



Universidad de Valladolid

FACULTAD DE CIENCIAS

TRABAJO FIN DE GRADO

Grado en Matemáticas

MODELIZACIÓN MATEMÁTICA DE LOS ZOMBIS

Autor: David Faget Caño
Tutor: Jorge Mozo Fernández
2022/2023

Resumen

La historia de la humanidad está marcada por grandes epidemias como por ejemplo la Peste Negra (1347-1351), que provocó de 75 a 200 millones de muertes. No obstante, el estudio de la propagación de enfermedades sigue siendo un tema de actualidad, como atestigua la reciente pandemia provocada por el COVID-19. Dicho estudio se realiza mediante modelos matemáticos, que pueden llegar a ser muy complejos. En este trabajo estudiaremos la evolución de una invasión zombi, cuyas características son muy similares a las de una enfermedad tradicional. Para ello, estableceremos varios modelos matemáticos que nos permitirán contestar a la siguiente pregunta: ¿podremos sobrevivir a una invasión zombi o, por el contrario, los zombis se apoderarán del planeta?

Abstract

The history of mankind is marked by major epidemics such as the Black Death (1347-1351), which caused 75 to 200 million deaths. However, the study of the spread of diseases is still a topical issue, as the recent pandemic caused by COVID-19 testifies. This study is carried out by means of mathematical models, which can be very complex. In this paper we will study the evolution of a zombie invasion, whose characteristics are very similar to those of a traditional disease. To do so, we will establish several mathematical models that will allow us to answer the following question: can we survive a zombie invasion or, on the contrary, will the zombies take over the planet?

Índice general

Resumen	III
Abstract	V
1. Herramientas matemáticas para el estudio de una invasión zombi	1
1.1. Preliminares de ecuaciones diferenciales	1
1.2. Resolución numérica de sistemas de ecuaciones diferenciales	10
1.3. El número básico de reproducción	13
2. Modelos para una invasión zombi	17
2.1. El modelo depredador-presa	17
2.1.1. Formulación del modelo	17
2.1.2. Cálculo explícito de las órbitas del modelo	19
2.1.3. Estudio de un caso concreto	21
2.2. El modelo SIR convencional	24
2.2.1. Formulación del modelo	24
2.2.2. Estudio del modelo	25
2.2.3. Estudio de un caso concreto	29
2.3. El modelo SIR con dinámica vital	31
2.3.1. Formulación del modelo	31
2.3.2. Estudio del modelo	32

2.3.3. Estudio de un caso concreto	35
2.4. El modelo SEIR con dinámica vital y vacunación	37
2.4.1. Formulación del modelo	37
2.4.2. Estudio del modelo	38
2.4.3. Cálculo del número básico de reproducción	40
2.4.4. Estudio de un caso concreto	42
2.5. Modelos no deterministas	43
2.5.1. Introducción y formulación de los modelos estocásticos	43
2.5.2. Simulación con R y estudio de un caso concreto	44
A. Código MATLAB	47
Bibliografía	53

Capítulo 1

Herramientas matemáticas para el estudio de una invasión zombi

Vamos a comenzar exponiendo los resultados teóricos necesarios para el posterior estudio de la invasión zombi. A pesar de su aparente carácter lúdico, el lector podrá comprobar que este estudio tiene una estrecha relación con diversas asignaturas del Grado en Matemáticas, principalmente con *Matemática Aplicada a las Ciencias Naturales y Sociales*, *Ecuaciones Diferenciales*, *Solución Numérica de Ecuaciones Diferenciales* y *Procesos Estocásticos*, aunque también son necesarios conocimientos básicos de álgebra lineal y análisis matemático.

1.1. Preliminares de ecuaciones diferenciales

Sea $\Omega \subset \mathbb{R}^n$ abierto y f una función de Ω en \mathbb{R}^n localmente lipschitziana (concepto que definimos a continuación). Consideramos en este trabajo sistemas de ecuaciones diferenciales de primer orden autónomos escritos en forma normal $x' = f(x)$.

Definición 1. Una función f de Ω en \mathbb{R}^n se dice que es **lipschitziana** en Ω si existe una constante K tal que $|f(y) - f(x)| \leq K|y - x|$ para todo par x, y de Ω . En este caso, K es una **constante de Lipschitz** para f . Más generalmente, se dice que f es **localmente lipschitziana** si todo punto de Ω posee un entorno Ω_0 en Ω tal que la restricción $f|_{\Omega_0}$ es lipschitziana.

Es importante destacar que, en la definición anterior, la constante de Lipschitz de $f|_{\Omega_0}$ puede variar con Ω_0 . Proporcionamos ahora la siguiente definición:

Definición 2. Llamaremos **punto de equilibrio** o **punto crítico** del sistema diferencial $x' = f(x)$ a los puntos p tales que $f(p) = 0$.

Definición 3. Supongamos que p es un punto de equilibrio de $x' = f(x)$, siendo f una función de Ω en \mathbb{R}^n localmente lipschitziana. Sea $x(t)$ una solución del sistema, esto es, tal que $\frac{dx}{dt} = f(x(t))$. Bajo estas condiciones,

- diremos que p es **estable** si se cumple la siguiente condición:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists \delta > 0 : |x(0) - p| < \delta \Rightarrow |x(t) - p| < \varepsilon, \quad \forall t \geq 0.$$

- Además, diremos que p es **asintóticamente estable** si es estable y además δ puede elegirse tal que $\lim_{t \rightarrow \infty} \|x(t) - p\| = 0$.
- Por último, diremos que p es **inestable** si no es estable.

Podemos interpretar esta última definición de una manera más intuitiva y visual. En efecto, nos dice que un punto crítico es estable si toda solución que comience cerca de él, permanece cerca del mismo. Si dicha solución se aproxima al punto crítico cuando t tiende a $+\infty$, entonces éste es asintóticamente estable. Por último, el equilibrio será inestable si existe al menos una solución que comienza cerca de él, pero no permanece cerca para todo $t > 0$.

Ejemplo. Consideramos la ecuación escalar de primer orden autónoma $x' = f(x)$, con $f(x) = (x - 2)(x + 2)$. Sus puntos críticos son $p_1 = 2$ y $p_2 = -2$. Nótese que, para simplificar la escritura, obviamos escribir $x(t)$, escribiendo en su lugar solamente x . Vamos a analizar la estabilidad de p_1 y p_2 mediante un análisis gráfico. Podemos evaluar el valor de la pendiente de $x(t)$ en cada punto (t, x) sin más que sustituir el valor correspondiente en el lado derecho de la expresión que define la ecuación diferencial. Nótese también que, al ser una ecuación diferencial autónoma (esto es, no depende explícitamente de t), una vez fijado x , la pendiente será la misma para todo t . En la figura 1.1 (realizada con GeoGebra), se muestra el campo de direcciones asociado a $x' = (x - 2)(x + 2)$ en el plano (t, x) . Observamos que las soluciones que comienzan cerca de $p_2 = -2$ se acercan a este punto al aumentar t . Deducimos entonces que p_2 es asintóticamente estable. Por otra parte, el punto $p_1 = 2$ es inestable ya que todas las soluciones que comienzan cerca de él se alejan al aumentar t .

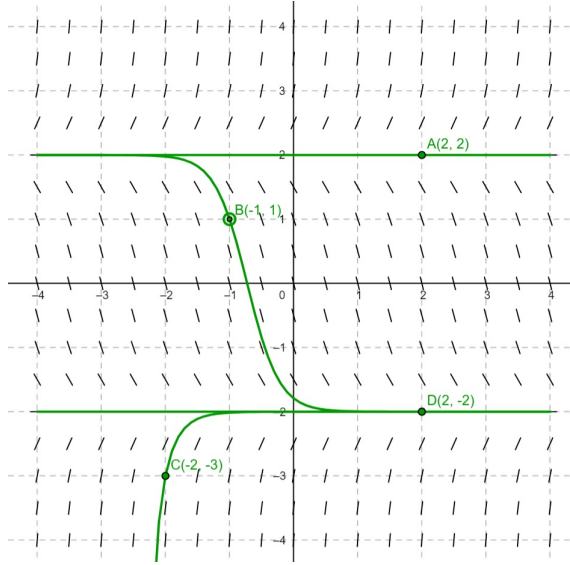
Se tiene el siguiente resultado, necesario para la demostración del importante teorema que enunciaremos posteriormente.

Lema 1. Sea A un operador en \mathbb{R}^n y supongamos $Re(\lambda) < \beta$ para todo autovalor λ de A . Entonces \mathbb{R}^n tiene una base tal que los correspondientes producto interior y norma satisfacen:

$$\langle Ax, x \rangle \leq -\beta |x|^2, \quad \forall x \in \mathbb{R}^n$$

Antes de proporcionar la demostración de este Lema, conviene especificar que, en este trabajo, pensaremos en los operadores como matrices. Además, el Lema 1 se puede enunciar y demostrar en un espacio E cualquiera, no tiene por qué ser \mathbb{R}^n , pero no es necesario para este trabajo. También conviene precisar la definición de operador semisimple. Ésta generaliza el concepto de operador diagonalizable.

Figura 1.1: Campo de direcciones de $x' = (x - 2)(x + 2)$



Definición 4. Una matriz A con coeficientes en un cuerpo conmutativo K se llama **semi-simple** sobre K si todo subespacio invariante por A tiene un subespacio complementario invariante por A .

Ya estamos en condiciones de demostrar el Lema 1.

Demostración del Lema 1. Sea $c \in \mathbb{R}$ tal que $\operatorname{Re}(\lambda) < c < \beta$ para todo autovalor λ de A . Vamos a separar dos casos: primero supondremos que A es semisimple y después supondremos que no lo es.

Sea entonces A un operador semisimple sobre \mathbb{R}^n . Entonces, por la definición de operador semisimple, \mathbb{R}^n tiene una descomposición en suma directa

$$\mathbb{R}^n = E_1 \oplus \dots \oplus E_r \oplus F_1 \oplus \dots \oplus F_s$$

donde cada E_j es un subespacio unidimensional engendrado por un autovector e_j de A correspondiente a un autovalor real λ_j ; y cada F_k es un subespacio bidimensional invariante por A , que tiene una base $\{f_k, g_k\}$. Si $a_k + ib_k$ es un autovalor de A , entonces la restricción $A|_{F_k}$ tiene asignada la matriz

$$\begin{bmatrix} a_k & -b_k \\ b_k & a_k \end{bmatrix}$$

Por hipótesis, la parte real de todos los autovalores de A ha de ser menor que c , luego:

$$\lambda_j < c, \quad a_k < c$$

Se dota \mathbb{R}^n del producto interior definido por

$$\langle e_i, e_j \rangle = \langle f_i, f_j \rangle = \langle g_i, g_j \rangle = \delta_{ij} = \begin{cases} 0 & \text{si } i \neq j \\ 1 & \text{si } i = j \end{cases}$$

(δ_{ij} se llama Delta de Kronecker). Operando se tiene entonces

$$\langle Ae_j, e_j \rangle = \lambda_j < c, \quad \langle Af_k, f_k \rangle = a_k < c$$

y resulta que

$$\langle Ax, x \rangle \leq c|x|^2$$

para todo $x \in \mathbb{R}^n$, según pretendíamos demostrar.

Sea ahora A un operador que no es semisimple. En primer lugar consideramos en \mathbb{R}^n una base tal que A está representado por una matriz en forma canónica real

$$A = \text{diag} \{A_1, \dots, A_p\}$$

donde cada A_j tiene la forma siguiente (que denotamos por (F1)):

$$\begin{bmatrix} \alpha_j & & & & \\ 1 & \cdot & & & \\ & \cdot & \cdot & & \\ & & \cdot & \cdot & \\ & & & 1 & \alpha_j \end{bmatrix}$$

o bien (denotada por (F2)):

$$\begin{bmatrix} D_j & & & & \\ I & \cdot & & & \\ & \cdot & \cdot & & \\ & & \cdot & \cdot & \\ & & & I & D_j \end{bmatrix}$$

siendo I la matriz identidad de orden 2, y con

$$D_j = \begin{bmatrix} \alpha_k & -\beta_k \\ \beta_k & \alpha_k \end{bmatrix}$$

Si damos al subespacio E_j de \mathbb{R}^n , correspondiente al bloque A_j , una base que satisface el lema para A_j , entonces el conjunto de esas bases satisface el lema para A . Por tanto, podemos suponer que A consta de un sólo bloque.

Para el tipo de bloque (F1), podemos poner $A = S + N$, donde S es la matriz $\alpha_j I$ y N la matriz bidiagonal inferior con unos en la diagonal secundaria, es decir:

$$N = \begin{bmatrix} 0 & & & & \\ 1 & 0 & & & \\ & \cdot & \cdot & & \\ & & \cdot & \cdot & \\ & & & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

Así pues, los vectores $\{e_1, \dots, e_n\}$ de la base son autovectores de S , y se tiene que

$$\begin{aligned} Ne_1 &= e_2 \\ &\vdots \\ Ne_{n-1} &= e_n \\ Ne_n &= 0 \end{aligned}$$

Sea $\epsilon > 0$ muy pequeño y consideremos una nueva base

$$B_\epsilon = \left\{ e_1, \frac{1}{\epsilon} e_2, \dots, \frac{1}{\epsilon^{n-1}} e_n \right\} = \{\bar{e}_1, \dots, \bar{e}_n\}$$

que también está compuesta de autovectores de S , pero ahora

$$\begin{aligned} N\bar{e}_1 &= \epsilon \bar{e}_2 \\ N\bar{e}_2 &= \epsilon \bar{e}_3 \\ &\vdots \\ N\bar{e}_{n-1} &= \epsilon \bar{e}_n \\ N\bar{e}_n &= 0 \end{aligned}$$

Por consiguiente, la matriz de A respecto a B_ϵ , denotada por M , es:

$$M = \begin{bmatrix} \alpha_j & & & & \\ \epsilon & & & & \\ & \ddots & & & \\ & & \ddots & & \\ & & & \ddots & \\ & & & & \epsilon & \alpha_j \end{bmatrix}$$

Denotemos por $\langle x, y \rangle_\epsilon$ el producto interior correspondiente a B_ϵ . Considerando la matriz M , se tiene

$$\frac{\langle Ax, x \rangle_\epsilon}{\langle x, x \rangle_\epsilon} \rightarrow \frac{\langle Sx, x \rangle}{|x|^2} \text{ cuando } \epsilon \rightarrow 0$$

Por lo tanto, si ϵ es suficientemente pequeño, la base B_ϵ satisface el lema para un bloque (F1). El caso de un bloque (F2) es análogo. Esto completa la demostración del lema.

