

# Reto número 3

Camilo Andrés Buitrago Ladino, David Santiago Meneses Cifuentes  
Paula Juliana Rojas Naranjo, Juan Carlos Suárez Motta

Pontificia Universidad Javeriana

Autor correspondiente: Camilo Andrés Buitrago Ladino; [bu.camilo@javeriana.edu.co](mailto:bu.camilo@javeriana.edu.co)

Autor correspondiente: David Santiago Meneses Cifuentes; [@davidsmenenescjaveriana.edu.co](mailto:@davidsmenenescjaveriana.edu.co)

Autor correspondiente: Juan Carlos Suarez Motta; [@suarezjuan@javeriana.edu.co](mailto:@suarezjuan@javeriana.edu.co)

Autor correspondiente: Paula Juliana Rojas Naranjo; [@rojasnpaula@javeriana.edu.co](mailto:@rojasnpaula@javeriana.edu.co)

12/05/2021

Para encontrar los repositorios de GitHub respectivos:

Camilo Andrés Buitrago Ladino: <https://github.com/CamiloB1999/AnalisisNumerico>.

David Santiago Meneses Cifuentes: <https://github.com/santiagomenesses/Analisis-numerico-David-Meneses>.

Juan Carlos Suarez Motta: <https://github.com/2qualcuno7/JuanCarlosSuarezMotta>.

Paula Juliana Rojas Naranjo: <https://github.com/ayurojasn/AnalisisNumerico-JulianaRojas>.

## 1. Introducción

Una de las aplicaciones más importantes que se da a los métodos numéricos y las ecuaciones diferenciales en el mundo moderno es de construir modelos predictivos que permitan simular en entornos controlados. Lo cierto es que a la fecha ya existen herramientas matemáticas que permiten realizar aproximaciones de precisión suficiente para ser de utilidad en situaciones científicas. [3] Esta situación hace que su estudio resulte absolutamente relevante, razón por la cual el objeto del presente texto es el de explorar dichos modelos aplicados a situaciones reales de gran urgencia.

Puntualmente el área escogida para llevar a cabo la labor antes mencionada es el de la epidemiología, cuya importancia ha sido cada vez más grande a raíz de la pandemia de COVID-19 que actualmente se presenta. Si bien la importancia de este virus resulta innegable, para efectos del desarrollo del presente escrito no se emplearán datos sobre esta enfermedad, sino que se prefiere el de una infección ya superada y cuyos datos no se encuentran en constante cambio. Con esto en mente, se escogen los datos referentes al brote de Ébola ocurrido en Guinea entre los años 2014 y 2016. Como es bien sabido, el Ébola es un virus de la familia de los Filovirus descubierto en África en el año 1976 y cuya tasa de mortalidad usualmente es del 50 por ciento [5]

La elevada mortalidad sumada a que el virus se suele manifestar en países en vías de desarrollo con reducidas capacidades de salud hacen que lograr entender su comportamiento sea particularmente importante para el manejo de futuros brotes.

Al abordarse el ya mencionado campo de la epidemiología, es claro que el uso de modelamiento matemático resulta una cuestión vital para los gobiernos a la hora de manejar brotes de patógenos, especialmente aquellos no conocidos extensivamente, tanto a corto como en el largo plazo a la hora de definir política pública al respecto[1].

Hay varios modelos de importancia para estos escenarios, pero por motivos de brevedad se limita el alcance de este trabajo únicamente a dos. El primero de ellos el SIR (Susceptible, infected, recovered), que correlaciona el número de individuos en una población dada que están infectados y por ende son contagiosos, el número de individuos que pueden llegar a contraer la infección y el número de individuos que al ya haber superado el virus cuentan con inmunidad al mismo [2]

El segundo modelo por abordar es el modelo SI, de naturaleza muy similar al ya expuesto modelo SIR, con la diferencia de que se parte los individuos que contraen el virus no pasan a un estado de remisión e inmunidad después de cierto tiempo luego de contraer la infección, sino que se mantienen a perpetuidad en el grupo de infectados. La definición matemática de ambos modelos se expondrá en detalle más adelante, al igual que su aplicación a través del lenguaje de programación R para el caso del virus del Ébola.

Por otra parte, para efectos de estudio de la amplia gama de aplicaciones que tienen estos modelos basados en ecuaciones diferenciales, se expondrá el modelo de depredador-presa. Tal como su nombre lo indica, este tiene por finalidad el estudiar como se comportan las poblaciones de depredadores y sus presas de un ecosistema a través del tiempo [4].

En dichos modelos, grandes poblaciones de presas hacen aumentar la población de depredadores, lo que a su vez hace decrecer la población de presas, lo que reduce la población de depredadores y esto último permite un nuevo aumento en la cantidad de presas, generando un comportamiento cíclico [4]. En dichos modelos, grandes poblaciones de presas hacen aumentar la población de depredadores, lo que a su vez hace decrecer la población de presas, lo que reduce la población de depredadores y esto último permite un nuevo aumento en la cantidad de presas, generando un comportamiento cíclico.

