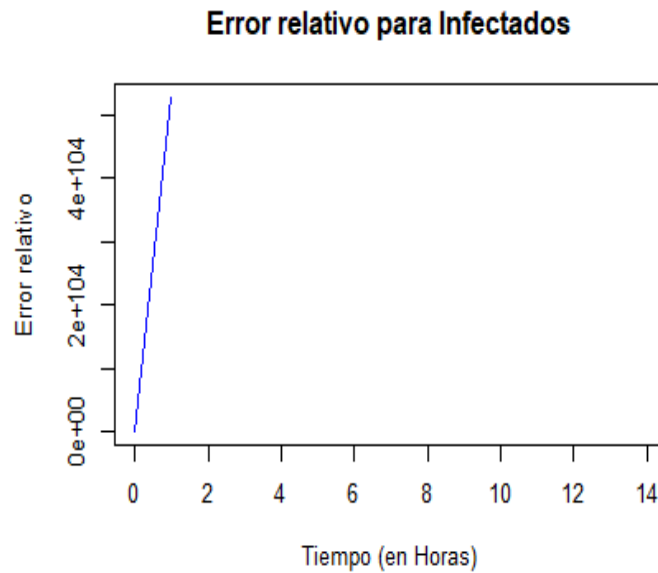


Figura 18 – Gráfica del Error Relativo para Infectados.

En la Tabla 15, se puede encontrar el error relativo del porcentaje de recuperados dado con el método RK4.

Tabla 15 – Error Relativo para el Porcentaje Recuperados

<i>Tiempo</i>	<i>ErrorRelativo</i>
0	0.000000e+00
1	6.065255e+47
2	NaN

En la Figura 19, se puede observar la gráfica del error relativo del porcentaje de recuperados dado con el método RK4.

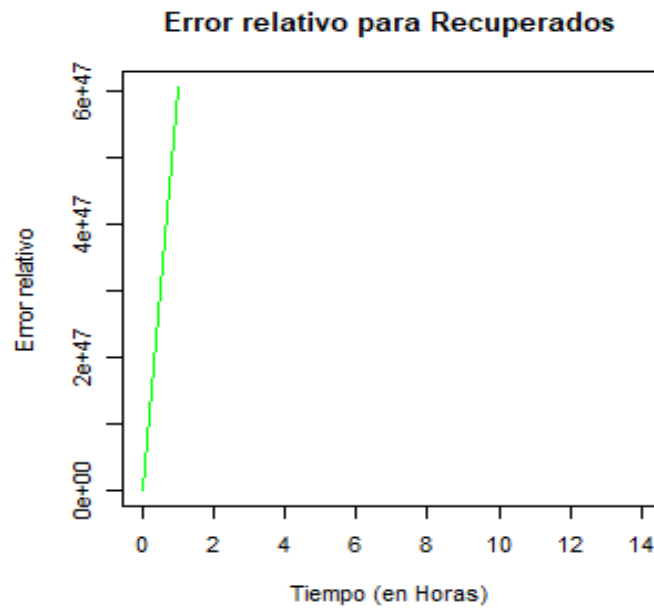


Figura 19 – Gráfica del Error Relativo para Recuperados.

5.3 Modelo Depredador-Presa

En la Figura 20, se puede observar el error relativo de los datos obtenidos de las presas.



Figura 20 – Gráfica del Error Relativo de las Presas.

En la Figura 21, se puede observar el error relativo de los datos obtenidos de los depredadores.

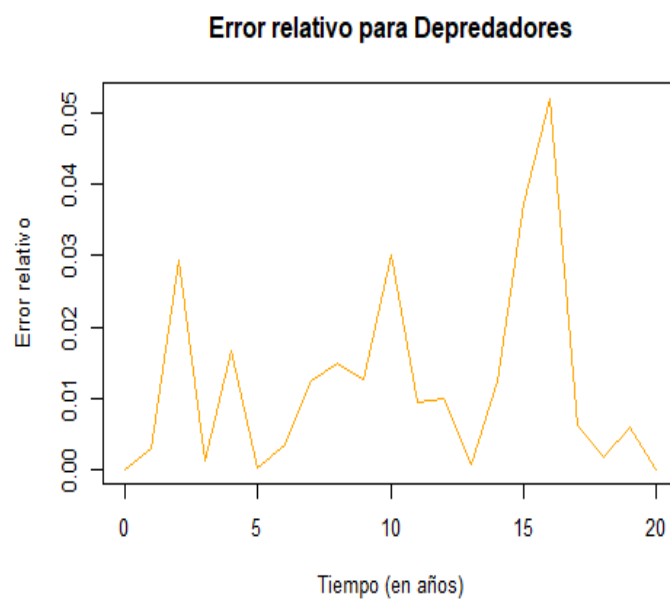


Figura 21 – Gráfica del Error Relativo de los Depredadores.