□

Teorema 1. *Sea p un punto de equilibrio del sistema diferencial $x' = f(x)$, con f una función localmente lipschitziana de clase, al menos, C^1 . Sea $A = J(p)$, donde $J(p)$ es la matriz Jacobiana de f en el punto p . Entonces:*

1. *Si $\text{Re}(\lambda) < 0$ para cada autovalor λ de A , entonces p es asintóticamente estable.*
2. *Si existe un autovalor λ de A con $\text{Re}(\lambda) > 0$, entonces p es inestable.*

Demostración. En toda la demostración, supondremos $p = 0$, reemplazando $f(x)$ por $f(x-p)$ en otro caso.

DEMOSTRACIÓN DE 1

Vamos a demostrar 1, suponiendo que cada autovalor tiene parte real menor que $-c$, siendo $c > 0$. El objetivo es probar que existe un entorno U de $p = 0$ tal que una solución $z_t(x)$ está definida y pertenece a U para todo $x \in U$, $t > 0$ y que además, para cualquier norma en \mathbb{R}^n existe una constante $B > 0$ tal que

$$|z_t(x) - p| \leq B e^{-tc} |x - p|$$

para todo $x \in U$, $t \geq 0$. De aquí podremos deducir que p es asintóticamente estable, pues en particular $z_t(x)$ tenderá a p cuando $t \rightarrow \infty$ para todo $x \in U$.

Si elegimos $b > 0$ tal que las partes reales de los autovalores de A sean menores que $-b < -c$, deducimos a partir del Lema 1 que \mathbb{R}^n posee una base cuyas correspondientes norma y producto interior satisfacen

$$\langle Ax, x \rangle \leq -b|x|^2, \quad \forall x \in \mathbb{R}^n$$

Puesto que $A = J(0)$ y $f(0) = 0$, a partir de la definición de derivada deducimos que:

$$\lim_{x \rightarrow 0} \left(\frac{|f(x) - Ax|}{|x|} \right) = 0$$

Aplicando la desigualdad de Cauchy, se obtiene $\langle f(x) - Ax, x \rangle \leq |f(x) - Ax||x|$, y por tanto:

$$\lim_{x \rightarrow 0} \left(\frac{\langle f(x) - Ax, x \rangle}{|x|^2} \right) \leq \lim_{x \rightarrow 0} \left(\frac{|f(x) - Ax|}{|x|} \right) = 0$$

de donde inferimos que el límite del miembro de la izquierda también es nulo. Por consiguiente, existe un $\delta > 0$ tal que si $|x| \leq \delta$, entonces $x \in U$ y

$$\langle f(x), x \rangle \leq -c|x|^2$$

Vamos a poner $U = \{x \in \mathbb{R}^n : |x| \leq \delta\}$. Sea ahora $x(t)$ una curva solución, con $0 \leq t \leq t_0$ y $x(t) \neq 0$ y tal que $x(0) \in U$. Se tiene

$$\frac{d}{dt}|x| = \frac{1}{|x|} \langle x', x \rangle$$

y puesto que $x' = f(x)$, tenemos

$$\frac{d}{dt}|x| \leq -c|x|.$$

Como el miembro de la derecha es negativo, deducimos que $|x(t)|$ es decreciente, lo que implica que $|x(t)| \in U$ para todo $t \in [0, t_0]$. Por la compacidad de U , concluimos que la trayectoria de $x(t)$ está definida y permanece en U para todo $t \geq 0$. Esta última afirmación está demostrada en la Sección 5 del Capítulo 8 del libro [5] de la bibliografía, que trata sobre

la teoría de prolongación de soluciones. La expresión $x(t) = -ce^{-tc}|x(0)|$ es solución de la ecuación diferencial $\frac{d}{dt}|x| = -c|x|$. Por lo anterior, se cumple:

$$|x(t)| \leq e^{-tc}|x(0)|$$

De aquí se deduce lo que queríamos demostrar, sin más que tener en cuenta la equivalencia de normas.

DEMOSTRACIÓN DE 2

A continuación, vamos a demostrar 2. Supongamos que algún autovalor tiene parte real positiva, y vamos a probar que entonces p no es estable. Por la teoría sobre formas canónicas (estudiada en la asignatura Álgebra y Geometría Lineales II), sabemos que \mathbb{R}^n admite una descomposición $E_1 \oplus E_2$ invariante por $A = J(0)$, tal que los autovalores de $G_1 = A|_{E_1}$ tienen parte real positiva, mientras que los de $G_2 = A|_{E_2}$ tienen todos parte real negativa o nula.

Sea $a > 0$ tal que todo autovalor de G_1 tiene parte real $> a$. Existe por lo tanto una norma euclídea en E_1 tal que

$$\langle G_1 x, x \rangle \geq a|x|^2, \quad \forall x \in E_1.$$

Análogamente, tomando b con $0 < b < a$ existe una norma euclídea en E_2 cumpliendo

$$\langle G_2 y, y \rangle < b|y|^2, \quad \forall y \in E_2.$$

Ahora tomamos en $E_1 \oplus E_2$ el producto interior dado por la suma directa de esos productos interiores en E_1 y E_2 , y consideramos también las normas asociadas a dichos productos directos en E_1, E_2, \mathbb{R}^n . Si $z = (x, y) \in E_1 \oplus E_2$, entonces $|z| = (|x|^2 + |y|^2)^{1/2}$.

Empleamos el desarrollo de Taylor de f alrededor de 0:

$$f(x, y) = (G_1 x + R(x, y), G_2 y + S(x, y)) = (f_1(x, y), f_2(x, y))$$

con

$$(x, y) = z; \quad (R(x, y), S(x, y)) = Q(z).$$

Por consiguiente, dado un $\varepsilon > 0$, existe un $\delta > 0$ tal que si $U = B(0, \delta)$,

$$|Q(z)| \leq \varepsilon|z| \quad \forall z \in U.$$

Definimos el cono $C = \{(x, y) \in E_1 \oplus E_2 : |x| \geq |y|\}$. Para poder completar la demostración del teorema, es necesario enunciar el siguiente resultado (cuya sencilla demostración se puede encontrar en el libro [5]).

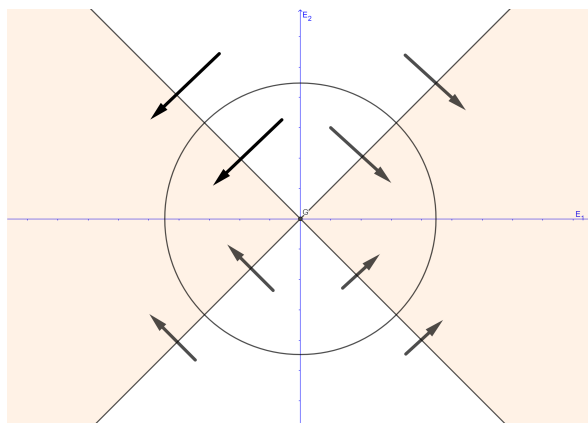
Lema 2. Existe $\delta > 0$ tal que si U es la bola cerrada $B(\delta, 0) \subset W$, entonces para todo $z = (x, y) \in C \cap U$, se cumplen las dos siguientes condiciones:

- $\langle x, f_1(x, y) \rangle - \langle y, f_2(x, y) \rangle > 0$ si $x \neq 0$.
- Existe $\alpha > 0$ con $\langle f(z), z \rangle \geq \alpha|z|^2$.

Vamos a interpretar ambas condiciones, empezando por la primera.

INTERPRETACIÓN DE LA PRIMERA CONDICIÓN:

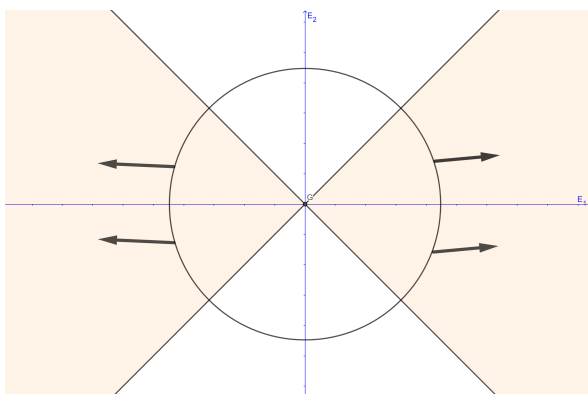
El objetivo es probar que ninguna solución que comience en C puede salir de C antes de que salga de U . La figura siguiente, realizada con GeoGebra, ilustra esta idea (el cono C está coloreado en naranja).



Sea $g : E_1 \times E_2 \rightarrow \mathbb{R}$ dada por $g(x, y) = \frac{1}{2}(|x|^2 - |y|^2)$. Esta función es C^1 , y cumple que $g^{-1}[0, \infty) = C$ y $g^{-1}(0)$ es la frontera de C . Sea ahora $(x, y) = z \in U$, y $z(t)$ una solución en U que pasa a través de la frontera de C . Por la regla de la cadena, $(d/dt)(g(z(t))) = J_g(z(t))f(z(t))$. Veamos que g es creciente sobre $z(t)$. Para ello, es suficiente observar que $J_g(z)(f(z)) = J_g(x, y)(f_1(x, y), f_2(x, y)) = \langle x, f_1(x, y) \rangle - \langle y, f_2(x, y) \rangle$ que será positivo si $z \in g^{-1}(0)$. Queda así probado el objetivo de la primera condición.

INTERPRETACIÓN DE LA SEGUNDA CONDICIÓN:

Primeramente, esta condición tiene una interpretación geométrica: cada vector de $f(z)$ en $z \in C$ apunta hacia el exterior de la esfera centrada en 0 y que pasa por z . Lo ilustramos en la siguiente figura, también realizada con GeoGebra:



Sin embargo, esta condición también tiene una importante implicación cuantitativa. Si $z = z(t)$ es una curva solución en $C \cap U$, entonces:

$$\langle f(z), z \rangle = \langle z', z \rangle = \frac{1}{2} \frac{d}{dt} |z|^2$$

con lo que esta segunda condición implica

$$\frac{1}{2} \frac{d}{dt} |z|^2 \geq \alpha |z|^2$$

y por consiguiente

$$\frac{d/dt |z|^2}{|z|^2} \geq 2\alpha.$$

Ahora, la expresión de la izquierda se puede reescribir como $\frac{d}{dt} \ln |z|^2$, lo que nos lleva a la desigualdad

$$\ln |z(t)|^2 \geq 2\alpha t + \ln |z(0)|^2$$

y por tanto

$$|z(t)| \geq e^{2\alpha t} |z(0)|.$$

lo que nos permite concluir que toda solución no trivial $z(t)$ que comienza en $C \cap U$ se aleja exponencialmente de 0 siempre y cuando esté definida y en $C \cap U$.

CONCLUSIÓN:

En el caso en el que $y(t)$ no esté definida para todo $t \geq 0$, entonces (por la teoría de prolongación de soluciones ya mencionada anteriormente) ha de salir del compacto $C \cap U$, y por tanto ha de salir de U , según vimos antes. Ahora, si $y(t)$ está definida para todo t , también saldrá de U pues U es la bola de radio δ y se cumple $e^{\alpha t} |z(0)| > \delta$ para t grande. Se deduce que existen soluciones que comienzan arbitrariamente cerca de 0 y que salen de U , lo que prueba la inestabilidad del punto $p = 0$.

□

A continuación, vamos a presentar otro método para estudiar la estabilidad de puntos críticos. Fue ideado por el matemático e ingeniero ruso A.M. Liapunov, en su tesis doctoral de 1892.

Teorema 2. (*Estabilidad de Liapunov*) Sea p un punto de equilibrio de $x' = f(x)$. Sea $V : U \rightarrow \mathbb{R}$ una función continua definida en un entorno U de p , derivable en $U \setminus \{p\}$, tal que

1. $V(p) = 0$ y $V(x) > 0$ si $x \neq p$;
2. $\dot{V} = \nabla V \cdot f(x) \leq 0$ en $U \setminus \{p\}$;
3. $\dot{V} < 0$ en $U \setminus \{p\}$.

Si se cumplen (1) y (2), entonces p es estable. Si además se cumple (3), entonces p es asintóticamente estable.

Una función V que satisface (1) y (2) se llama **función de Liapunov** para p . Si se verifica también (3), se dice que V es una función de Liapunov **estricta** (en este caso, p ha de ser un punto crítico aislado). Es interesante comentar que no existe un método definitivo para encontrar funciones de Liapunov, ya que cada caso es distinto. Muchas veces se hallan a base de prueba y error.

