

Modelo de Propagación para Costa Rica

Grupo de Fundamentos y Enseñanza de la Física y los Sistemas Dinámicos, Universidad de Antioquia

Documento Universidad de Antioquia

- Boris A. Rodríguez, Instituto de Física, UdeA
(boris.rodriguez@udea.edu.co). Coordinador del Grupo.

```
In[ ]:= SetDirectory[];  
        SetDirectory["COVID-19"];
```

Parámetros del modelo

Parámetros demográficos

```
In[33]:= Nhab = 4999441;  
          (*Proyección de la población de Costa Rica para 2018. Los datos demográficos  
          los tomo del Banco Mundial (BM). https://datos.bancomundial.org/*)  
           $\Delta = 14.246 * (Nhab / 1000) / 365$ ;  
          (*Tasa de natalidad por 1000 habitantes del 2017. Fuente BM. Personas/día*)  
           $\mu = 5.005 / (365 * 1000)$ ; (*Tasa de mortalidad (muertes naturales)  
          por mil habitantes 2017. Fuente BM. Personas/día*)
```

Parámetros del Modelo Epidemiológico (ξ_1 y ξ_2 son ajustados por el algoritmo evolutivo).

```

 $\alpha = (1/7);$  (* Frecuencia de incubación. 1/día*)
 $\omega = 10^{-2};$  (* Tasa de muerte inducida por el virus. 1/día*)
 $\gamma = 1/15;$  (* Tasa de recuperación. 1/día*)
 $\xi_1 = 9.46;$  (* Tasa de dispersión del virus al ambiente por los individuos sanos portadores. 1/día*)
 $\xi_2 = 0;$  (* Tasa de dispersión del virus al ambiente por los individuos enfermos. 1/día*)
 $\sigma = 1;$  (* Tasa de remoción del virus en el ambiente*)

```

Funciones de contacto directo (tasas). Ajustadas por el algoritmo evolutivo.

```

In[106]:= Clear[ $\beta$ ,  $\beta_0$ , c];
 $\beta[i\_ , x\_ , \beta_0\_List, c\_List] := \beta_0[[i]] / (1 + c[[i]] x);$ 
(*i=1 para el contacto E-S, transmisión directa expuestos-sanos;
i=2 para el contacto I-S, transmisión directa infectados-sanos;
i=3 para el contacto S-V, transmisión indirecta sanos-ambiente*)
 $\beta_0 = \{1.78402 * 10^{-9}, 2.48138 * 10^{-10}, 1.34526 * 10^{-8}\};$ 
(*Constante de transmisión. 1/(personas * día)*)
c = {0.0000101, 0.0006776032358556754, 0.0007400282084183559};
(*Coeficiente de ajuste para la transmisión. 1/personas*)

```

Modelo Epidemiológico SEIRV

```

In[80]:= Clear[Var, SistemaDin];
Var = {S[t], Ex[t], Inf[t], R[t], V[t]};
(*Variables de estado. S es el número de personas Sanas no infectadas. Ex, las Expuestas, es decir los portadores asintomáticos o personas sanas que propagan el virus. Inf son los enfermos. R son personas sanas que se recuperaron del virus. V es la concentración del virus en el ambiente.*)
SistemaDin = {S'[t] ==  $\Lambda - \beta[1, Ex[t], \beta_0, c] * S[t] * Ex[t] - \beta[2, Inf[t], \beta_0, c] * S[t] * Inf[t] - \beta[3, V[t], \beta_0, c] * S[t] * V[t] - \mu * S[t]$ ,
Ex'[t] ==  $\beta[1, Ex[t], \beta_0, c] * S[t] * Ex[t] + \beta[2, Inf[t], \beta_0, c] * S[t] * Inf[t] + \beta[3, V[t], \beta_0, c] * S[t] * V[t] - (\alpha + \mu) Ex[t]$ ,
Inf'[t] ==  $\alpha * Ex[t] - (\omega + \gamma + \mu) * Inf[t]$ ,
R'[t] ==  $\gamma * Inf[t] - \mu * R[t]$ , V'[t] ==  $\xi_1 * Ex[t] + \xi_2 * Inf[t] - \sigma * V[t]$ };

