



ANALISIS NUMERICO

RETO #3

INTEGRANTES:

Juan Alejandro Diaz Lote

Cristian Camilo Benítez

Andrés Ricardo Porras Escobar

DOCENTE:

Eddy Herrera Daza

Bogotá, Colombia.

02 de junio del 2021

INTRODUCCION

Para este tercer reto correspondiente a la materia Análisis numérico, se debe realizar una serie de simulaciones de la solución de un sistema de ecuaciones asociados a los modelos epidemiológico SI, SIR y modelo depredador presa. Antes de proceder con la solución y representación, se debe tener contexto sobre algunos términos y referencias claves para la ejecución del problema.

El modelo general epidemiológico Susceptible-Infectado (SI) que describe el comportamiento dinámico de uno de los modelos de propagación de enfermedades biológicas. Esta aproximación es validada mediante el uso de medidas basadas en el estudio del comportamiento del valor real (error) conforme la evolución del tiempo, donde se asume que los individuos estarán en un contacto directo con los individuos infectados del virus.

El modelo epidemiológico SIR relaciona las variaciones de las tres poblaciones (Susceptible, Infectada y Recuperada) a través de la tasa de infección y el periodo infeccioso promedio. Con estos modelos se tiene que la población total es igual a la suma de la población susceptible, la población infectada y la población recuperada ($N=S+I+R$) así el modelo viene dado por las siguientes ecuaciones diferenciales:

$$S' = -\beta SI \quad I' = \beta SI - \alpha I \quad R' = \alpha I$$

En este trabajo se estudia el modelo SIR, así como algunas de sus modificaciones y se implementa un método para la solución numérica del sistema de ecuaciones diferenciales asociadas al modelo.

Las ecuaciones de Lotka-Volterra, también conocidas como ecuaciones depredador-presa o presa-predador, son un par de ecuaciones diferenciales de primer orden no lineales que se usan para describir dinámicas de sistemas biológicos en el que dos especies interactúan, una como presa y otra como depredador.

En ausencia de los depredadores las presas aumentarían de manera exponencial (puesto que subalimento es inagotable y no hay depredadores). Por otro lado, sin presas los depredadores morirían de forma exponencial (por falta de comida). Es decir, el modelo que describiría esta situación sería:

$$\begin{aligned} x'(t) &= \frac{dx}{dt} = a x(t) \quad ; \quad a > 0 \\ y'(t) &= \frac{dy}{dt} = -c y(t) \quad ; \quad c > 0 \end{aligned}$$

Sean $x(t)$, $y(t)$ las poblaciones de conejos (presas) y linces (depredadores) respectivamente:

En el momento en el que entran en contacto los depredadores con las presas, el ritmo de crecimiento de las presas disminuye a una tasa proporcional al encuentro de una presa con un depredador ($b_2 x(t) y(t)$); mientras que los depredadores aumentarían de la misma manera ($a_2 x(t) y(t)$). En consecuencia, ahora la modelo sería:

$$\begin{aligned} \frac{dx(t)}{dt} &= a_1 x(t) - a_2 x(t) y(t) \\ \frac{dy(t)}{dt} &= -b_1 y(t) + b_2 x(t) y(t) . \end{aligned}$$

SOLUCION PROPUESTA

Parte 1)

Para la solución del **modelo epidemiológico susceptible-infectado (SI)**, tuvimos en cuenta la siguiente descripción de variables:

Variable	Descripción	Unidades
$S(t)$	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 individuos	Individuos

Como fuente de datos, utilizamos la información suministrada de un archivo de registros del ébola en diferentes países entre los años 2014 a 2016 (ver anexo). En concreto, utilizamos los datos del país Sierra leone (población de 7 813 000 habitantes) en la fecha agosto 29 del 2014 en donde se brindaban registro del total de casos sospechosos, probables y confirmados junto con el total de muertes sospechosas, probables y confirmadas. Teniendo en cuenta la tasa de mortalidad del ébola en el país de Sierra leone ha sido alrededor de un 90% pues no se suministran los mejores tratamiento ni cuidados, se determinó de manera nula que, dentro de un rango estipulado de un mes (30 días) no hayan recuperados, por ende, se evaluaron los datos de la siguiente manera, todo según la fuente de datos y de las tasas calculadas.