## 2. Modelos matematicos

### 2.1. SI

Uno de los modelos utilizados para describir comportamiento de la propagación de enfermedades es el modelo SI, Susceptible e Infectado. Este modelo se define principalmente teniendo en cuenta la población de estudio para el comportamiento, denominado como  $n$  la cantidad de miembros en dicha población siendo la suma entre los dos grupos, susceptible y de infección. Igualmente, como el número de miembros que hacen parte del grupo susceptible  $S(t)$ , siendo  $t$  el tiempo transcurrido en el estudio, que genera una conexión directa con el grupo de infectados  $I(t)$  en la que se llega a este grupo desde susceptible con una velocidad de infección  $\beta$ . En la siguiente imagen se pueden observar las tres ecuaciones que se implementan para este modelo y comportamiento.

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{dI(t)}{dt} \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t) I(t) \quad (2)$$

$$n = S(t) + I(t) \quad (3)$$

Figura 1: Representación del modelo SI

Respecto a la anterior imagen, se tienen tres ecuaciones, en la (1) se describe el comportamiento del grupo de los susceptibles, en la (2) la cantidad de miembros infectados y finalmente en la (3) el número total de miembros de la población, donde ya se explicó anteriormente, hace referencia a la suma de los dos grupos.

Este modelo tiene únicamente una dirección de comportamiento, como se puede evidenciar en la siguiente imagen, siendo un cambio de estado en grupo desde susceptible hacia infectado.



Figura 2: Representación del modelo SI

### 2.2. SIR

Para el modelo SIR, la población se divide en tres grupos, susceptibles (S: susceptible), infectados (I: infected), y recuperados (R: recovered). Siendo mutuamente excluyente la participación de cada miembro en un respectivo grupo. De este modo, un miembro solo puede estar en un único grupo dado en el

mismo momento. Teniendo la opción de cambiar de grupo (dependiendo de los cambios en el modelo), pero limitándolos en sólo una dirección, como se evidencia en la siguiente imagen. Por lo tanto, y siguiendo el orden del modelo especificado, un miembro que esté susceptible puede llegar a estar en el grupo de los infectados y uno que ya estuviera en el grupo de infectados, puede llegar a recuperarse o en casos extremos, morir y estos miembros igualmente se establecen en el grupo de recuperados, ya que se mantiene una cantidad de población constante.



Figura 3: Representación del modelo SIR

Por lo que en la imagen anterior se observa una única dirección y no un ciclo o bucle, se especifica que cuando un miembro llega al grupo de recuperados, no existe la manera de volver a ser susceptible creando inmunidad sobre él. Así que este modelo no se repite en un mismo miembro. En la siguiente imagen se ilustran las tres ecuaciones implementadas en este modelo con su respectiva explicación luego de esta.

$$\begin{cases} S'(t) = -\frac{a}{N}S(t)I(t) \\ I'(t) = \frac{a}{N}S(t)I(t) - bI(t) \\ R'(t) = bI(t) \end{cases}$$

Figura 4: Representación del modelo SIR

Se definen las tres ecuaciones anteriores donde  $t$  hace referencia al tiempo transcurrido y  $S(t)$ ,  $I(t)$ ,  $R(t)$  al número de miembros en cada grupo respectivamente en el momento  $t$  especificado. Y como se definió en el comienzo de la explicación del modelo, estos tres grupos crean un conjunto total sobre el tamaño de la población.

La importancia del modelo específicamente es alrededor de la velocidad de dichas ecuaciones y matemáticamente la derivada de una ecuación hace referencia a la velocidad de cambio de esta. Por esta razón las anteriores ecuaciones se han expresado como derivadas. Además de las variables que representan la cantidad de miembros en cada grupo de población, igualmente se tiene una tasa de transmisión que nos indicará la velocidad de cambio del grupo de miembros susceptibles al grupo de infectados. Denotado por  $a/N$  negativo ya que disminuye la cantidad de miembros susceptibles y en la ecuación de infectados, la misma fracción es positiva ya que en este sí aumenta la cantidad de miembros al tener como llegada los del grupo anterior.

Para especificar la velocidad de cambio del grupo de miembros infectados al grupo de miembros recuperados, se define la tasa de recuperación denotado como  $b$  negativo, ya que se multiplica por el número de miembros infectados en la respectiva ecuación, en cambio en la ecuación de recuperados, esa tasa es positiva ya que aumenta la cantidad de miembros recuperados llegados del grupo anterior de infectados.