```

Condiciones iniciales para el inicio de la epidemia para una población de

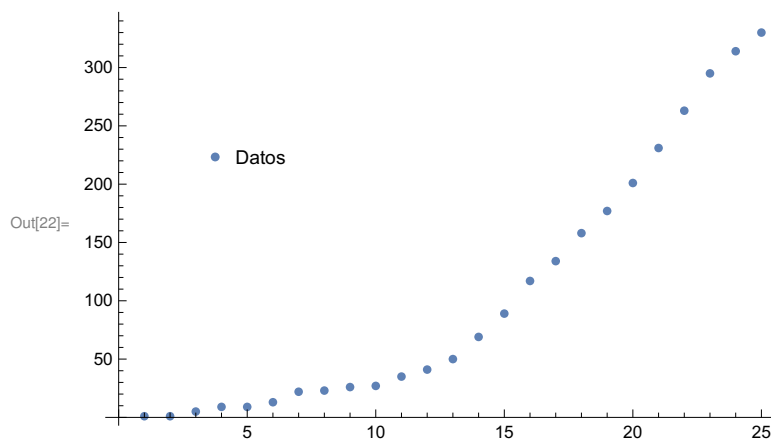
tamaño “n” (CondIni2[n]). Solución del Modelo (Sol) a 300 días.

```
In[83]:= Clear[CondIni2, Sol];
CondIni2[n_] := {n, 0, 0, 0, 100};
Sol = NDSolve[
  Flatten[{SistemaDin, Table[(Var /. t -> 0)[[i]] == CondIni2[Nhab][[i]], {i, 5}]}],
  Var, {t, 0, 300}];
```

Resultados (Parametrizados para Costa Rica)

```
In[20]:= costaR = {1, 1, 5, 9, 9, 13, 22, 23, 26, 27, 35, 41,
  50, 69, 89, 117, 134, 158, 177, 201, 231, 263, 295, 314, 330};
(*Tomada de https://github.com/CSSEGISandData/COVID-19*)

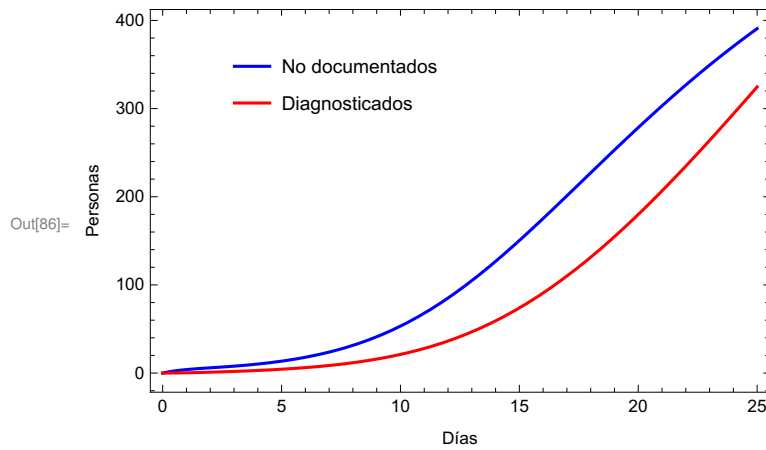
In[22]:= g1 = ListPlot[costaR, PlotLegends -> Placed[{"Datos"}, {0.21, 0.65}]]
```



```

In[86]:= g2 = Plot[Evaluate[{Ex[t], Inf[t]} /. Sol],
  {t, 0, 25}, Frame → True, PlotStyle → {Blue, Red},
  PlotLegends → Placed[{"No documentados", "Diagnosticados"}, {0.3, 0.8}],
  FrameLabel → {"Días", "Personas"}]

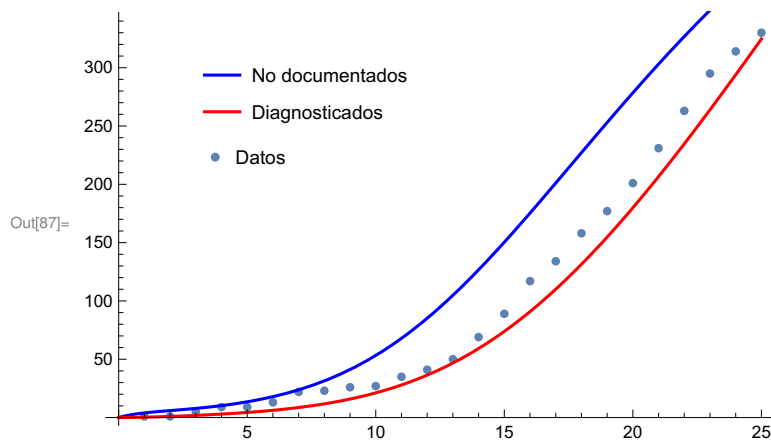
```



```

In[87]:= Show[g1, g2]

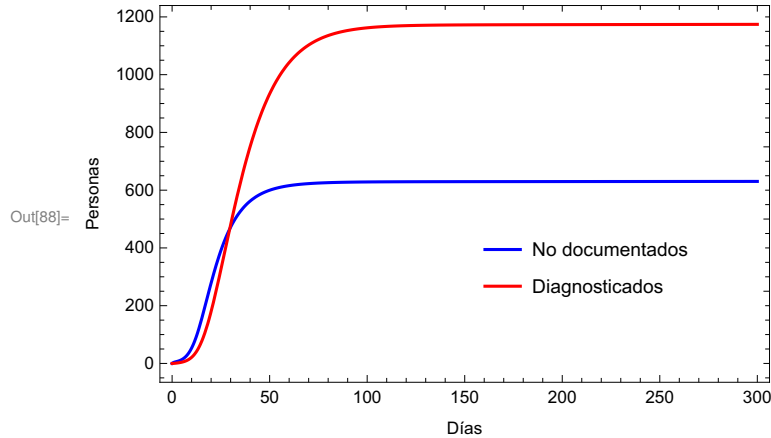
```



```

In[88]:= Plot[Evaluate[{Ex[t], Inf[t]} /. Sol],
  {t, 0, 300}, Frame → True, PlotStyle → {Blue, Red},
  PlotLegends → Placed[{"No documentados", "Diagnosticados"}, {0.7, 0.3}],
  FrameLabel → {"Días", "Personas"}]