Demostración. (Teorema de Estabilidad de Liapunov)

En primer lugar, tomamos $\delta > 0$ lo suficientemente pequeño para que la bola cerrada $B(p, \delta)$ centrada en p y de radio δ , esté contenida en U . Sea α el valor mínimo de V sobre la frontera de dicha bola. En concreto, la frontera de $B(p, \delta)$ es la superficie esférica $S(p, \delta)$. Por (1), deducimos que $\alpha > 0$.

Definimos ahora el conjunto $U_1 = \{x \in B(p, \delta) : V(x) < \alpha\}$, que es un abierto no vacío. Como, por (b), V no es creciente sobre las curvas solución, entonces ninguna solución que comienza en U_1 puede alcanzar $S(p, \delta)$. Por consiguiente, toda solución que comienza en U_1 nunca sale de $B(p, \delta)$. Esto prueba la estabilidad de p .

Supongamos ahora que también se cumple (3), es decir, que V es estrictamente decreciente sobre las órbitas en $U \setminus \{p\}$. Veamos que entonces p es asintóticamente estable. Sea $x(t)$ una solución que comienza en $U_1 \setminus \{p\}$. Como $B(p, \delta)$ es un conjunto compacto, podemos suponer que $x(t_n) \rightarrow z_0 \in B(p, \delta)$ para cierta sucesión $t_n \rightarrow \infty$. Veamos ahora que ha de ser $z_0 = p$. Como $V(x(t))$ decrece y $V(x(t_n)) \rightarrow V(z_0)$ por la continuidad de V , se tiene que $V(x(t_n)) > V(z_0)$ para todo $t \geq 0$. Razonemos ahora por reducción al absurdo, suponiendo que $z_0 \neq p$. Sea entonces $z(t)$ la solución que comienza en z_0 . Para cualquier $s > 0$, se tiene $V(z(s)) < V(z_0)$. Entonces, para toda solución $y(s)$ que comienza suficientemente cerca de z_0 , se tiene

$$V(y(s)) < V(z_0).$$

Poniendo $y(0) = x(t_n)$, resulta la contradicción

$$V(x(t_n + s)) < V(z_0).$$

Por lo tanto, $z_0 = p$. Esto prueba que p es el único punto de acumulación posible del conjunto $\{x(t) : t \geq 0\}$ (no perteneciente al propio conjunto). Se concluye entonces que p es asintóticamente estable. \square

1.2. Resolución numérica de sistemas de ecuaciones diferenciales

En primer lugar, proporcionamos la siguiente definición:

Definición 5. Un **problema de valor inicial** es una ecuación diferencial $x'(t) = f(t, x(t))$ con $f: \Omega \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ donde Ω es un conjunto abierto $\mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$, junto con un punto en el dominio de $f(t_0, x_0) \in \Omega$, llamada la **condición inicial**.

En general, salvo en muy contadas ocasiones, no es posible hallar una expresión analítica para la solución $x(t)$ del problema de valores iniciales, y hay que recurrir a técnicas numéricas

para obtener aproximaciones x_n a dicha solución en una sucesión creciente de tiempos t_n , $n = 1, 2, 3, \dots$

En este trabajo nos centraremos en la familia de métodos de Runge-Kutta (RK), aunque no son los únicos (existen otras familias de métodos como los métodos lineales multipaso, pero su estudio excede los contenidos de este trabajo). No profundizaremos demasiado en esta sección puesto que el contenido aquí presentado ya se ha estudiado en detalle en la asignatura *Solución Numérica de Ecuaciones Diferenciales*.

Un método RK general de s etapas es un método de un paso definido por las ecuaciones

$$\begin{aligned}\mathbf{x}_{n+1} &= \mathbf{x}_n + h \sum_{i=1}^s b_i \mathbf{f}(t_n + c_i h, \mathbf{Y}_i), \\ \mathbf{Y}_i &= \mathbf{x}_n + h \sum_{j=1}^s a_{ij} \mathbf{f}(t_n + c_i h, \mathbf{Y}_j), \quad i = 1, \dots, s\end{aligned}$$

El método depende de los parámetros b_i, c_i, a_{ij} , con $i, j = 1, \dots, s$, que se reúnen en el **tablero de Butcher**

$$\begin{array}{c|cccc} c_1 & a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1s} \\ c_2 & a_{21} & a_{22} & \cdots & a_{2s} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ c_s & a_{s1} & a_{s2} & \cdots & a_{ss} \\ \hline & b_1 & b_2 & \cdots & b_s \end{array} = \frac{\mathbf{c}}{\mathbf{b}^T} \bigg| \frac{A}{\mathbf{b}^T}$$

donde hemos introducido los vectores $\mathbf{b} = [b_1, \dots, b_s]^T$, $\mathbf{c} = [c_1, \dots, c_s]^T$, y la matriz $A = (a_{ij})_{i,j=1}^s$ de tamaño $s \times s$ para escribir de forma más compacta el tablero.

En este trabajo nos interesa la forma en la que se implementan estos métodos en los programas como MATLAB, así que haremos una breve introducción. Como hemos visto, un método RK calcula aproximaciones en tiempos t_n , con $t_{n+1} = t_n + h$, siendo h la **longitud de paso**. En la práctica, esta longitud de paso ha de adaptarse a la ecuación que estamos considerando, pues una longitud de paso fija es ineficiente. En efecto, si un problema presenta poca variabilidad entre dos instantes de tiempo, entonces esta longitud de paso puede ser relativamente grande, pues el error de aproximación seguirá siendo pequeño. Sin embargo, entre dos instantes en los que el problema presente mucha variabilidad, interesa calcular aproximaciones en nodos más cercanos con el fin de que la aproximación se ajuste mejor a la realidad. Esto se conoce como una implementación de **paso variable**.

Vamos a presentar aquí un método Runge-Kutta de paso variable implementado por defecto en MATLAB, que usaremos en repetidas ocasiones en este trabajo. Se trata de la función Ode23, y vamos a explicar brevemente cuál es su funcionamiento (aunque lo presentado a continuación es similar para cualquier método de paso variable y para otras funciones

de MATLAB como Ode45). Pese a que por norma general la función Ode45 es más precisa que Ode23, esta última es ligeramente más sencilla, y aproxima lo suficientemente bien las soluciones de las ecuaciones diferenciales que manejaremos en este trabajo. La función Ode23 parte de dos métodos RK clásicos que difieren únicamente en el vector \mathbf{b} . Los representamos en el siguiente tablero de Butcher, donde los huecos vacíos de la matriz A (la parte superior derecha del tablero) son 0:

0				
$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$			
$\frac{3}{4}$	0	$\frac{3}{4}$		
$\frac{1}{4}$	$\frac{2}{9}$	$\frac{1}{3}$	$\frac{4}{9}$	
1	$\frac{2}{9}$	$\frac{1}{3}$	$\frac{4}{9}$	0
	$\frac{7}{24}$	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{3}$	$\frac{1}{8}$

Si denotamos respectivamente por \mathbf{b} y \mathbf{b}^* a los vectores de abajo, entonces las ecuaciones que definen el método son:

$$k_i = f \left(t_n + c_i h, x_n + h \sum_{j=1}^{i-1} a_{ij} k_j \right), \quad 1 \leq i \leq s.$$

$$x_{n+1} = x_n + h_n \sum_{i=1}^s b_i k_i$$

$$x_{n+1}^* = x_n + h_n \sum_{i=1}^s b_i^* k_i.$$

La idea es estimar el error local a partir de estas dos aproximaciones y así poder ajustar la longitud de paso en cada etapa. Sin entrar en muchos detalles, este estimativo del error local está dado por

$$EST = h \sum_{i=1}^s (b_i - b_i^*) k_i$$

A partir de este estimativo, el método calcula la longitud de paso óptima en cada etapa, tras haber fijado una tolerancia TOL . Para Ode23, la fórmula que permite hallar la nueva longitud de paso óptima es:

$$h_{\text{opt}} = h \cdot \left(\frac{TOL}{\|EST\|} \right)^{\frac{1}{3}}$$

Así pues, esta función es un método muy eficiente para calcular la solución numérica de sistemas de ecuaciones diferenciales que pueden llegar a ser muy complicados.

1.3. El número básico de reproducción

En esta sección, vamos a introducir un concepto muy importante en epidemiología. Se trata del **número básico de reproducción** (o ritmo reproductivo básico) de una infección (denotado por \mathbb{R}_0), que es el número promedio de casos nuevos que genera un caso dado a lo largo de un período infeccioso. Si bien es cierto que fue inicialmente introducido por Alfred Lotka, Ronald Ross y otros, su primera aplicación moderna se debe al físico británico George MacDonald, que en 1952 construyó modelos epidemiológicos de la propagación de la malaria. La importancia de este número es que si $\mathbb{R}_0 < 1$, entonces la infección desaparece tras un largo periodo. En cambio, si $\mathbb{R}_0 > 1$, entonces la infección causará infecciones secundarias y, por consiguiente, una epidemia. En nuestros modelos para invasiones zombi, este parámetro será crucial para responder a la pregunta central del trabajo: ¿sobrevivirán los humanos a la invasión zombi?

Sin embargo, el cálculo del ritmo reproductivo básico puede llegar a ser muy difícil y engañoso. En efecto, la estimación inicial de este número puede llevar a decisiones políticas con gran influencia, y un error en el cálculo de \mathbb{R}_0 puede tener grandes consecuencias. Además, este número puede variar entre ubicaciones geográficas, aunque sean vecinas.

Un ejemplo de esto último fue lo que sucedió en México y Estados Unidos en 2009 con el virus H1N1. El 24 de abril del 2009, la Secretaría de Salud de México decretó el cierre obligatorio de los colegios de la ciudad de México ya que el \mathbb{R}_0 estimado inicialmente era aproximadamente igual a 2. Puesto que en México funcionó esta medida y se consiguió reducir esta cifra, Estados Unidos también la aplicó en sus estados del sur fronterizos con el país azteca (Texas llegó a cerrar hasta 800 escuelas). No obstante, esta medida duró solo unos días ya que se demostró ineficiente al ser $\mathbb{R}_0 < 1$ en estos estados. Esto ilustra la complejidad y variabilidad del número básico de reproducción.

A continuación, presentaremos una técnica para calcular este número en los modelos deterministas: el **método de la siguiente generación**. En este trabajo, solo lo usaremos para hallar el número básico de reproducción del modelo SEIR con dinámica vital y vacunación, pues en los demás modelos el cálculo es mucho más sencillo y no es necesario este procedimiento.

Vamos a motivar este método. La estructura típica del número básico de reproducción es:

$$\mathbb{R}_0 = (\text{tasa de infecciones causadas por cada individuo})(\text{duración de la infección})$$

En la gran mayoría de modelos, el parámetro considerado es la tasa de recuperación. Su inverso proporcionará la duración de la infección. Por tanto, de forma general, podemos establecer la siguiente estructura para \mathbb{R}_0 :

$$\mathbb{R}_0 = (\text{tasa de infecciones causadas por cada individuo})(\text{tasa de recuperación por individuo})^{-1}$$

El método de la siguiente generación extiende esta idea a matrices. Veámoslo.

El punto de partida son las ecuaciones del sistema que describen la producción de nuevas infecciones y los cambios entre estados de individuos infectados. Llamaremos **subsistema infectado** a este conjunto de ecuaciones. El primer paso es linearizar este subsistema infectado en torno al punto de equilibrio libre de enfermedad. Denotemos por L la matriz del sistema resultante (en otros términos, L es la matriz Jacobiana del subsistema infectado evaluada en el punto libre de enfermedad). Esta matriz se puede escribir en la forma $L = F + V$, donde F es la matriz de **transmisión** (en ella se almacenan las tasas de infección) y V es la matriz de **transición** (en ella se almacenan las demás tasas de cambio entre las clases consideradas, incluyendo las tasas de fallecimiento y de adquisición de inmunidad). Bajo estas condiciones, enunciamos la siguiente definición:

Definición 6. La **matriz de la siguiente generación** es $K = -FV^{-1}$

Definición 7. Si $\lambda_1 \dots, \lambda_s$ son los valores propios (reales o complejos) de una matriz $K \in \mathbb{C}^{n \times n}$, entonces su **radio espectral** $\rho(K)$ se define como:

$$\rho(K) := \max_i (|\lambda_i|)$$

La siguiente definición alternativa permite calcular \mathbb{R}_0 :

Definición 8. Sea $K = -FV^{-1}$ la matriz de la siguiente generación. El **número básico de reproducción** \mathbb{R}_0 se define como el radio espectral de la matriz de la siguiente generación. Es decir, $\mathbb{R}_0 := \rho(K)$.

Por último, es importante comentar que hay autores que pueden considerar expresiones distintas de \mathbb{R}_0 para un mismo modelo. Esto no es más que una prueba más de lo arduo que resulta estimar el ritmo reproductivo básico.

Ahora que ya hemos asentado las bases teóricas, podemos pasar al estudio de las invasiones zombi mediante la formulación de diferentes modelos.

Capítulo 2

Modelos para una invasión zombi

2.1. El modelo depredador-presa

2.1.1. Formulación del modelo

En primer lugar, vamos a presentar un modelo que es una ligera variación de las ecuaciones de Lotka-Volterra. Estas últimas fueron propuestas de forma independiente por Alfred J. Lotka en 1925 y Vito Volterra en 1926. Antes de establecer el sistema de ecuaciones diferenciales, vamos a citar las hipótesis sobre las que se apoyará el modelo:

1. En ausencia de zombis, los humanos crecen exponencialmente.
2. En ausencia de humanos, los zombis mueren exponencialmente.
3. Cada humano contagiado contribuye al crecimiento de los zombis. Además, los zombis solo se alimentan de humanos.
4. En un encuentro entre un humano y un zombi, puede haber o bien contagio, o bien el humano puede matar al zombi sin sufrir contagio, o bien puede no pasar nada.
5. Suponemos que los humanos no mueren naturalmente y que el entorno no cambia con el tiempo (es razonable pues aquí estudiaremos el modelo para un corto periodo de tiempo).