### 2.3. Predador-presa

Este modelo, a diferencia de los dos explicados anteriormente, se define como un modelo de comportamiento oscilatorio, como se puede observar en la siguiente imagen, presentándose un cambio periódico en el comportamiento de cada grupo, para el grupo predador y el grupo presa.

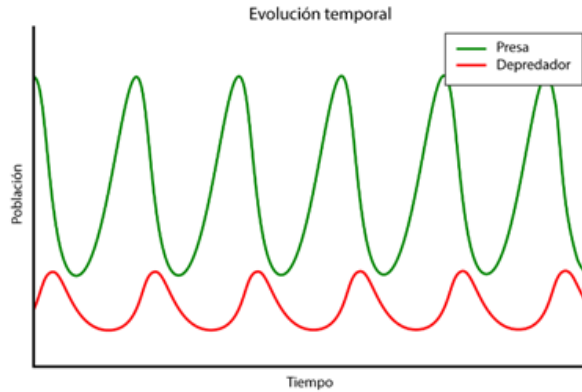


Figura 5: Representación del modelo Predador-Presa

El anterior gráfico describe un comportamiento que, aunque es periódico, no es paralelo, ya que los resultados del comportamiento de cada uno de los grupos se evidencian luego de cierto tiempo, cuando ya afecta a la población.

Para poder realizar e implementar este modelo, se tienen como guía dos ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO) y es ordinaria, ya que depende sólo de una variable. Las ecuaciones son las presentadas en la siguiente imagen.

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = r_1P - a_1PD & (\text{ecuación para la población de presas}) \\ \frac{dD}{dt} = a_2PD - r_2D & (\text{ecuación para la población de depredadores}) \end{cases}$$

Figura 6: Representación del modelo Predador-Presa

Se denomina D a la cantidad de depredadores que existan en la población y P a la cantidad de presas en la población. Las demás constantes definidas son  $r_1$ ,  $a_1$ ,  $r_2$ ,  $a_2$ , donde cada una de ellas representa la tasa de crecimiento del grupo presas, el éxito en la caza que afecta a la presa, la tasa de crecimiento del grupo de depredador y el éxito en la caza que afecta al depredador, respectivamente.

Analizando las ecuaciones presentadas, se podría identificar que si el grupo depredador no existiera, la cantidad de miembros en el grupo de presas crecería de forma exponencial, y por otro lado, si no existiera el grupo de presas, la cantidad del grupo depredador, descendería de acuerdo a la cantidad de la población.

Es por esto que el grupo depredador puede llegar al éxito y se mantiene en equilibrio es debido a la gran cantidad de miembros en el grupo presas, pero se llega al punto en el que al no haber tantas presas, se disminuye la cantidad de depredadores al no tener comida para cazar y es en este punto donde el grupo de presas crece al no tener depredadores asechando y devorándolos. Todo el anterior comportamiento continúa en un ciclo infinito logrando tener un comportamiento periódico.

## 3. Resultados

Para este problema se utilizan los datos de propagación del ébola en Guinea del 2014 al 2016, como los datos son irregulares frente a periodos de tiempo, se realizó un promedio mensual para hacer la medición. Los resultados se muestran a continuación.

### 3.1. Modelo SI

Para el modelo SI se utilizaron los datos sobre la propagación del virus del ebola en la población de Guinea de 2014 a finales de 2015, para la población de susceptibles se tomó la población mayor a 20 años como población adulta con base en la pirámide poblacional de Guinea, esto tomando una población inicial de 5019222 personas. La pirámide poblacional se muestra en la siguiente figura

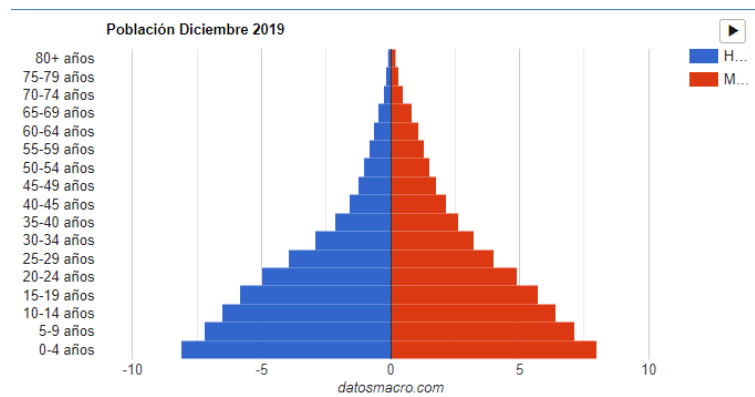


Figura 7: Pirámide poblacional de Guinea 2014

Se empezaría con una cantidad de infectados de 482, los resultados se muestran a continuación y el modelo a evaluar sería por medio de euler:

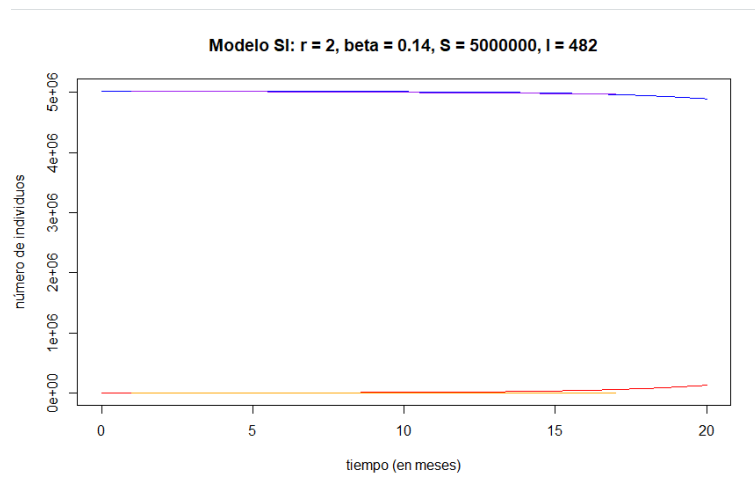


Figura 8: Comparativa entre los datos reales y los datos teóricos para el modelo SI

Se muestra a continuación el modelo por medio del método de Runge-Kutta:

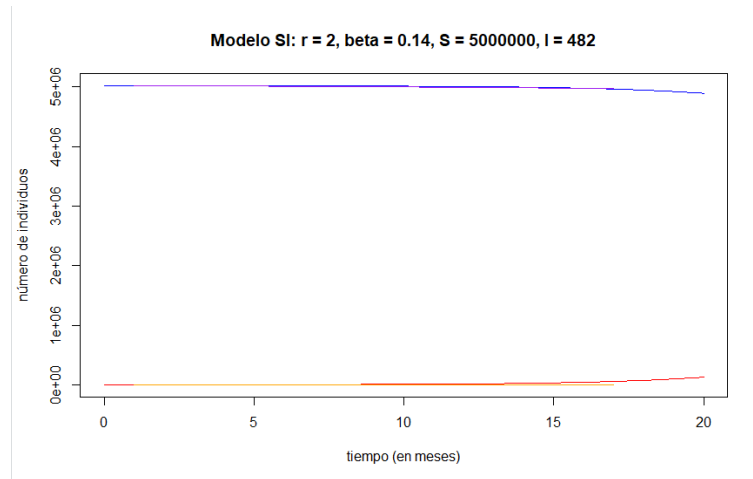


Figura 9: Comparativa entre los datos reales y los datos teóricos para el modelo SI

Se muestra en la figura 2 y 3 una línea morada y una azul, siendo la morada los datos reales, y la azul la línea teórica de susceptibles, por parte de la línea naranja, esta representa los datos reales y la línea roja los datos teóricos sobre Infectados. se utilizó para esa comparación un  $r$  de 2 y un  $\beta$  de 0.14.

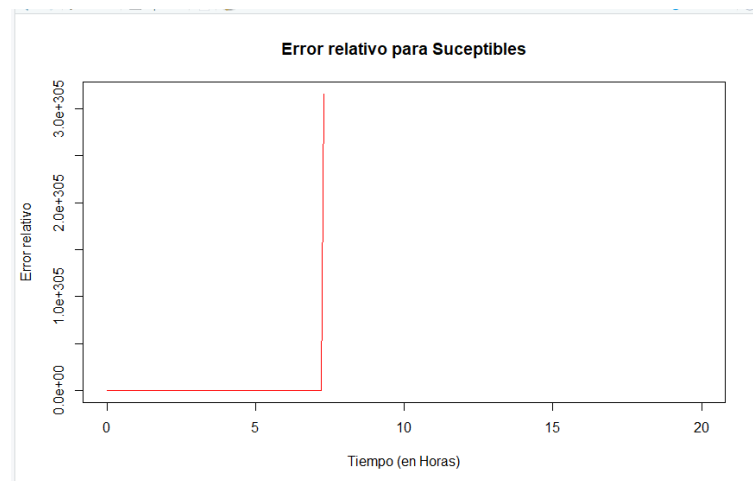


Figura 10: Error en los datos del SI

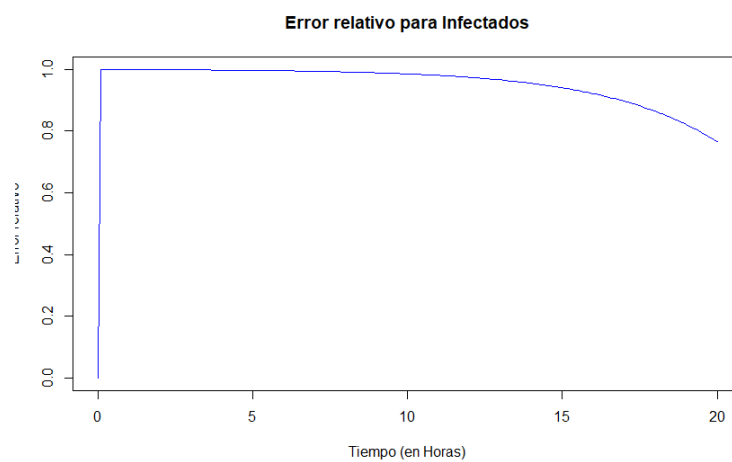


Figura 11: Error en los datos del SI

En la figura 3 y 4 se muestra el error en los datos del SI infeccion y , toma valores tan altos en el momento en que se desfasa un poco en la gráfica.