```



El anterior resultado muestra el escenario de aislamiento social desde el inicio de la epidemia

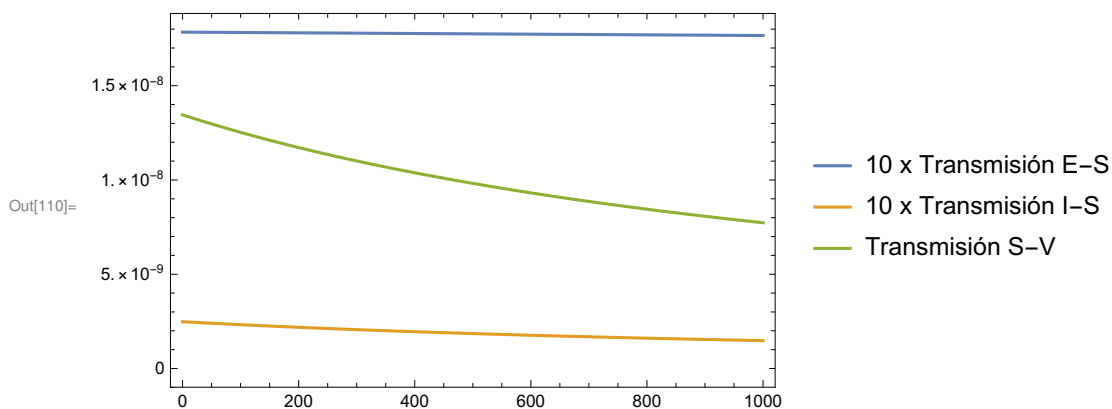
Escenarios de la Epidemia

Las variables de las tasas de contacto directo modelan el efecto de las políticas de salud pública al cambiar la frecuencia con la que las personas interactúan y cambiar las tasas de contagio.

```

In[110]:= Plot[{10  $\beta$ [1, x,  $\beta_0$ , c], 10  $\beta$ [2, x,  $\beta_0$ , c],  $\beta$ [3, x,  $\beta_0$ , c]}, {x, 0, 10^3}, Frame → True,
  PlotLegends → {"10 x Transmisión E-S", "10 x Transmisión I-S", "Transmisión S-V"}]

```



Modelo Dinámico Modificado sin producir medidas de aislamiento social nunca.