Adoptamos la siguiente notación:

S : Número de humanos susceptibles.

Z : Número de zombis.

α : Tasa de humanos que entran al sistema (nacimientos, inmigración...).

β : Tasa de que el humano pierda y se convierta en zombi en un encuentro.

$\delta(< \beta)$: Tasa de zombificación en un encuentro. Como los zombis no tienen cerebro, no siempre que un humano se contagia se une a las hordas.

γ : Tasa de zombis destrozados en un encuentro con humanos (esto es lo que se añade al modelo original).

ξ : Muerte natural de zombis (independiente de las muertes en encuentros con humanos).

Trabajaremos aquí con valores de los parámetros no negativos, ya que en caso contrario carecerían de sentido. Con todo lo anterior, ya podemos establecer las ecuaciones del modelo. Es importante comentar que el producto SZ simboliza un encuentro entre humano y zombi. Tenemos los siguiente:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \alpha S - \beta SZ \\ \frac{dZ}{dt} = \delta SZ - \gamma SZ - \xi Z \end{cases} \quad (1)$$

Ahora que hemos formulado las ecuaciones del modelo, vamos a hacer un estudio preliminar de los puntos críticos de (1). Igualando ambas ecuaciones a cero, obtenemos los dos puntos de equilibrio siguientes:

- El trivial $(S, Z) = (0, 0)$, solución para la cual ninguna de las dos poblaciones existe.
- La solución de coexistencia $(S, Z) = (\frac{\xi}{\delta - \gamma}, \frac{\alpha}{\beta})$.

A continuación, vamos a intentar clasificarlos. En primer lugar, la matriz Jacobiana del sistema es:

$$J(S, Z) = \begin{bmatrix} \alpha - \beta Z & -\beta S \\ Z(\delta - \gamma) & S(\beta - \gamma) - \xi \end{bmatrix}$$

Al evaluarla en $(0, 0)$, obtenemos

$$J(0, 0) = \begin{bmatrix} \alpha & 0 \\ 0 & -\xi \end{bmatrix}$$

Esta última matriz tiene autovalores $\lambda_1 = \alpha > 0$ y $\lambda_2 = -\xi < 0$. En virtud del Teorema 1, el punto crítico $(0, 0)$ es inestable. La interpretación es obvia: un pequeño cambio en el número inicial de humanos y zombis produce grandes cambios cuando el tiempo avanza (esto es, no vamos a llegar a la extinción simultánea de humanos y zombis). Sin embargo, a partir de las hipótesis del modelo encontramos dos casos particulares aquí. Por una parte, si hay un pequeño cambio en el número de humanos y el número de zombis sigue siendo nulo, entonces los humanos crecerán. Sin embargo, si un zombi entra en el sistema y el número de humanos

sigue siendo nulo, entonces sí que retornaremos al punto $(0, 0)$.

Si ahora evaluamos la matriz Jacobiana en la solución de coexistencia, obtenemos:

$$J\left(\frac{\xi}{\delta - \gamma}, \frac{\alpha}{\beta}\right) = \begin{bmatrix} 0 & -\frac{\beta\xi}{\delta - \gamma} \\ \frac{\alpha(\delta - \gamma)}{\beta} & 0 \end{bmatrix}$$

En este caso, obtenemos dos autovalores λ_1, λ_2 soluciones de $\lambda^2 = -\alpha\xi$. Es decir, son imaginarios puros. Así pues, no podemos aplicar el Teorema 1. Llegados a este punto, podríamos afirmar que este punto crítico es un centro y que las órbitas girarán en torno a él (esto nos proporciona soluciones periódicas de las poblaciones) si el sistema fuera lineal. Sin embargo, como no lo es, necesitamos información adicional para confirmarlo. Estudiaremos más adelante la estabilidad de este punto de equilibrio.

2.1.2. Cálculo explícito de las órbitas del modelo

Vamos a calcular explícitamente las órbitas de (1). En general, no es posible realizar este cálculo, pero aquí es bastante sencillo. Veámoslo.

Las órbitas del sistema para $S, Z \neq 0$ son las curvas soluciones de la ecuación diferencial de primer orden

$$\frac{dZ}{dS} = \frac{(\delta - \gamma)SZ - \xi Z}{\alpha S - \beta SZ} = \frac{Z((\delta - \gamma)S - \xi)}{S(\alpha - \beta Z)}$$

Esta ecuación es separable, ya que puede expresarse de la forma

$$\frac{\alpha - \beta Z}{Z} dZ = \frac{(\delta - \gamma)S - \xi}{S} dS$$

Por consiguiente, integrando

$$\int \frac{\alpha - \beta Z}{Z} dZ = \int \frac{(\delta - \gamma)S - \xi}{S} dS$$

obtenemos

$$-\alpha \ln(Z) + \beta Z - \xi \ln(S) + (\delta - \gamma)S = k1 \quad (2)$$

para una constante $k1$. Tomando exponenciales en ambos lados y cambiando de signo, se obtiene:

$$\frac{Z^\alpha}{e^{\beta Z}} \frac{S^\xi}{e^{(\delta - \gamma)S}} = K$$

para una constante K . Por tanto, si ponemos $C = \frac{1}{K}$, las órbitas del sistema son la familia de curvas definidas por la ecuación

$$S^{-\xi} e^{(\delta - \gamma)S} = C e^{-\beta Z} Z^\alpha$$

Volvamos ahora al estudio de la estabilidad del punto crítico $p = (\frac{\xi}{\delta - \gamma}, \frac{\alpha}{\beta})$. Veamos que (2) nos permite encontrar una función de Liapunov para p .

Sea $V : \mathbb{R}_+^2 \rightarrow \mathbb{R}$ dada por $V(S, Z) = -\alpha \ln(Z) + \beta Z - \xi \ln(S) + (\delta - \gamma)S$. Considerando los signos de $\frac{\partial V}{\partial S}$ y $\frac{\partial V}{\partial Z}$, es fácil ver que p es un mínimo relativo para V . En efecto,

$$\frac{\partial V}{\partial S}(p) = \frac{\partial V}{\partial Z}(p) = 0$$

y la matriz Hessiana de V es

$$\begin{bmatrix} \frac{\xi}{S^2} & 0 \\ 0 & \frac{\alpha}{Z^2} \end{bmatrix}$$

Esta matriz es definida positiva con determinante positivo, luego efectivamente p es un mínimo local para V . Es más, se puede probar que aquí p es un mínimo absoluto de V .

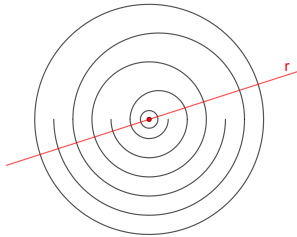
Probemos ahora que $L \equiv V - V(p)$ es una función de Liapunov para p . Sea U un entorno de p . En primer lugar, $L(p) = 0$ trivialmente. Esto último, junto al hecho de p ser un mínimo relativo de V , implica que $L(x) > 0 \forall x \in U \setminus \{p\}$. Por último, se tiene que

$$\dot{L}(x) = \left(-\frac{\xi}{S} + \delta - \gamma, -\frac{\alpha}{Z} + \beta\right) \cdot (\alpha S - \beta SZ, \delta SZ - \gamma SZ - \xi Z) = 0 \quad (3)$$

Así pues, L es una función de Liapunov para p , y podemos concluir que este punto crítico es estable. Es más, una función F que satisface $\dot{F}(x) = 0$ se denomina **integral primera**, por lo que nuestra función L es una integral primera al cumplirse (3).

Por último, vamos a demostrar que la existencia de esta integral primera implica que p es un centro, y que por tanto las órbitas del modelo son cerradas. Hemos visto que los autovalores de la matriz Jacobiana evaluada en la solución de coexistencia son imaginarios puros, lo que implica que p ha de ser o bien un centro, o bien un foco (es decir, un punto espiral), o bien un centro-foco (es decir, un punto que no es un centro pero que cumple que en cualquier entorno arbitrariamente pequeño centrado en ese punto, existe al menos una órbita periódica que lo rodea) para el sistema no lineal. Una prueba detallada de esta afirmación se puede encontrar en el libro [7] de la bibliografía. Vamos a justificar primero que como el sistema (1) es analítico, p no puede ser un centro-foco. Consideramos en primer lugar una recta r que pasa por el punto crítico y es transversal al campo de vectores. La figura 2.1 esquematiza la situación.

Figura 2.1: Esquema de la situación considerada



Por cada punto de la recta pasa una solución, que tras girar en torno al punto, regresa a la recta, definiendo así una aplicación $T : r \rightarrow r$ (se denomina **aplicación de retorno**

de Poincaré). La recta puede identificarse con un entorno de 0 en \mathbb{R} . Bajo esta aplicación, tenemos:

- $T(0) = 0$.
- $T(x) = x$ si, y solo si, por x pasa una órbita cerrada.

Si el campo de vectores es analítico (es nuestro caso), entonces T es una aplicación analítica. Esta última implicación es una consecuencia inmediata del teorema de la función implícita, y los detalles de su prueba se pueden encontrar en la sección 3.4 del libro [7]. El principio de los ceros aislados (estudiado en la asignatura de Variable Compleja) establece que, en esta situación, no puede haber una infinidad de puntos fijos de T que tiendan a 0, salvo que T sea la identidad. Si suponemos que p es un centro-foco, tenemos que T no puede ser la identidad, por lo que el conjunto de órbitas cerradas en un entorno de p es finito y dichas curvas no se acumulan en p . Llegamos entonces a un absurdo que contradice la definición de centro-foco. Se concluye así que, como el sistema (1) es analítico, p no puede ser un centro-foco. Sin embargo, nos quedan aún dos casos por examinar.

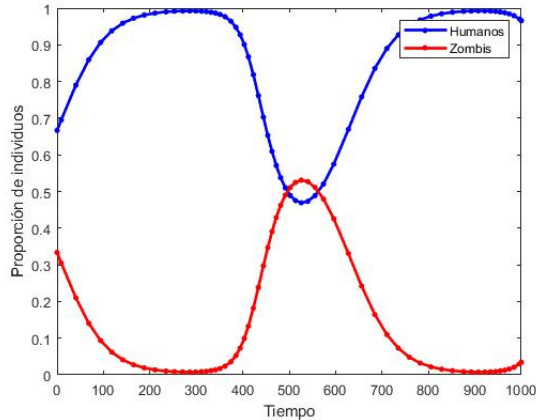
Supongamos entonces que p es un foco, y razonemos por reducción al absurdo. Como L es constante sobre las órbitas del modelo (por ser una integral primera) y todas las órbitas tienden a p , se tiene que L ha de tomar en todas las órbitas el mismo valor que en p , es decir que ha de ser nula sobre todo el plano de fases (por ser continua). Esto último contradice la condición de que $L(x) > 0 \forall x \in U \setminus \{p\}$ (siendo U un entorno de p), por lo que llegamos a un absurdo que nos permite concluir que las órbitas de interés son cerradas.

2.1.3. Estudio de un caso concreto

Vamos a concluir esta sección por el estudio numérico del modelo, incluyendo alguna salida gráfica. Aunque en este modelo hemos obtenido la expresión de las órbitas y podríamos usarla para crear gráficos, aprovecharemos que MATLAB posee por defecto la eficiente función Ode23 presentada anteriormente para analizar el comportamiento de las órbitas del modelo. Un comentario importante es que, puesto que estamos trabajando con modelos deterministas, la solución obtenida con una misma condición inicial siempre será la misma (esto no sucede con los modelos estocásticos). El código MATLAB con el que se generan todos los gráficos de este trabajo se encuentra en el Apéndice A.

Vamos a suponer que los parámetros del modelo son los siguientes: $\alpha = 0,015$, $\beta = 0,0098$, $\delta(< \beta) = 0,0008$, $\gamma = 0,0003$ y $\xi = 0,01$. Además, partiremos de una proporción inicial de $\frac{2}{3}$ de humanos y $\frac{1}{3}$ de zombis. Vamos a ver lo que sucede en este ejemplo, presentando alguna salida gráfica.

Figura 2.2: Proporción de individuos frente al tiempo



En primer lugar, es importante comentar que cada punto es un instante de tiempo para el que Ode23 ha calculado una aproximación a la solución. Como hemos explicado anteriormente, se trata de una implementación de paso variable, y por eso los puntos no están equiespaciados. Los tramos en los que los puntos están más espaciados (en los que se aproxima la solución en tiempos más separados) serán los de menos variabilidad. Este comentario es válido para todas las salidas gráficas de los modelos deterministas de este trabajo. En la figura 2.2 observamos que, pese a que llegue un momento (en $t = 300$, aproximadamente) en que prácticamente solo hay humanos, los zombis acaban resurgiendo y siendo más numerosos que los humanos (cuando $t \in (490, 560)$, aproximadamente), antes de volver a haber prácticamente solo humanos otra vez. Podemos pensar que, cuando hay más zombis que humanos, los zombis decrecen ya que no hay comida suficiente (ya que hemos supuesto que los zombis solo se alimentan de humanos). El gráfico anterior también sugiere un comportamiento periódico de las soluciones. Para confirmarlo, vamos a proporcionar la representación gráfica de la órbita (figura 2.3) de este ejemplo (considerando que inicialmente hay 2 humanos y 1 zombi).