6 Conclusiones

- Los programas ejecutados para los modelos SI y SIR no son precisos al momento de manejar cifras muy grandes, haciendo así que los datos generados por el modelo sean erróneos.
- Se puede considerar que el programa ejecutado para el modelo depredador-presa es preciso, ya que los errores relativos obtenidos no superan el 1.5%.
- Se sabe que depende de la calidad de la estimación de los datos que los resultados tiendan a ser o no exactos para analizar los problemas propuestos.
- Los resultados de los modelos SI y SIR, pueden llegar a motivar a las personas a aportar en la disminución del riesgo del virus.
- La implementación de diferentes modelos como el SI y el SIR facilita la ideación de medidas que tengan una buena eficacia en el control de enfermedades que sean infecciosas para el ser vivo.

Referencias

- [1] G. Pedro1, G. Jesús, R. Gustavo “Aproximación numérica del modelo epidemiológico S/ para la propagación de gusanos informáticos, simulación y análisis de su error”, 2013. Instituto Politécnico Nacional de México [Online] Recuperado de: <[https://revistas.udistrital.edu.co/index.php/Tecnura/article/view/8057/9671#:~:text=Modelo%20epidemiológico%20Susceptible-Infected%20\(SI\)&text=El%20número%20total%20de%20individuos,estado%20infectado%20I\(t\).](https://revistas.udistrital.edu.co/index.php/Tecnura/article/view/8057/9671#:~:text=Modelo%20epidemiológico%20Susceptible-Infected%20(SI)&text=El%20número%20total%20de%20individuos,estado%20infectado%20I(t).>)>
- [2] I. Abelló, R. Guinovart, and W. Morales, “El modelo SIR básico y políticas antiepidémicas de salud pública para la COVID-19 en Cuba”, 2020. Revista Cubana de Salud Pública, ISSN 1561-3127 [Online] Recuperado de: <http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0864-34662020000500013>
- [3] Á. Sáez. “Ecuaciones de Lotka-Volterra: modelo presa depredador”, 2015. Pybonacci [Online] Recuperado de: <<https://pybonacci.org/2015/01/05/ecuaciones-de-lotka-volterra-modelo-presa-depredador/>>
- [4] K. Soetaert, R. Woodrow, and T. Petzoldt, “Package deSolve” , 2021. R-project [Online] Recuperado de: <<http://desolve.r-forge.r-project.org>>
- [5] K. Soetaert, R. Woodrow, and T. Petzoldt, “Package deSolve: Solving Initial Value Differential Equations in R”. CRAN R-project [Online] Recuperado de: <<https://cran.r-project.org/web/packages/deSolve/vignettes/deSolve.pdf>>
- [6] M. Grayling, G. Burger, S. Ellner, and J. Guckenheimer, “Phase Plane Analysis of One- And Two-Dimensional Autonomous ODE”. CRAN R-project [Online] Recuperado de: <<https://cran.r-project.org/web/packages/phaseR/phaseR.pdf>>
- [7] D. Mesmaeker, “flowField: Flow field” , version 2.1.3. RDocumentation [Online] Recuperado de: <<https://www.rdocumentation.org/packages/phaseR/versions/2.1.3/topics/flowField>>
- [8] D. Mesmaeker, “nullclines: Nullclines” , version 2.1.3. RDocumentation [Online] Recuperado de: <<https://www.rdocumentation.org/packages/phaseR/versions/2.1.3/topics/nullclines>>
- [9] O. Santos and F. Silveira, “Dynamic Models in Epidemiology” , 2020. CRAN R-project [Online] Recuperado de: <<https://cran.r-project.org/web/packages/EpiDynamics/EpiDynamics.pdf>>