### 3.2. Modelo SIR

Para el modelo SIR se utilizaron los datos sobre la propagacion del virus del ebola en la poblacion de Guinea de 2014 a finales de 2015, para la poblacion de susceptibles se tomo la población mayor a 20 años como población adulta con base en la piramide poblacional de Guinea, esto tomando una población inicial de 5019222 personas. La piramide poblacional se muestra en la siguiente figura

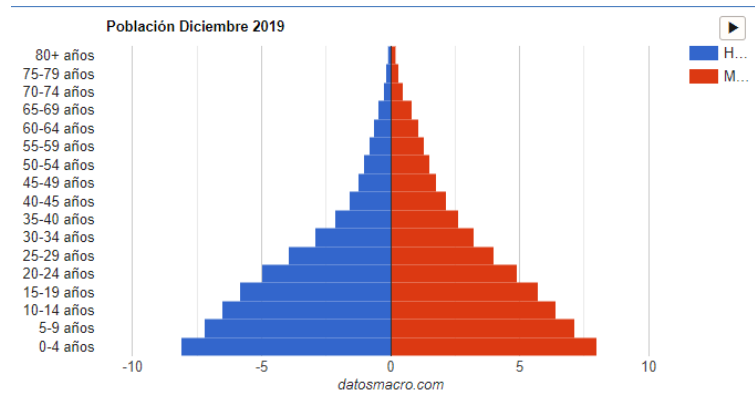


Figura 12: Piramide poblacional de Guinea 2014

Se empezaría con una cantidad de infectados de 482 y una cantidad de recuperados de 166 los resultados se muestran a continuación:

Hubo un problema al graficar este método, no se muestra por alguna razón la solución del modelo teórico por ODE

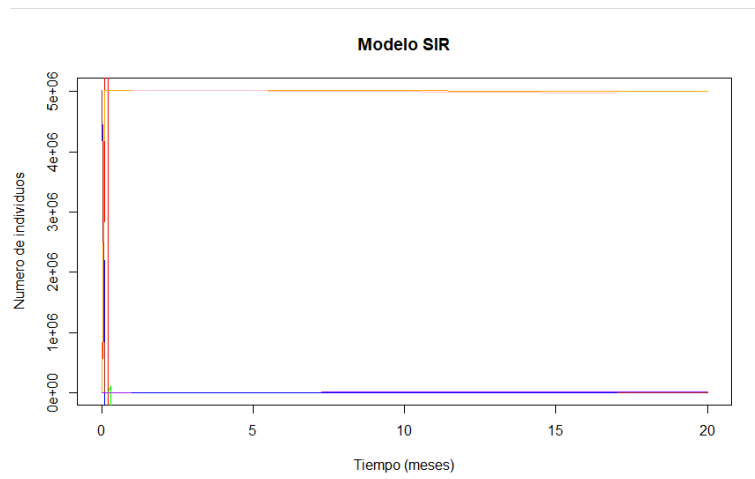


Figura 13: Comparativa entre los datos reales y los datos teoricos para el modelo SIR

A continuación se muestra el modelo por el método Runge-Kutta:

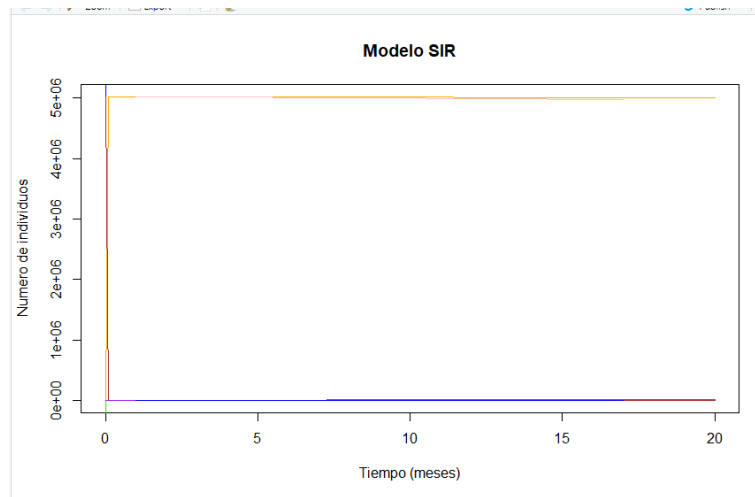


Figura 14: Comparativa entre los datos reales y los datos teóricos para el modelo SIR

La línea rosada muestra los datos reales de los susceptibles del modelo comparados con la línea naranja generada por Epidynamics, en la parte de abajo se muestran superpuestos. Como los datos de infección y recuperados son tan pequeños en comparación a la población inicial, se superponen todos en la parte de abajo.