Vemos que efectivamente la órbita es cerrada. Además, es importante comentar que es recorrida en sentido antihorario. Ahora ya podemos confirmar que la solución de coexistencia es un centro y que las órbitas giran en torno a ella. Por último, podemos generar las órbitas para más condiciones iniciales, y representarlas conjuntamente para obtener el plano de fases del modelo. Partiendo de las condiciones iniciales

$$(S(0), Z(0)) = (i, j), \quad i, j = 0, 2, 4, 6, 8, 10$$

obtenemos la figura 2.4.

Figura 2.3: Órbita de la solución

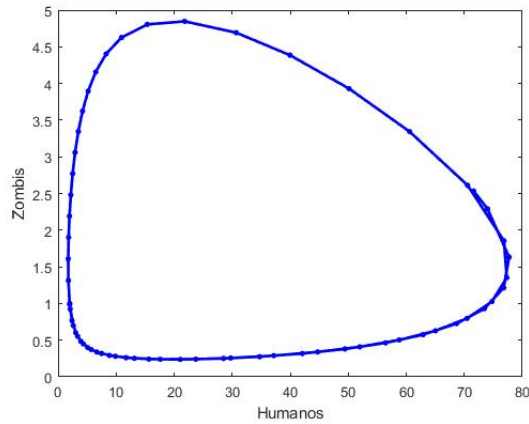
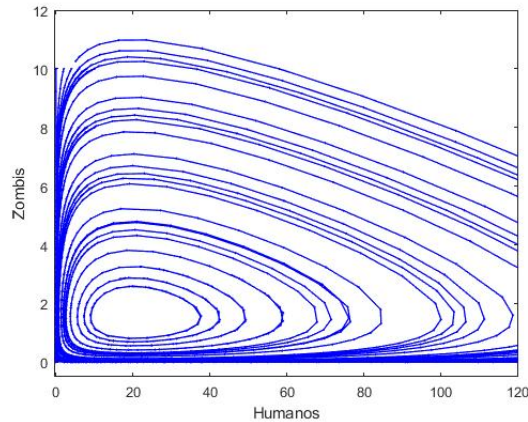


Figura 2.4: Plano de fases del modelo



Entendemos que las órbitas son recorridas, como antes, en sentido antihorario. Observamos que todas las soluciones (distintas de las soluciones de equilibrio) son periódicas. Esto sucede siempre, aunque cambiemos los parámetros del modelo. En conclusión, si decidimos modelizar una invasión zombi con este modelo depredador-presa, entonces ni humanos ni zombis se harán definitivamente con el control del planeta. En efecto, irán alternando sus periodos de dominación.

2.2. El modelo SIR convencional

Vamos a presentar, en esta sección, uno de los modelos matemáticos históricamente más importantes en epidemiología: el modelo SIR.

2.2.1. Formulación del modelo

La palabra SIR -que da nombre al modelo- está formada por tres letras. Así pues, S se refiere a la población **susceptible** (es decir, los humanos), I a los **infectados** (los zombis) y R a los **recuperados** (los zombis que, tras un periodo de tiempo, han sanado y se han convertido de nuevo en humanos).

Como hicimos para el modelo depredador-presa, antes de establecer el sistema de ecuaciones diferenciales, vamos a citar las hipótesis sobre las que se apoyará el modelo:

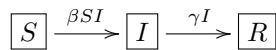
1. La población total se mantiene constante. Esto es $N := S + I + R = cte$.
2. La zombificación (esto es, el acto por el que un humano se convierte en zombi) ocurre por contacto directo con un humano.
3. La tasa de infección es proporcional al producto SI .
4. Todos los individuos tienen la misma probabilidad de contagiarse.
5. No existe vacuna.
6. Los susceptibles siempre decrecen.

Definimos los siguientes parámetros (no negativos):

β : Tasa de zombificación.

γ : Tasa de recuperación. Nótese que su inverso $\frac{1}{\gamma}$ es el tiempo medio de recuperación.

Es decir, los movimientos de población entre los diferentes compartimentos están representados por el siguiente diagrama:



A raíz de toda la información anterior, podemos establecer el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (2)$$

Vamos a establecer ahora el número básico de reproducción para este modelo. Suponemos aquí que $S(0) \approx N$, lo que significa que el número inicial de zombis en una invasión será despreciable frente al número de humanos. Entonces inicialmente un zombi contagia a βN humanos por unidad de tiempo, durante el periodo que dura la infección, $\frac{1}{\gamma}$. De aquí se deduce que $\mathbb{R}_0 = \frac{\beta N}{\gamma}$. Algunos autores consideran que $\mathbb{R}_0 = \frac{\beta S(0)}{\gamma}$, lo que también es coherente, pero por motivos de claridad del trabajo nosotros consideraremos solamente la primera expresión para \mathbb{R}_0 .

2.2.2. Estudio del modelo

Como hemos supuesto que la población total N es constante, podemos realizar, sin pérdida de generalidad, un estudio de las dos primeras ecuaciones de (2). En efecto, el número de recuperados se puede recuperar, en todo instante t , a partir de la relación $R(t) = N - S(t) - I(t)$.

Consideramos entonces el sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \end{cases} \quad (3)$$

Vamos a obtener una expresión para las órbitas del modelo. De aquí en adelante, denotaremos $S(0)$ por S_0 e $I(0)$ por I_0 . Para $S, I \neq 0$, las órbitas son las soluciones de la ecuación diferencial de primer orden

$$\frac{dI}{dS} = \frac{I(\beta S - \gamma)}{-\beta SI}.$$

Esta ecuación es separable, por lo que podemos resolverla fácilmente. Simplificando la expresión anterior, se tiene:

$$-\beta dI = \frac{\beta S - \gamma}{S} dS.$$

Integrando ambos miembros y agrupando constantes, se obtiene:

$$\beta(S + I) - \gamma \ln S = K, \quad K \text{ cte.}$$

Por consiguiente, las órbitas del sistema son la familia de curvas definidas por la ecuación

$$I = C + \frac{\gamma}{\beta} \ln S - S, \quad C \text{ cte.}$$

Hallemos ahora el valor de C . Haciendo $t = 0$, tenemos

$$I_0 = -S_0 + \frac{\gamma}{\beta} \ln S_0 + C.$$

Despejando la constante y sustituyendo, se concluye que

$$I(S) = -S + I_0 + S_0 + \frac{\gamma}{\beta} \ln\left(\frac{S}{S_0}\right). \quad (4)$$

La igualdad anterior nos proporciona información sobre una invasión zombi representada con este modelo.

En primer lugar, vemos que

$$\lim_{S \rightarrow 0} I(S) = -\infty$$

Por continuidad, existe un S_* tal que $I(S_*) = 0$, con $S_* > 0$. Esto nos dice que la invasión zombi se detiene por falta de zombis, y no por falta de humanos.

Por otro lado, podemos hallar el número máximo de infectados en algún instante. A partir de (3), vemos

$$\frac{dI}{dt} = 0 \Leftrightarrow S = \frac{\gamma}{\beta}.$$

Introduciendo este valor de S en (4), y poniendo $\rho = \frac{\gamma}{\beta}$, se concluye:

$$I_{max} = I_0 + S_0 - \rho + \rho \ln \frac{\rho}{S_0}$$

Vamos a analizar ahora los puntos críticos del sistema (3). Igualando ambas ecuaciones a cero, obtenemos que los puntos de equilibrio son de la forma $(S, I) = (s^*, 0)$, con $s^* \in (0, N]$. El punto $(0, 0)$ carece de sentido para el estudio de una invasión zombi, por lo que no lo consideraremos. Se tiene el siguiente resultado:

Teorema 3. Sea $\rho = \frac{\gamma}{\beta}$. Se cumple:

- Si $s^* \leq \rho$, entonces $(s^*, 0)$ es estable.
- Si $s^* > \rho$, entonces $(s^*, 0)$ es inestable.

Demostración. La matriz Jacobiana del sistema, evaluada en los puntos de la forma $(s^*, 0)$, es:

$$J(s^*, 0) = \begin{bmatrix} 0 & -\beta s^* \\ 0 & \beta s^* - \gamma \end{bmatrix}$$

Los autovalores de la matriz anterior son $\lambda_1 = 0$ y $\lambda_2 = \beta s^* - \gamma$.

Supongamos que $s^* > \rho = \frac{\gamma}{\beta}$. Entonces $\lambda_1 = 0$ y $\lambda_2 = \beta s^* - \gamma > 0$. En virtud del Teorema 1, deducimos que $(s^*, 0)$ es inestable.

Supongamos ahora que $s^* \leq \rho$. En este caso, no podemos concluir nada empleando el Teorema 1, ya que $\lambda_1 = 0$ y $\lambda_2 \leq 0$. Vamos a intentar aplicar el Teorema 2 (Estabilidad de Liapunov). Definimos la función

$$V(S, I) = S - s^* \ln S + I - s^* + s^* \ln s^*$$

que claramente es nula al evaluarla en $(s^*, 0)$.

Veamos ahora que $V(S, I) > 0$ en un entorno de $(s^*, 0)$ (sin tener en cuenta este punto). Como $I > 0$, basta ver que $S - s^* \ln S - s^* + s^* \ln s^* > 0$. Puesto que $s^* > 0$ por hipótesis, esto es equivalente a comprobar que

$$\frac{S}{s^*} - 1 - \ln \frac{S}{s^*} > 0.$$

Para ello, ponemos $z = \frac{S}{s^*}$ y $f(z) = z - 1 - \ln z$. Hallando $f'(z) = 1 - \frac{1}{z}$ y estudiando el comportamiento de f (decreciente en $(0, 1)$ y creciente en $(1, \infty)$, con $f(1) = 0$), se deduce que $f(z) > 0$ para todo $z > 0$ salvo para $z = 1$. Sin embargo, como $z = 1 \Leftrightarrow S = s^*$, esto no es un problema pues hemos considerado $(S, I) \neq (s^*, 0)$.

Por último, $\dot{V}(S, I) = \nabla V \cdot (-\beta SI, \beta SI - \gamma I) = I(\beta s^* - \gamma) \leq 0$. En virtud del Teorema de Estabilidad de Liapunov concluimos que, en este caso, $(s^*, 0)$ es estable.

□

Otra cantidad que puede resultar interesante al estudiar una invasión zombi es el número de población infectada al haberse acabado la invasión (anteriormente hemos hallado I_{max} , pero esto solo era para un instante concreto). Esta cantidad se puede estimar si S_0 es ligeramente mayor que ρ . Enunciamos el siguiente resultado, de vital importancia en epidemiología:

Teorema 4. Sea $S_0 = \rho + \varepsilon$, con $\varepsilon > 0$ y $\rho = \frac{\gamma}{\beta}$. Suponemos también que $\frac{\varepsilon}{\rho} \ll 1$ y que $I_0 \ll S_0$. Entonces el número de humanos que, al concluir la invasión, han sido zombis en algún momento es aproximadamente 2ε .

Demostración. Sean $S_\infty := \lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$ y $I_\infty := \lim_{t \rightarrow \infty} I(t)$. Queremos estimar $S_0 - S_\infty$. Como vimos a partir de (4), $I(t)$ crece hasta que $S(t)$ alcanza ρ , y decrece después, por lo que $I_\infty = 0$.

Al tender $t \rightarrow \infty$ en (4), obtenemos:

$$0 = -S_\infty + I_0 + S_0 + \rho \ln \frac{S_\infty}{S_0}.$$

Podemos despreciar I_0 , ya que hemos supuesto $I_0 \ll S_0$:

$$0 \approx -S_\infty + S_0 + \rho \ln \frac{S_\infty}{S_0}.$$

Sumando y restando S_0 dentro del logaritmo, tenemos:

$$-S_\infty + S_0 + \rho \ln \left(1 - \frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \right) \quad (5)$$

Podemos asumir que $S_0 - S_\infty$ es pequeño comparado con S_0 , esto es $\frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \approx 0$. Usamos la serie de Taylor (nos quedamos con sus 2 primeros términos) para obtener:

$$\ln \left(1 - \frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \right) \approx -\frac{S_0 - S_\infty}{S_0} - \frac{1}{2} \left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \right)^2$$

Sustituyendo en (5):

$$0 \approx -S_{\infty} + S_0 - \rho \frac{S_0 - S_{\infty}}{S_0} - \frac{\rho}{2} \left(\frac{S_0 - S_{\infty}}{S_0} \right)^2$$

Esta última expresión es equivalente a

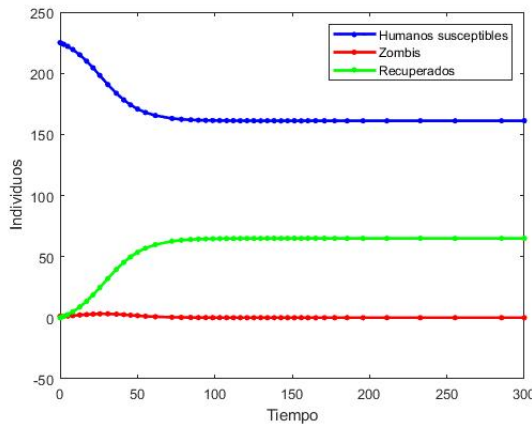
$$S_0 - S_{\infty} \approx 2\varepsilon \left(1 + \frac{\varepsilon}{\rho} \right)$$

y como hemos supuesto que $\frac{\varepsilon}{\rho} \ll 1$, se concluye que $S_0 - S_{\infty} \approx 2\varepsilon$. □

Vamos a ilustrar el resultado anterior con algunos ejemplos:

1. En primer lugar, supongamos que $\beta = 0,0023$, $\gamma = 0,4468$, $S(0) = 225$, $I(0) = 1$, $R(0) = 0$. Se tiene entonces que $\rho \approx 194$, y por tanto $\varepsilon \approx 31$. El teorema anterior nos dice que, entonces, el número de individuos que finalmente han sido zombis en algún momento de la invasión es aproximadamente 52. Vamos a comprobarlo con la figura 2.5.