- Población inicial infectada: 422
- Población total: 7'813,000
- Población inicial susceptible: $7'813,000 - 422 = 7812578$
- Población inicial recuperada: 0
- Tasa de contagio (beta) = $422/7'813,000 * 100000 = 5.4$ (se calculó la tasa contagios con respecto cada 100 mil habitantes)
- Tasa de recuperación: 0.4
- Tiempo: 30 días

Teniendo en cuenta dichas variables, al implementarlas en un algoritmo (ver anexo) el cual nos permite estimar el modelo epidemiológico susceptible infectado, obtuvimos el siguiente gráfico:

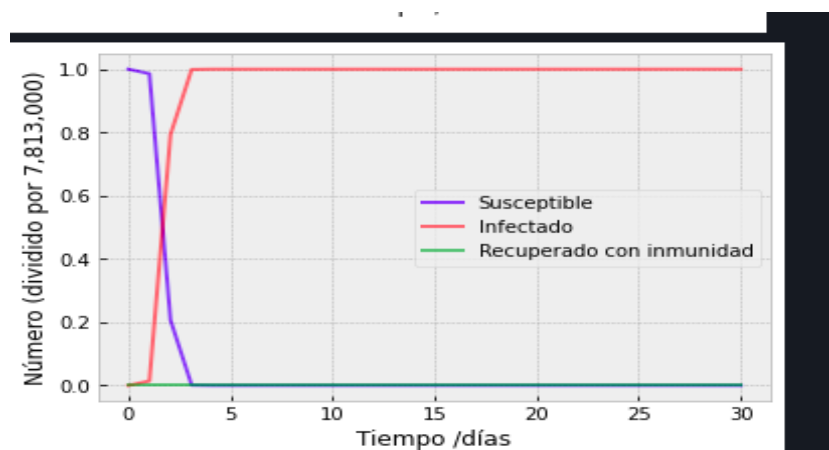


Figura 1: Representación modelo epidemiológico SI en python

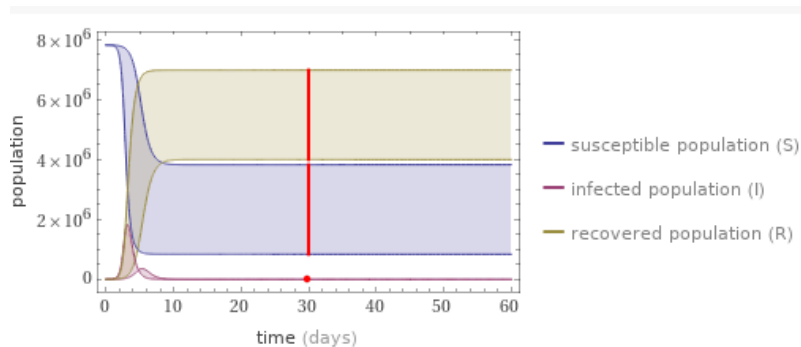


Figura 2: Representación modelo epidemiológico SI en Wolfram Apha

Para la solución del **modelo epidemiológico susceptible-infectado y recuperados (SIR)**, tuvimos en cuenta la siguiente descripción de variables (para este modelo, determinamos una cifra ficticia para la población inicial recuperada):

- Población inicial infectada: 422
- Población total: 7'813,000
- Población inicial susceptible: $7'813,000 - 422 = 7812578$
- Población inicial recuperada: 20
- Tasa de contagio (beta) = $422/7'813,000 * 100000 = 5.4$ (se calculó la tasa contagios con respecto cada 100 mil habitantes)
- Tasa de recuperación: $20/422 = 0.047$
- Tiempo: 30 días

Teniendo en cuenta dichas variables, al implementarlas en un algoritmo el cual nos permite estimar el modelo epidemiológico susceptible infectado y recuperado, obtuvimos el siguiente gráfico:

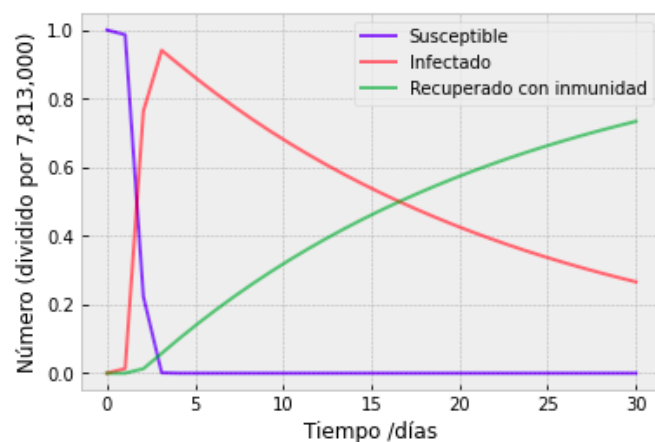


Figura 3: Representación modelo epidemiológico SIR en python

Parte 2)

	Año	Conejos	Linces
1	1900	30	4
2	1901	47	6
3	1902	70	10
4	1903	77	35
5	1904	36	59
6	1905	20	42
7	1906	18	19
8	1907	21	13
9	1908	22	8
10	1909	25	9
11	1910	27	7
12	1911	40	8
13	1912	57	12
14	1913	77	19
15	1914	52	45
16	1915	19	51
17	1916	11	30
18	1917	8	16
19	1918	15	10
20	1920	16	10

Figura 4: tabla de datos depredador - presa

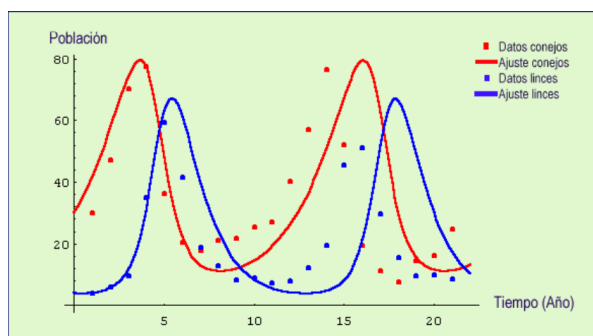


Figura 5: Ajuste de curvas de la tabla depredador - presa

Para poder llegar a la solución utilizando el método numérico de Runge – Kutta, debemos establecer las ecuaciones diferenciales de Lotka – Volterra del modelo depredador – presa. Teniendo en cuenta lo anterior, necesitamos conocer a_1 , a_2 , b_1 , b_2 , $x(0)$, $y(0)$.

En el gráfico, se puede evidenciar una serie de datos tanto para los conejos como para los linces, en este caso, vamos a representar dicho conjunto de datos como $x(t)$ para los conejos y $y(t)$ para los linces.

Empezamos tomando valores iniciales tanto para x como para y , es decir; $x(0) = 30$ y $y(0) = 4$. Para encontrar los demás parámetros necesario, necesitamos determinar los valores medios dentro de un rango de tiempo para cada uno de los conjuntos.

$$\bar{x}(t) = \frac{b_1}{b_2}, \quad \bar{y}(t) = \frac{a_1}{a_2}$$

Ahora se procede a calcular $x(t)$ y $Y(t)$ obteniendo el medio de un conjunto de datos estimados según un rango de tiempo;

- Para los conejos ($x(t)$) sumamos los datos comprendidos entre los años 1903 hasta 1913 y lo dividimos sobre la cantidad de datos el cual es 10:
 - $(77.4 + 36.3 + 20.6 + 18.1 + 21.4 + 22 + 25.4 + 27.1 + 40.3 + 57)/10 = \mathbf{34.6}$
 - **$X(t) = 34.6$**
- Para los lince ($y(t)$) sumamos los datos comprendidos entre los años 1904 hasta 1915 y los dividimos sobre la cantidad de datos el cual es 11:
 - $(59.4 + 41.7 + 19 + 13 + 8.3 + 9.1 + 7.4 + 8 + 12.3 + 19.5 + 45.7)/11 = \mathbf{22.12}$
 - **$Y(t) = 22.12$**