A continuación se muestran los errores relativos

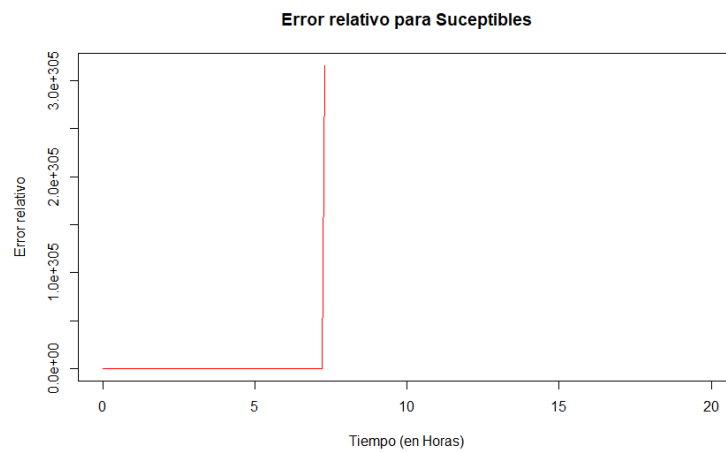


Figura 15: Comparativa entre los datos reales y los datos teóricos para el modelo SIR



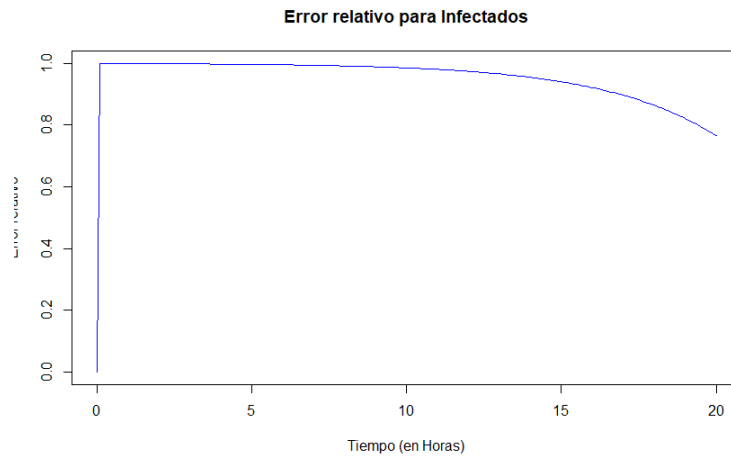


Figura 16: Error en los datos del SI

Los errores puede que se vayan un poco lejos dependiendo de que tanto se desfase teniendo en cuenta la disminución con respecto a unas infecciones y recuperados son mucho más bajas que los susceptibles

### 3.3. Predador-Presa

Para este modelo se recopilieron datos sobre zorros contra conejos en un bosque. A continuación se muestran los resultados del modelo:

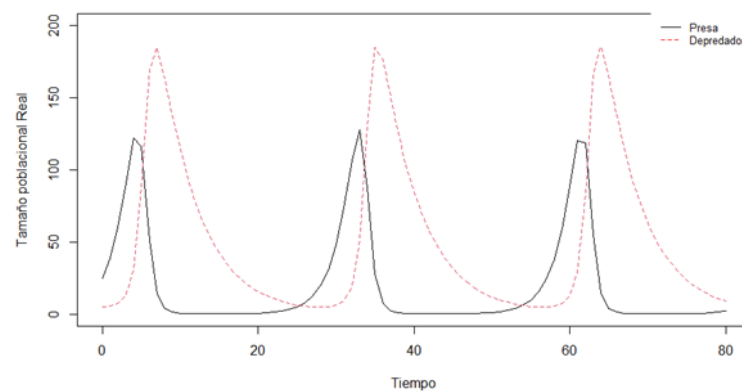


Figura 17: Ritmo de caza de los predadores

De esta grafica podemos apreciar como el ritmo de caza de los depredadores es abrupto pues al momento de igualar población con la presa, este segundo queda al borde de la extensión en aproximadamente en menos de 7 años, a causa de esto la población de depredadores disminuyen su número debido a la falta de alimento y con esta reducción en la población viene el resurgir de las presas y el ciclo comienza nuevamente.