Figura 2.5: Número de individuos frente al tiempo, ejemplo 1

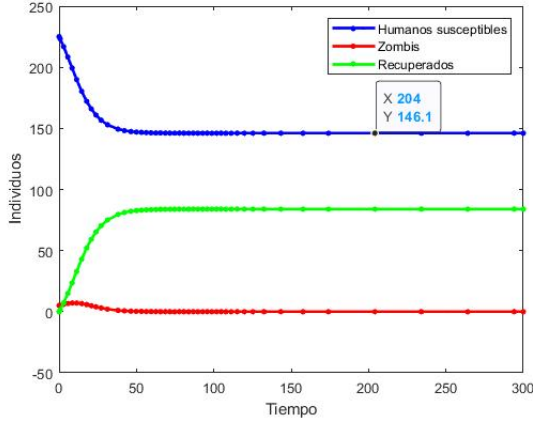


En esta figura, vemos que $S(t)$ se estabiliza en torno al valor $S_{\infty} \approx 161$. Por tanto, $S_0 - S_{\infty} \approx 64$. Vemos que esto es coherente con el teorema, pues $2\varepsilon \approx 62$.

2. En este segundo ejemplo, tomamos los mismos valores que en el anterior pero poniendo $I(0) = 5$. Se obtiene la figura 2.6.

Observamos que, en este caso, $S_{\infty} - S_0 \approx 79$, luego el teorema no se cumple. Está claro que es porque no se cumple la hipótesis de que I_0 ha de ser muy pequeño, pero vamos a cuantificar estas palabras para ser más precisos. Si I_0 no es despreciable frente a S_0 ,

Figura 2.6: Número de individuos frente al tiempo, ejemplo 2



entonces no lo podemos eliminar en la demostración del teorema. Tendríamos entonces que

$$S_0 - S_\infty + I_0 - \frac{\rho}{S_0} (S_0 - S_\infty) - \frac{\rho}{2} \left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \right)^2 = 0$$

Si hacemos el cambio de variable $x = S_0 - S_\infty$, tenemos la siguiente ecuación de segundo grado:

$$\rho x^2 + 2(S_0 \rho - S_0^2) x - 2S_0^2 I_0 = 0$$

Suponiendo que $S_0 = \rho + \epsilon$, la ecuación anterior tiene una única solución positiva dada por:

$$x = \frac{(\rho + \epsilon) \left(\epsilon + \sqrt{\epsilon^2 + 2\rho I_0} \right)}{\rho}$$

Por tanto, la conclusión del teorema será cierta siempre que $I_0 \ll \frac{\epsilon^2}{2\rho}$. Para estos dos ejemplos, debe ser $I_0 \ll 2,48$, y por eso si tomamos $I(0) = 5$ no obtenemos lo esperado.

2.2.3. Estudio de un caso concreto

En este apartado, vamos a estudiar una invasión zombi concreta. Supongamos que, inicialmente, hay 200 humanos y solamente 2 zombis. Entendemos también que, inicialmente, el número de recuperados es nulo. Tras un estudio realizado por expertos, se ha estimado que la tasa de transmisión es $\beta = 0,0016$ y que el tiempo medio de recuperación es de $\frac{50}{3}$ días, es decir, $\gamma = 0,06$.

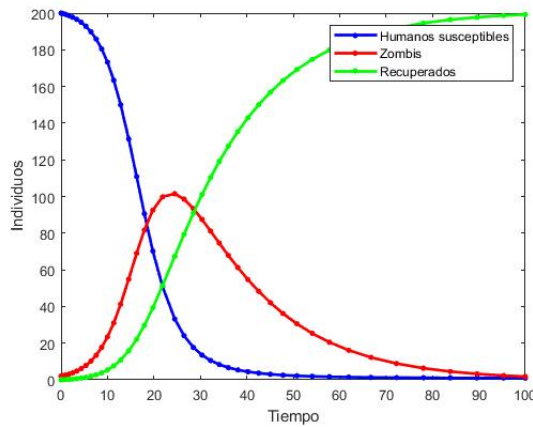
En primer lugar, se tiene que el número básico de reproducción para este ejemplo es $\mathbb{R}_0 \approx$

5,3867. Puesto que es claramente mayor que 1, ya podemos pensar que los zombies acabarán infectando a todos los humanos, y que el número de susceptibles a largo plazo será nulo. Otro parámetro de interés es $\rho = 37,5$. Por lo visto anteriormente, podemos hallar el número máximo de zombies en algún instante de la invasión:

$$I_{max} = 2 + 200 - 37,5 + 37,5 \ln \frac{37,5}{200} \approx 101,7$$

Es decir, a lo largo de esta invasión, hay un máximo de 101 zombies a la vez. Empleando la función Ode23 de MATLAB, observamos la evolución de la invasión zombi en un periodo de 100 días, representada en la figura 2.7.

Figura 2.7: Número de individuos frente al tiempo

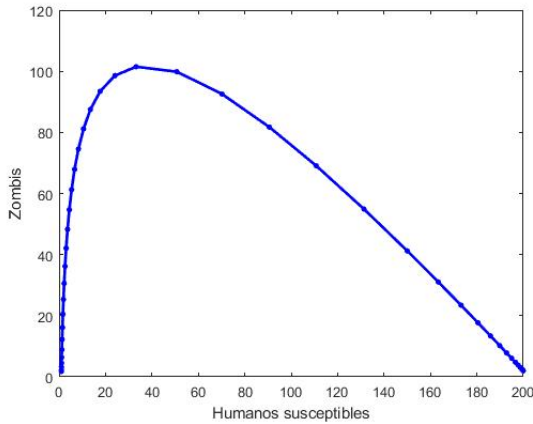


A partir de esta figura, podemos confirmar las hipótesis anteriores: todos los humanos acaban infectándose y el número máximo de zombies simultáneos es 101. Además, vemos que I_{max} se alcanza tras aproximadamente 24 días de invasión. En este caso particular, la ecuación de la órbita es, según (4):

$$I(S) = -S + 202 + 37,5 \ln \frac{S}{200} \approx -S + 37,5 \ln S + 196,7$$

La podemos representar gráficamente con MATLAB, obteniendo la figura 2.8.

Figura 2.8: Órbita de la solución



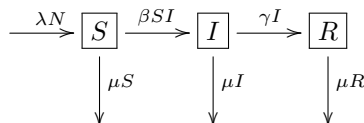
En esta figura, donde la órbita es recorrida de derecha a izquierda, también vemos que el número máximo de zombis simultáneos es 101, instante para el que hay aproximadamente 33 humanos.

2.3. El modelo SIR con dinámica vital

A continuación, vamos a presentar una variante del modelo SIR más realista. En el modelo SIR convencional, no teníamos en cuenta los posibles nacimientos y muertes. Así pues, estudiaremos en esta sección el modelo SIR con dinámica vital.

2.3.1. Formulación del modelo

El objetivo es introducir una dinámica vital en el modelo SIR presentado en la sección anterior. Para ello, suponemos que todos los individuos nacen susceptibles con tasa λ y que la tasa de mortalidad por causas naturales (μ) es común para los zombis y para los humanos. El resto de parámetros son idénticos a los del modelo SIR convencional. Esta situación se representa con el siguiente diagrama:



Teniendo en cuenta todo lo anterior, podemos establecer el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + \lambda \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases} \quad (6)$$

Al igual que en el modelo SIR, suponemos por simplicidad que la población total se mantiene constante. Puesto que $S' + I' + R' = 0$, si ponemos $S + I + R = N$, se tiene que $\lambda = \mu N$ y entonces (6) es equivalente a:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI - \mu S + \mu N \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases} \quad (7)$$

Si modelizamos una invasión zombi con este modelo, esta última fructificará si $I'(t) > 0$. Esto es equivalente a la condición $S(t) > \frac{\gamma + \mu}{\beta}$. Si suponemos $S(0) \approx N$, entonces el número básico de reproducción es:

$$\mathbb{R}_0 = \frac{\beta N}{\gamma + \mu}.$$

Nótese que si $\mu = 0$ (es decir, no hay mortalidad), entonces coincide con el número básico de reproducción del modelo SIR convencional.

2.3.2. Estudio del modelo

Vamos a ver que la dinámica vital dota, en ciertos casos, de un carácter recurrente (endémico) a la invasión zombi, ya que se introduce una nueva fuente de humanos susceptibles. Al igual que hicimos para el modelo SIR convencional, es suficiente con analizar el comportamiento de las dos primeras ecuaciones del sistema definido por (7).

Para ello comenzamos enunciando un resultado previo, cuya demostración (que no incluiremos en este trabajo por ser demasiado extensa y exceder los objetivos del mismo) se puede encontrar en el libro [4].

Teorema 5. (*Routh-Hurwitz*) Dado un polinomio con coeficientes reales $p(x) = a_0x^n + a_1x^{n-1} + \dots + a_{n-1}x + a_n$, definimos la matriz Hurwitz asociada a este polinomio de la

siguiente forma:

$$\begin{bmatrix} a_1 & a_0 & 0 & \cdots & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ a_{2n-3} & a_{2n-4} & a_{2n-5} & \cdots & a_{n-2} \\ a_{2n-1} & a_{2n-2} & a_{2n-3} & \cdots & a_n \end{bmatrix}$$

donde $a_k = 0$ si $k > n$. Denotamos por Δ_i a los menores principales de la matriz Hurwitz, es decir:

$$\Delta_1 = a_1, \Delta_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix}, \dots$$

Entonces todas las raíces de $p(x)$ tienen parte real negativa si, y solo si, se satisface lo siguiente:

$$\begin{cases} a_0 \Delta_n > 0, & \text{si } n \text{ es impar,} \\ \Delta_n > 0, & \text{si } n \text{ es par.} \end{cases}$$

Un polinomio que satisface la condición anterior se dice estable en el sentido de Hurwitz. A continuación, enunciamos un caso particular del Teorema de Routh-Hurwitz. Este corolario sí lo demostraremos pues es el único que emplearemos en este trabajo.

Corolario 1. Todas las raíces de $p(x) = ax^2 + bx + c$, con $a, b, c \in \mathbb{R}$, $a \neq 0$, tienen parte real negativa (es decir, $p(x)$ es estable en el sentido de Hurwitz) si, y solo si, a, b y c tienen el mismo signo.

Demostración. Vamos a demostrar la equivalencia anterior. Sea $\Delta = b^2 - 4ac$.

Vamos a distinguir casos, según el signo de Δ .

En primer lugar, supongamos que $\Delta < 0$. Por la fórmula para resolver ecuaciones de segundo grado, se tiene $Re(x) = \frac{-b}{2a}$. Claramente, $Re(x) < 0$ si, y solo si, a y b tienen el mismo signo. Nótese que además c ha de tener el mismo signo que a ya que en caso contrario, el discriminante sería positivo.

Supongamos ahora que $\Delta \geq 0$, lo que implica que las raíces α y β de $p(x)$ son reales. Podemos escribir

$$p(x) = a(x - \alpha)(x - \beta) = ax^2 + a(-\alpha - \beta) + a\alpha\beta$$

y por tanto $b = a(-\alpha - \beta)$ y $c = a\alpha\beta$. Si suponemos que ambas raíces son negativas, se tiene que $-\alpha - \beta > 0$ y $\alpha\beta > 0$ y por consiguiente a, b y c tienen el mismo signo. Análogamente, el hecho de que los tres coeficientes tengan el mismo signo implica que las dos raíces han de ser negativas.

□

Teorema 6. Supongamos que una invasión zombi está modelizada por las dos primeras ecuaciones de (7). Entonces:

- Si $\mathbb{R}_0 < 1$, la invasión zombi **no** será endémica (acabará desapareciendo) y tenderá al único punto de equilibrio $(N, 0)$.
- Si $\mathbb{R}_0 > 1$, la invasión zombi será endémica, durará un periodo de tiempo indefinido y tenderá al único punto de equilibrio $\left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu N}{\gamma + \mu}\right)$.
- Si $\mathbb{R}_0 = 1$, la invasión se mantendrá estable alrededor de $(N, 0)$.

Demostración. En primer lugar, obtenemos los puntos críticos del sistema definido por las dos primeras ecuaciones de (7). Si igualamos su lado derecho a cero, obtenemos $p_1 = (N, 0)$ y $p_2 = \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu N}{\gamma + \mu}\right)$. Solo consideraremos p_2 cuando esté situado en el primer cuadrante (pues no tiene sentido hablar de un número negativo de individuos). Esto sucede cuando:

$$-\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu N}{\gamma + \mu} \geq 0 \Leftrightarrow \frac{N}{\gamma + \mu} \geq \frac{1}{\beta} \Leftrightarrow \mathbb{R}_0 \geq 1$$

Ahora vamos a analizar la estabilidad de cada punto por separado.

ESTABILIDAD DE p_1 :

La matriz Jacobiana del lado derecho de las dos primeras ecuaciones de (7) es:

$$J(S, I) = \begin{bmatrix} -\beta I - \mu & -\beta S \\ -\beta I & \beta S - \gamma - \mu \end{bmatrix}$$

Evaluándola en $p_1 = (N, 0)$ se tiene:

$$J(N, 0) = \begin{bmatrix} -\mu & -\beta N \\ 0 & \beta N - \gamma - \mu \end{bmatrix}$$

Si denotamos por α_1 y α_2 a sus autovalores, obtenemos $\alpha_1 = -\mu < 0$ y $\alpha_2 = \beta N - \gamma - \mu$. Vamos a separar casos, según el signo de α_2 :

- $\alpha_2 < 0 \Leftrightarrow \beta N < \gamma + \mu \Leftrightarrow \mathbb{R}_0 < 1$. En este caso, por el Teorema 1, deducimos que p_1 es asintóticamente estable.
- $\alpha_2 > 0 \Leftrightarrow \mathbb{R}_0 > 1$. Por el Teorema 1, p_1 es inestable.
- $\alpha_2 = 0 \Leftrightarrow \mathbb{R}_0 = 1$. En este caso, no podemos usar el Teorema 1. Empleando la misma función que para el modelo SIR convencional, el Teorema de estabilidad de Liapunov establece que p_1 es estable.