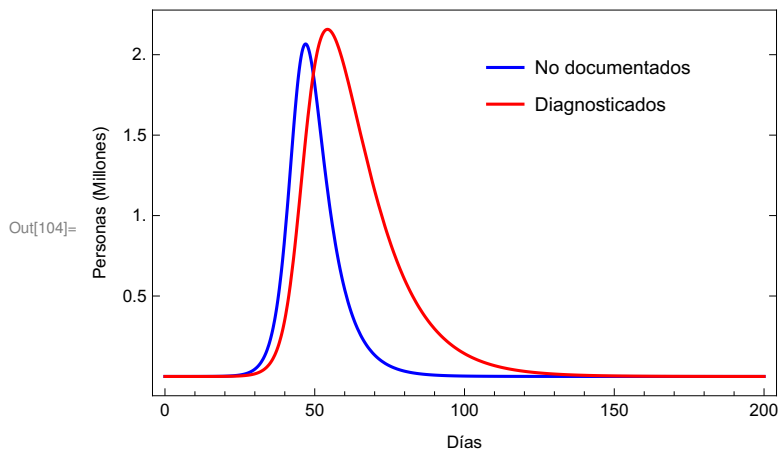
En este escenario mantenemos las tasas constantes haciendo los c nulos $c = \{0,0,0\}$

```

In[99]:= Clear[SDm1, SolE1];
c = {0, 0, 0};
SDm1 =
{S'[t] ==  $\Lambda - \beta[1, \text{Ex}[t], \beta_0, c] * S[t] * \text{Ex}[t] - \beta[2, \text{Inf}[t], \beta_0, c] * S[t] * \text{Inf}[t] -$ 
 $\beta[3, \text{V}[t], \beta_0, c] * S[t] * \text{V}[t] - \mu * S[t]$ , Ex'[t] ==  $\beta[1, \text{Ex}[t], \beta_0, c] * S[t] * \text{Ex}[t] +$ 
 $\beta[2, \text{Inf}[t], \beta_0, c] * S[t] * \text{Inf}[t] + \beta[3, \text{V}[t], \beta_0, c] * S[t] * \text{V}[t] - (\alpha + \mu) \text{Ex}[t]$ ,
Inf'[t] ==  $\alpha * \text{Ex}[t] - (\omega + \gamma + \mu) * \text{Inf}[t]$ ,
R'[t] ==  $\gamma * \text{Inf}[t] - \mu * R[t]$ , V'[t] ==  $\xi_1 * \text{Ex}[t] + \xi_2 * \text{Inf}[t] - \sigma * \text{V}[t]$ };
SolE1 =
NDSolve[Flatten[{SDm1, Table[(Var /. t -> 0)[[i]] == CondIni2[Nhab][[i]], {i, 5}]}],
Var, {t, 0, 300}];

In[104]:= Plot[Evaluate[{Ex[t], Inf[t]} /. SolE1], {t, 0, 200},
Frame -> True, PlotStyle -> {Blue, Red}, PlotRange -> All,
PlotLegends -> Placed[{"No documentados", "Diagnosticados"}, {0.7, 0.8}],
FrameLabel -> {"Días", "Personas (Millones)"},
FrameTicks -> {{{{500 000, 0.5}, {1 000 000, 1.0}, {1 500 000, 1.5}, {2 000 000, 2.0}},
Automatic}, {Automatic, None}}]

```



Numero Básico de Reproducción R_0

El número básico de reproducción caracteriza la estabilidad del estado libre de la enfermedad (DFE). Si $R_0 < 1$ entonces el DFE es estable y la epidemia no invade la población. Si $R_0 > 1$, el estado DFE es inestable y aparece un nuevo estado del sistema en donde el virus coexiste con la población (Equilibrio Endémico).

```

In[89]:= DFE = { $\Lambda / \mu$ , 0, 0, 0, 0};
R1 =  $\beta_0[[1]] \text{DFE}[[1]] / (\alpha + \mu)$ ;
R2 =  $\alpha * \beta_0[[2]] \text{DFE}[[1]] / (\omega + \gamma + \mu) / (\alpha + \mu)$ ;
R3 =  $((\omega + \gamma + \mu) \xi_1 + \alpha * \xi_2) \beta_0[[3]] \text{DFE}[[1]] / (\sigma (\omega + \gamma + \mu) \alpha + \mu)$ ;
Print["R1 = ", R1, "; R2 = ", R2, "; R3 = ", R3, "; R0 = ", R0 = R1 + R2 + R3]

R1 = 0.177691; R2 = 0.0460445; R3 = 32.1718; R0 = 32.3956

```