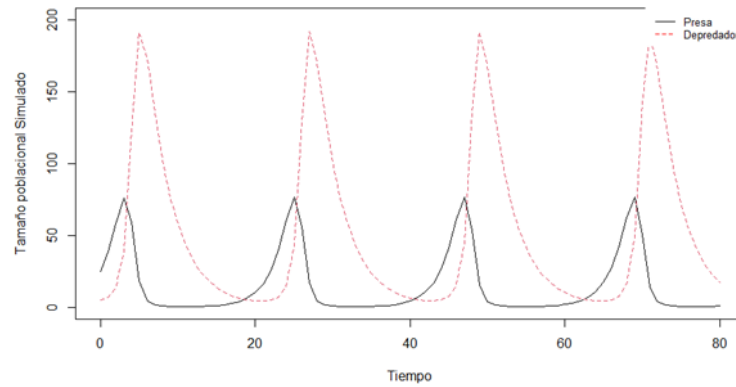


Figura 18: Ritmo de caza de los predadores

En esta gráfica se puede observar que el tamaño de la población de la presa es casi la tercera parte de la población de los depredadores, lo que significa que la población de depredadores tiene una facilidad a la hora de cazar a las presas y tiene un nivel de apareamiento bastante alto ya que a pesar de que las presas estén casi extintas estos mantienen su crecimiento un buen tiempo.

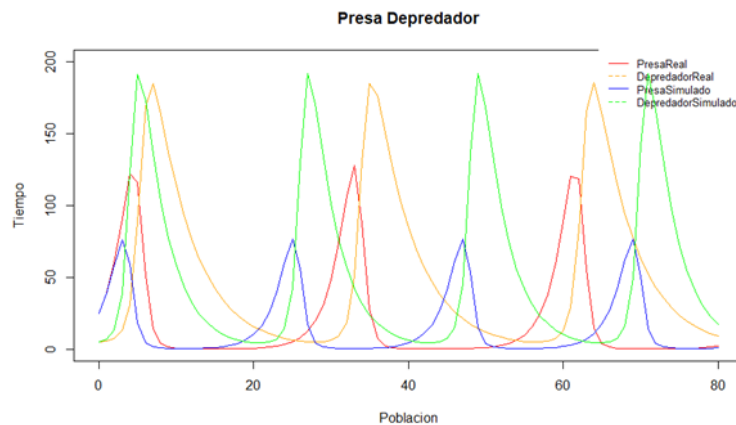


Figura 19: Resultado de la simulacion predador-presa

Como se puede apreciar en la gráfica, en el modelo de datos simulados se puede ver que la población de los depredadores requerida para empezar a extinguir a las presas es mucho menor que en el modelo de datos reales, por lo que el ciclo de extensión también empieza antes y es por esta razón que se genera un ciclo más en el mismo periodo de tiempo.

Se muestran los errores a continuacion:

|      | error absoluto |          |
|------|----------------|----------|
| time | N Error        | P Error  |
| 0    | 0              | 0        |
| 1    | 0,214381       | 1,341376 |
| 2    | 2,20189        | 5,999293 |
| 3    | 14,40335       | 26,14386 |
| 4    | 62,84854       | 91,675   |
| 5    | 97,3224        | 102,7659 |
| 6    | 46,51326       | 3,838952 |
| 7    | 11,96617       | 48,97511 |
| 8    | 3,059139       | 60,28803 |
| 9    | 0,867069       | 59,59978 |
| 10   | 0,200363       | 55,34586 |
| 11   | 0,077901       | 49,8979  |
| 12   | 0,258409       | 44,15534 |
| 13   | 0,440944       | 38,54451 |
| 14   | 0,682393       | 33,28281 |
| 15   | 1,040441       | 28,47387 |
| 16   | 1,595507       | 24,15291 |
| 17   | 2,472034       | 20,31189 |
| 18   | 3,867768       | 16,91362 |
| 19   | 6,097697       | 13,89687 |
| 20   | 9,659229       | 11,16987 |
| 21   | 15,32091       | 8,578274 |
| 22   | 24,20851       | 5,793907 |
| 23   | 37,71276       | 1,889202 |