ESTABILIDAD DE p_2 :

En este caso,

$$J(p_2) = \begin{bmatrix} -\mu\mathbb{R}_0 & -\gamma - \mu \\ -\mu + \mu\mathbb{R}_0 & 0 \end{bmatrix}$$

Vamos a hallar sus autovalores α_1 y α_2 . El polinomio característico de $J(p_2)$ es:

$$\alpha^2 + \alpha(\mu\mathbb{R}_0) + \mu(\gamma + \mu)(\mathbb{R}_0 - 1)$$

Igualándolo a 0 y poniendo $a = 1$, $b = \mu\mathbb{R}_0$ y $c = \mu(\gamma + \mu)(\mathbb{R}_0 - 1)$ queda la ecuación de segundo grado

$$a\alpha^2 + b\alpha + c = 0$$

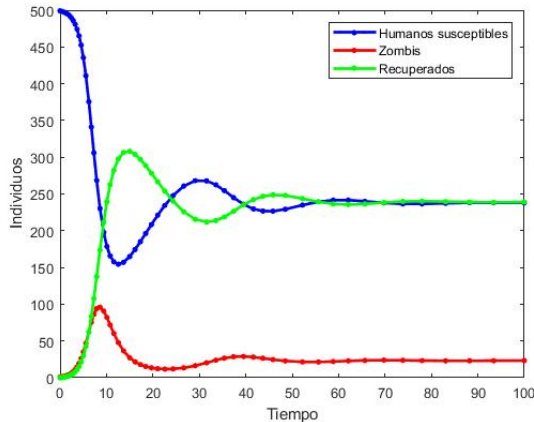
Si $\mathbb{R}_0 > 1$, puesto que todos los coeficientes tienen el mismo signo, el corolario anterior nos dice que todos los autovalores tienen parte real negativa, luego por el Teorema 1 deducimos que p_2 es asintóticamente estable. Cuando $\mathbb{R}_0 = 1$, nos encontraríamos en el caso del punto crítico p_1 , que ya ha sido estudiado.

□

2.3.3. Estudio de un caso concreto

Vamos a proporcionar un ejemplo. Supongamos que modelizamos invasión zombi con el modelo SIR con dinámica vital que toma los parámetros $S(0) = 499$, $I(0) = 1$, $R(0) = 0$, $\beta = 0,0029$, $\gamma = 0,6285$, $\mu = 0,061$. Obtenemos la figura 2.9, que muestra la evolución del número de individuos a lo largo del tiempo.

Figura 2.9: Individuos frente al tiempo

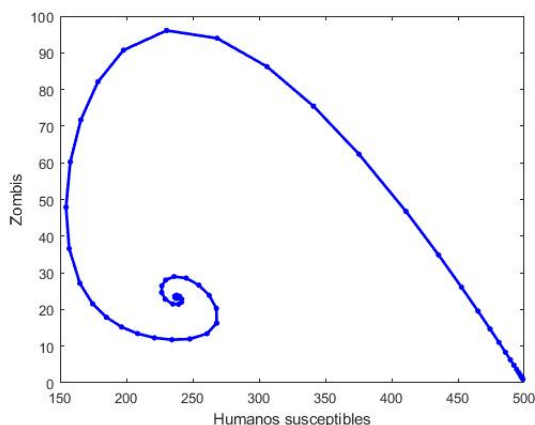


Vemos que inicialmente este modelo se comporta como el modelo SIR convencional, pero después empieza a oscilar varias veces hasta que las soluciones se van estabilizando en torno a un valor constante. Veamos cuál es ese valor.

En primer lugar, observamos que $\mathbb{R}_0 \approx 2,1$ para este ejemplo. En virtud del teorema de la sección anterior, deducimos que la invasión zombi será endémica y durará un periodo indefinido de tiempo. Además, el teorema nos dice que tenderá al punto de equilibrio $p \approx (237,8, 23,2)$. Vemos que esto es coherente con la figura anterior, pues la línea roja se estabiliza en torno a 23 y la línea azul en torno a 238.

Otra figura de interés es la órbita del modelo para este ejemplo:

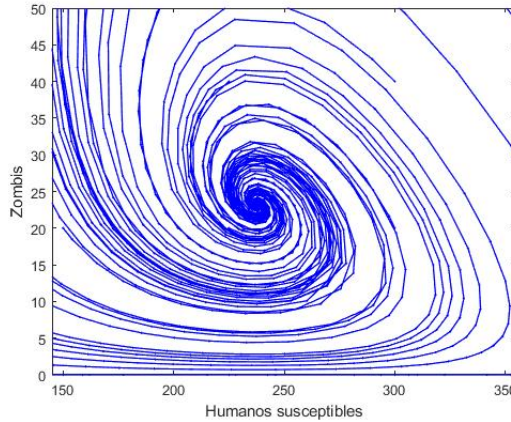
Figura 2.10: Órbita para este ejemplo



Vamos a interpretarla. Primeramente, es importante comentar que la órbita es recorrida en sentido antihorario. Vemos que tiene forma de espiral, y que tiende al punto de equilibrio p , lo que nos permite concluir que p es asintóticamente estable. Además, vemos que la invasión nunca se acaba.

Por último, podemos generar el plano de fases del modelo sin más que tomar varias condiciones iniciales. Lo representamos en la siguiente figura, en la que las órbitas son recorridas en sentido antihorario:

Figura 2.11: Plano de fases del modelo



Observamos que todas las órbitas tienden al punto p , sea cual sea la condición inicial. Esto es coherente con el teorema, pues los valores iniciales no afectan al número básico de reproducción ni al valor de p .

Aunque aquí lo presentamos con un carácter lúdico, este tipo de enfermedades endémicas están presentes en nuestra sociedad. Un claro ejemplo de esto es el VIH, que es un virus causante de millones de fallecimientos en todo el mundo desde hace décadas.

2.4. El modelo SEIR con dinámica vital y vacunación

2.4.1. Formulación del modelo

A continuación, vamos a presentar un modelo ligeramente más sofisticado que los anteriores, pero con una gran utilidad a la hora de modelizar enfermedades. En efecto, el modelo SEIR con dinámica vital está en el corazón de una gran variedad de publicaciones sobre el COVID-19. El lector podrá comprobar, a lo largo de esta exposición, que efectivamente las ecuaciones que presentaremos son un fiel modelo de esta pandemia que comenzó en el año 2019. Sin embargo, aquí seguiremos centrados en estudiar una invasión zombi, para la cual este modelo también será de gran utilidad.

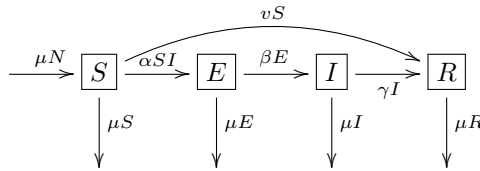
Consideramos una nueva clase de individuos E , que hace referencia a los humanos **expuestos**: aquellos que ya portan la enfermedad, pero que aún se encuentran en el periodo de incubación y no muestran síntomas. Suponemos que los individuos expuestos todavía no pueden infectar a otros. En el caso en el que un individuo no muestre síntomas pero sí sea capaz de transmitir la enfermedad, lo contaremos en la clase I que, al igual que en los modelos anteriores, representará a los infectados. Además, supondremos que los investigadores

han encontrado una vacuna completamente eficaz que protege a los humanos de la zombificación. Los individuos vacunados pasarán directamente de S a R , pues ya no pueden contraer la enfermedad. Denotamos por N , al igual que antes, a la población total, que suponemos constante.

Introducimos los siguientes parámetros, necesarios para poder formular el modelo:

- α : Tasa de cambio de S a E .
- β : Tasa de cambio de E a I .
- γ : Tasa de recuperación (de pasar de I a R).
- μ : Tasa de nacimiento y muerte naturales en la población (por simplicidad, las consideramos iguales).
- μ_0 : Tasa de muerte de zombis destrozados por encuentros con humanos.
- v : Tasa de susceptibles vacunados.

Vamos a presentar el diagrama correspondiente a este modelo. Nótese el coeficiente α es multiplicado por SI , ya que como hemos visto a lo largo de todo este trabajo, esto modeliza los encuentros entre susceptibles e infectados, necesarios para que un individuo pase a la clase E .



Y de aquí deducimos el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \mu N - (\alpha I + \mu + v)S \\ \frac{dE}{dt} = \alpha SI - (\beta + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} = \beta E - (\mu_0 + \gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I + vS - \mu R \end{array} \right. \quad (8)$$

2.4.2. Estudio del modelo

En primer lugar, vamos a hallar los dos puntos críticos que nos interesan: el que indica que no existe la invasión zombi (esto es, $E = I = 0$), y el equilibrio endémico. Para encontrarlos

procedemos igual que en los modelos anteriores, es decir, igualamos a cero todas las ecuaciones de (8). Queda por lo tanto:

$$\begin{cases} \mu N - (\alpha I + \mu + v)S = 0 \\ \alpha SI - (\beta + \mu)E = 0 \\ \beta E - (\mu_0 + \gamma + \mu)I = 0 \\ \gamma I + vS - \mu R = 0 \end{cases} \quad (9)$$

Si hacemos $E = I = 0$ en (9), obtenemos $S = \frac{\mu N}{\mu + v}$ y $R = \frac{vS}{\mu + v}$, de donde sigue que el punto de equilibrio libre de invasión zombi es:

$$p_1 = \left(\frac{\mu N}{\mu + v}, 0, 0, \frac{vN}{\mu + v} \right)$$

Antes de analizar la estabilidad de este último, vamos a hallar el equilibrio endémico. De nuevo a partir de (9), pero esta vez sin igualar ningún tipo de individuos a cero y tras unos largos pero sencillas cuentas, obtenemos p_2 , cuyas componentes son:

$$\begin{aligned} S &= \frac{N(\mu_0 + \gamma + \mu)(\beta + \mu)}{\alpha\beta} \\ E &= \frac{N\alpha\beta\mu - N(\mu_0 + \gamma + \mu)(\mu + v)}{\alpha\beta} \\ I &= \frac{N\alpha\beta\mu - N(\mu_0 + \gamma + \mu)(\mu + v)(\beta + \mu)}{\alpha(\mu_0 + \gamma + \mu)(\beta + \mu)} \\ R &= \frac{N\gamma\alpha\beta^2\mu - N\beta(\mu_0 + \gamma + \mu)(\mu + v)(\beta + \mu) - Nv((\mu_0 + \gamma + \mu)(\beta + \mu))^2}{\beta\alpha^2(\mu_0 + \gamma + \mu)(\beta + \mu)} \end{aligned}$$

Vamos a demostrar a continuación que p_1 es asintóticamente estable. Para ello, seguimos el procedimiento habitual. Primeramente, hallamos la matriz Jacobiana del modelo definido por (8):

$$J(S, E, I, R) = \begin{bmatrix} -(\alpha I + \mu + v) & 0 & \alpha S & 0 \\ \alpha I & -(\mu + \beta) & \alpha S & 0 \\ 0 & \beta & -(\mu_0 + \gamma + \mu) & 0 \\ v & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix}$$

Evaluándola en $S = \frac{\mu N}{\mu + v}$ y en $I = 0$, obtenemos:

$$J(p_1) = \begin{bmatrix} \mu + v & 0 & \frac{\alpha\mu N}{\mu + v} & 0 \\ 0 & -(\mu + \beta) & \frac{\alpha\mu N}{\mu + v} & 0 \\ 0 & \beta & -(\mu_0 + \gamma + \mu) & 0 \\ v & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix}$$

El siguiente paso es obtener los autovalores de la matriz anterior. El método habitual es hallar las soluciones λ de la ecuación

$$\det(\lambda I - J(p_1)) = 0$$

que es equivalente a

$$(\lambda + \mu)(\lambda + (\mu + v)) \left((\lambda + (\mu + \beta))(\lambda + (\mu_0 + \delta + \mu)) - \frac{\alpha\beta\mu}{(\mu + v)} \right) = 0.$$

La expresión anterior se puede escribir de la forma

$$(\lambda + A)(\lambda + B)((\lambda + C)(\lambda + D) - E) = 0$$

con

$$A = \mu; B = (\mu + v); C = (\mu + \beta); D = (\mu_0 + \delta + \mu) \text{ y } E = \frac{\alpha\beta\mu}{(\mu + v)}$$

Si manipulamos un poco la ecuación anterior, podemos escribirla como sigue:

$$\lambda^4 + (A + B + C + D)\lambda^3 + (AB + (A + B)(C + D) + CD - E)\lambda^2 + ((A + B)(CD - E) + AB(C + D))\lambda + ABCD - ABE = 0$$

En virtud de la regla de los signos de Descartes, el número de raíces positivas del polinomio es o bien igual al número de cambios de signo o bien menor por una diferencia par. Para obtener el número de raíces negativas, sustituimos λ por su opuesto en la ecuación anterior (solo cambiamos el signo de potencias impares de λ), y aplicamos el mismo criterio. Por tanto, en nuestro caso, puesto que A, B, C, D y E son positivos, hay un total de 4 raíces negativas. En otras palabras, todos los autovalores son estrictamente negativos, lo que permite concluir la estabilidad asintótica de p_1 .