Ahora necesitamos estimar dos ecuaciones; a_1 y b_1 ;

- Para determinar a_1 , debemos ubicar, dentro de un año determinado, aquellos datos en el que la cantidad de conejos crezca de manera exponencial en comparación a la cantidad de lince.
 - $1910 : 1911 = 27.1 : 40.3$
 - Luego $a_1 = \ln(40.3/27.1) = 0.397$
 - (Hacemos todo este mismo procedimiento para determinar un a_2)
- Para determinar b_1 , debemos ubicar, dentro de un año determinado, aquellos datos en el que la cantidad de lince crezca de manera exponencial en comparación a la cantidad de conejos.
 - $1905 : 1906 = 41.7 : 19$
 - Luego $b_2 = \ln(19/41.7) = 0.786$
 - (Hacemos todo este mismo procedimiento para determinar un a_2)

Teniendo en cuenta que ya tenemos $x(0) = 30$, $y(0) = 4$, $a_1 = 0.4$, $a_2 = 0.018$, $b_1 = 0.8$, $b_2 = 0.023$

Podemos proceder a construir la ecuación de Lotka – Volterra:

- $X'(t) = a_1x(t) - a_2c(t)y(t)$; $x(0) = 30$ -> **$x'(t) = 0.4x(t) - 0.018x(t)y(t)$; $x(0) = 30$**
- $Y'(t) = -b_1y(t) + b_2x(t)y(t)$; $y(0) = 4$ -> **$y'(t) = -0.8y(t) + 0.023x(t)y(t)$; $y(0) = 4$**

Ya que se tienen las ecuaciones lineales pertinentes de grado 4, podemos realizar una representación formal del modelo rugen-kutta

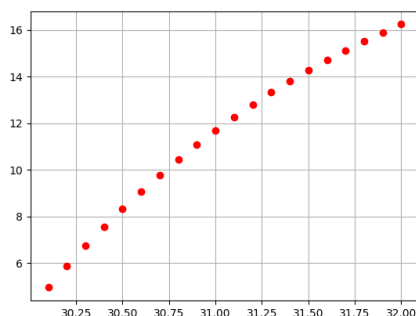


Figura 6: rugen-kutten a partir de la ecuacion $x'(t) = 0.4x(t) - 0.018 x(t)y(t)$; $x(0) = 30$

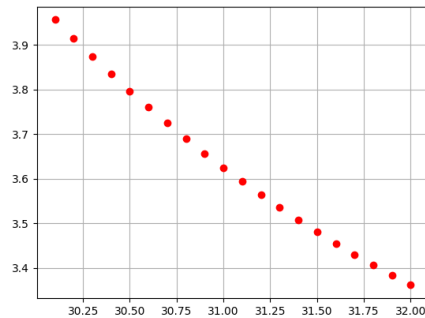


Figura 8: rugen-kutten a partir de la ecuacion $y'(t) = -0.8y(t) + 0.023x(t)y(t)$; $y(0) = 4$

REFERENCIAS

<https://1drv.ms/w/s!Amfzvl9diIDPgQsopUROB7IKbyo3?e=q4IK7M>

<https://saludata.saludcapital.gov.co/osb/index.php/datos-de-salud/enfermedades-trasmisibles/covid19/>

<https://opendata.ecdc.europa.eu/covid19/>

<https://1drv.ms/w/s!Amfzvl9diIDPgQsopUROB7IKbyo3?e=q4IK7M>

<https://www.scielosp.org/pdf/spm/v49n3/07.pdf>

http://matema.ujaen.es/jnavas/web_modelos/labiologia/practica5.pdf

http://matema.ujaen.es/jnavas/web_modelos_empresa/archivos/archivos%20pdf/laboratorio/practica8.pdf