Figura 20: Errores absolutos de la simulación

|    |          |          |
|----|----------|----------|
| 24 | 56,2193  | 6,633743 |
| 25 | 71,31722 | 35,672   |
| 26 | 48,34391 | 123,5627 |
| 27 | 4,517815 | 186,5986 |
| 28 | 15,256   | 165,8602 |
| 29 | 29,27877 | 128,3523 |
| 30 | 47,3007  | 94,93284 |
| 31 | 73,00833 | 66,61978 |
| 32 | 105,8581 | 38,08589 |
| 33 | 127,2614 | 8,429468 |
| 34 | 87,2295  | 98,57176 |
| 35 | 27,36146 | 160,8567 |
| 36 | 6,458048 | 158,4026 |
| 37 | 1,067994 | 137,1566 |
| 38 | 0,911725 | 114,947  |
| 39 | 2,330384 | 95,2856  |
| 40 | 4,035475 | 78,55185 |
| 41 | 6,54161  | 64,46219 |
| 42 | 10,441   | 52,58939 |
| 43 | 16,58075 | 42,45118 |
| 44 | 26,17755 | 33,41814 |
| 45 | 40,71931 | 24,25137 |
| 46 | 60,55553 | 10,9207  |
| 47 | 76,34804 | 24,12687 |
| 48 | 53,00923 | 118,1555 |
| 49 | 14,81532 | 177,5741 |
| 50 | 2,90868  | 156,5879 |
| 51 | 0,273832 | 121,4012 |
| 52 | 1,903747 | 91,12014 |

Figura 21: Errores absolutos de la simulación

|    |          |          |
|----|----------|----------|
| 53 | 3,568609 | 67,58822 |
| 54 | 5,886869 | 49,77591 |
| 55 | 9,424183 | 36,37984 |
| 56 | 14,95624 | 26,26155 |
| 57 | 23,63855 | 18,46606 |
| 58 | 37,151   | 12,10621 |
| 59 | 57,6441  | 6,043188 |
| 60 | 86,52619 | 2,227504 |
| 61 | 117,5409 | 21,21842 |
| 62 | 113,9662 | 76,98496 |
| 63 | 48,04869 | 160,5651 |
| 64 | 3,835549 | 180,7114 |
| 65 | 13,09185 | 160,2835 |
| 66 | 25,6334  | 133,2514 |
| 67 | 41,36591 | 106,909  |
| 68 | 61,78164 | 78,33744 |
| 69 | 76,62911 | 28,39545 |
| 70 | 50,53183 | 78,47269 |
| 71 | 14,13303 | 139,8916 |
| 72 | 3,612202 | 123,5049 |
| 73 | 1,196101 | 94,07318 |
| 74 | 0,471523 | 68,89882 |
| 75 | 0,16323  | 49,64408 |
| 76 | 0,031536 | 35,39233 |
| 77 | 0,212867 | 24,99351 |
| 78 | 0,434465 | 17,4715  |
| 79 | 0,746245 | 12,06647 |
| 80 | 1,213613 | 8,204515 |

Figura 22: Errores absolutos de la simulación

## 4. Conclusiones

Tras haber examinado lo anteriormente expuesto, queda claro que los modelos matemáticos basados en ecuaciones diferenciales resultan claramente eficaces a la hora de modelar múltiples relaciones entre variables en el mundo real. La habilidad que tienen las ecuaciones diferenciales para modelar cambios de una variable en función de otra es una herramienta que no puede ser olvidada y que se encuentra presente tanto en el mundo académico como en el netamente industrial.

Como se pudo observar, la medicina es capaz de valerse de estos modelos para determinar qué puede esperarse del desarrollo de ciertas infecciones en una población, lo que genera un insumo para la creación de política pública al respecto. Tanto para infecciones que generan algún tipo inmunidad y posibilidad de remisión en las personas, que se representan más adecuadamente con el modelo SIR, como es el caso del Ébola o el Covid-19, como para enfermedades que no generan inmunidad ni remisión completa, como es el caso del Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH), que en ciertas poblaciones puede ser modelado a través de modelos SI se puede observar la precitada utilidad médica. En el caso particular de este ejercicio académico, quedó claro que el Ébola efectivamente responde a estos.

En el caso de la ecología y la conservación, la utilidad de los modelos de ecuaciones diferenciales, particularmente el modelo de depredador presa también se puso de manifiesto a lo largo del presente texto, donde se expresó el comportamiento cíclico natural de dicha relación ecológica. Ejercicios similares su pueden llevar a cabo para la mayoría de las poblaciones de depredadores y presas de los ecosistemas y sus disrupciones pueden servir de indicativo para la búsqueda de causas que estén afectando a los animales.

## Referencias

- [1] Feng Z Brauer F. Castillo-Chavez C. *A Prelude to Mathematical Epidemiology*. url[https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-1-4939-9828-9\\_1](https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-1-4939-9828-9_1). 2021.
- [2] MAA. *The SIR model for spread of disease of the differential equation model*. url<https://www.maa.org/press/periodicals/sir-model-for-spread-of-disease-the-differential-equation-model>. 2021.

- [3] ScienceDirect. *Differential equations model*. url<https://www.sciencedirect.com/topics/mathematics/differential-equation-model>: :text=1. 2021.
- [4] services.math.duke. *Predator*. url<https://services.math.duke.edu/education/webfeats/Word2HTML/Predator.html>. 2021.
- [5] whoInt. *Ebola virus disease*. url<https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/ebola-virus-disease>. 2021.