2.4.3. Cálculo del número básico de reproducción

Vamos a proporcionar el número básico de reproducción para este modelo. Por primera vez, aplicaremos la técnica de la matriz de la siguiente generación para hallarlo. Emplearemos la notación que hemos usado para definir esta técnica. En nuestro modelo, las clases que contienen a los zombificados (o en proceso de zombificación) son I y E . Por tanto, nos centramos en el sistema:

$$\begin{cases} \frac{dE}{dt} = \alpha SI - (\beta + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} = \beta E - (\mu_0 + \gamma + \mu)I \end{cases} \quad (2.1)$$

Su matriz Jacobiana, evaluada en el punto de equilibrio sin invasión zombi p_1 hallado en la sección anterior, es:

$$L = \begin{bmatrix} -(\beta + \mu) & \alpha S \\ \beta & -(\mu_0 + \gamma + \mu) \end{bmatrix}$$

donde $S = \frac{N\mu}{\mu + v}$. Queremos ahora descomponer L en la forma $L = F + V$, donde F es la matriz de transmisión y V la de transición. Nótese que el paso de E a I , con tasa β , lo

contaremos en la matriz de transición, pues consideramos que los individuos expuestos ya contraen la enfermedad. Se tiene por tanto:

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \alpha S \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, V = \begin{bmatrix} -(\beta + \mu) & 0 \\ \beta & -(\mu_0 + \gamma + \mu) \end{bmatrix}$$

Ahora tenemos que calcular $K = -FV^{-1}$. Hagámoslo:

$$K = - \begin{bmatrix} 0 & \alpha S \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{-1}{\frac{\beta + \mu}{-\beta}} & 0 \\ \frac{-1}{(\beta + \mu)(\mu_0 + \gamma + \mu)} & \frac{-1}{\mu_0 + \gamma + \mu} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\alpha \beta S}{(\beta + \mu)(\mu_0 + \gamma + \mu)} & \frac{\alpha S}{\mu_0 + \gamma + \mu} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Solo falta calcular el radio espectral de K . Podemos hacerlo rápidamente con MATLAB y su herramienta de cálculo simbólico. Para ello, escribimos las siguientes líneas de código:

```
syms a
syms b
syms S
syms mu0
syms gam
syms mu

K = [a*b*S/((mu0+gam+mu)*(b+mu)), a*S/(mu0+gam+mu); 0, 0];
[P,D] = eig(K);
```

La matriz D obtenida es una matriz diagonal que contiene los autovalores de K . Presentamos el output obtenido en la figura 2.12.

Figura 2.12: Matriz D obtenida con MATLAB

```
D =

[0                                0                                ]
[                                S b a                             ]
[0  ----- ]
[                                2                                ]
[ b gam + b mu + b mu0 + gam mu + mu + mu mu0 ]
```

Por consiguiente, el radio espectral de K es el valor absoluto del autovalor no nulo. Teniendo en cuenta que $S = \frac{\mu N}{\mu + v}$, se obtiene:

$$\mathbb{R}_0 = \frac{\alpha \beta \mu N}{(\mu + \beta)(\mu + v)(\mu_0 + \gamma + \mu)}$$

2.4.4. Estudio de un caso concreto

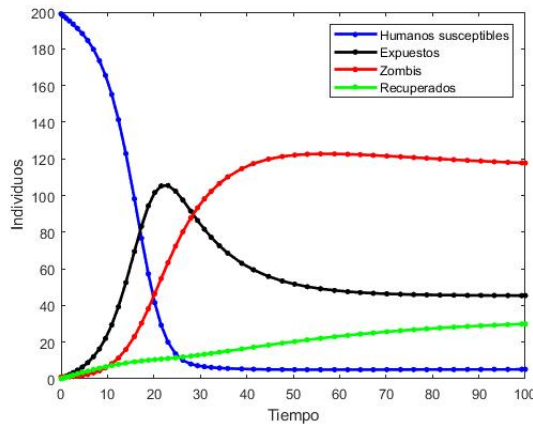
Como ya es costumbre en este trabajo, concluiremos esta sección mediante el análisis de un caso concreto de invasión. Supongamos que en un pueblo castellano de 200 habitantes hay un zombi entre la población, es decir, $[S_0, E_0, I_0, R_0] = [199, 0, 1, 0]$. Además, imaginemos que los parámetros del modelo son los siguientes:

$$[\alpha, \beta, \gamma, \mu, \mu_0, v] = [0,007, 0,072, 0,0062, 0,022, 0,0004, 0,004]$$

Queremos ver si los zombis conquistarán el pueblo o si, por lo contrario, los humanos seguirán teniendo el control del mismo. Para ello, empleamos una vez más el programa MATLAB proporcionado en el Apéndice A.

La primera observación es que el número básico de reproducción es $31,726 \gg 1$. Podemos entonces conjeturar que los zombis se harán con el control del pueblo, pero vamos a detallar más la evolución.

Figura 2.13: Evolución de individuos a lo largo del tiempo

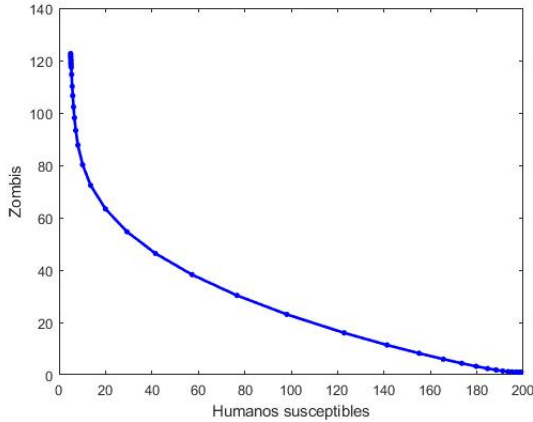


En la figura 2.13 podemos ver la evolución de cada clase de individuos a lo largo del tiempo. Observamos que los zombis tardan 20 días en hacerse con el control del pueblo, aunque incluso antes del vigésimo día ya hay más expuestos que susceptibles. Esta rapidez es reflejo del elevado número básico de reproducción. Al final, todos los números de individuos en las distintas clases se terminan estabilizando. Esto es posible ya que hemos supuesto que la población total es constante y que la tasa de nacimiento y mortalidad son iguales.

La figura 2.14 muestra la órbita de los zombis frente a los humanos susceptibles, recorrida de derecha a izquierda. Observamos que, a medida que pasa el tiempo, la cantidad de humanos susceptibles decrece y la de zombis crece, lo que es coherente con la figura 2.13.

Se concluye que, con estos parámetros, humanos y zombis acaban conviviendo en el pueblo pero al ser mayoritarios, los zombis tendrán el control del mismo.

Figura 2.14: Órbita de la primera y tercera componente de la solución



2.5. Modelos no deterministas

2.5.1. Introducción y formulación de los modelos estocásticos

En esta última sección, vamos a introducir otro tipo de modelos importantes a la hora de modelizar enfermedades: los modelos estocásticos. Empleando los modelos deterministas, siempre obtenemos la misma solución si modelizamos una invasión zombi con los mismos parámetros. Sin embargo, los modelos estocásticos introducen aleatoriedad, y por tanto involucran el concepto de probabilidad. De hecho, según Wikipedia: “Para poblaciones pequeñas la fluctuación de una enfermedad puede ser muy grande y debido a esto se vuelve necesario considerar el factor aleatorio en el modelo. En estos casos la probabilidad se hace presente y las variables aleatorias pasan a sustituir a las ecuaciones diferenciales como herramientas para resolver el problema.”

En esta sección vamos a presentar el modelo Reed-Frost básico, que es el modelo SIR estocástico en tiempo discreto por excelencia. No entraremos en demasiado detalle, pues no es el objetivo de este trabajo y estos modelos no deterministas ya han sido estudiados en profundidad en el tema de *Cadenas de Markov en tiempo discreto* de la asignatura de Procesos Estocásticos.

Consideremos las mismas clases de individuos que en el modelo SIR determinista convencional, pero esta vez con $t \in \mathbb{N}$. Las denotaremos por S_t , I_t y R_t . Además, supongamos que cada susceptible está en contacto con todos los infectados y que estos últimos, si se infectan en tiempo t , se recuperan en $t + 1$. Asimismo, consideramos los siguientes parámetros:

- θ : probabilidad de contagio (de pasar de S a I).
- ρ : probabilidad de que un susceptible se contagie en tiempo t .

Vamos a precisar un poco más el valor de ρ . Se tratará del complementario a que el

susceptible **no** sea contagiado por ninguno de los zombis. Esto es,

$$\rho = 1 - (1 - \theta)^{I_t}.$$

Ahora vamos a introducir la variable aleatoria $X_t^{(i)}$, que indica si se contagia el susceptible i en el instante t (tomará el valor 0 si no se contagia, y el valor 1 en caso contrario). Suponemos que esta variable aleatoria sigue una ley de Bernoulli de parámetro ρ . Es decir,

$$X_t^{(i)} \sim b(1 - (1 - \theta)^{I_t}).$$

Además, puesto que la suma de variables aleatorias con distribución de Bernoulli sigue una distribución Binomial, es claro que se tiene:

$$I_{t+1} = \sum_{i=1}^{S_t} X_t^{(i)} \sim B(S_t, 1 - (1 - \theta)^{I_t}).$$

Por último, se cumple $S_{t+1} = S_t - I_{t+1}$ y $R_{t+1} = R_t + I_t$.

2.5.2. Simulación con R y estudio de un caso concreto

Para simular el avance de una invasión zombi concreta, emplearemos el software estadístico R. Con la formulación anterior del modelo, resulta sencillo realizar un pequeño programa para ilustrar la evolución de la invasión. A continuación, presentamos el código programado. Nótese que la primera función recibe como argumentos las condiciones iniciales de susceptibles e infectados, el parámetro θ y la duración de la simulación. Esta función devuelve un data frame con la cantidad de individuos de cada tipo a lo largo del tiempo, que es empleado por la segunda función para proporcionar las salidas gráficas.

```
#### Modelo de Reed-Frost básico ####

ReedFrost<-function(S0,I0,theta,duracion){
  St <- rep(0,duracion); It <- St; Rt <- St
  St[1]<-S0; It[1]<-I0

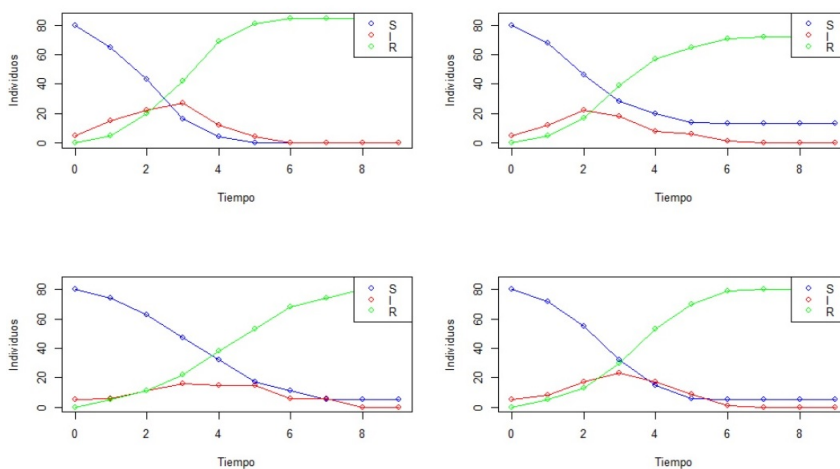
  for (t in 1:(duracion-1)) {
    It[t+1] <- rbinom(1,St[t],1-(1-theta)^It[t])
    St[t+1] <- St[t] - It[t+1]
    Rt[t+1] <- Rt[t] + It[t]
  }
  evo<-data.frame("S_t"=St,"I_t"=It,"R_t"=Rt)
  return(evo)
}
```

```
grafico<-function(evo){  
  duracion<-nrow(evo)  
  sMax<-evo$S_t[1]+evo$I_t[1]  
  plot((0:(duracion-1)),evo$S_t,type="o",col="blue",xlab="Tiempo",  
       ylab="Individuos", ylim=c(0,sMax))  
  lines((0:(duracion-1)),evo$I_t,type="o",col="red")  
  lines((0:(duracion-1)),evo$R_t,type="o",col="green")  
  legend(x="topright",c("S","I","R"), col=c("blue","red","green"), pch=rep(1,3))  
}
```

Supongamos ahora que, en una invasión zombi de 10 días de duración, hay inicialmente 80 humanos y 5 zombis. Además, imaginemos que cada zombi contagia a un humano con probabilidad 0,03. Con las siguientes líneas de código, obtenemos los gráficos de interés al simular 4 veces la invasión:

```
S0<-80; I0<-5; duracion<-10; theta<-0.03  
par(mfrow=c(2,2))  
for(i in 1:4){  
  Evolucion<-ReedFrost(S0, I0, theta, duracion)  
  grafico(Evolucion)  
}
```

Figura 2.15: Individuos frente al tiempo para el modelo Reed-Frost básico



Observamos que efectivamente, contrariamente a lo que sucedía en los modelos deterministas, cada simulación presenta resultados diferentes. Es más, en la primera simulación todos los humanos han sido zombis en algún momento de la invasión, mientras que en las demás simulaciones aún quedan humanos que nunca han sido infectados. Vemos también que, en la segunda simulación, el instante con más zombis corresponde al segundo día de invasión pero que, contrariamente a lo que sucede con las demás simulaciones, siempre está claramente por debajo del número de humanos. La aleatoriedad es, por tanto, un factor determinante en los modelos estocásticos.

Apéndice A

Código MATLAB

A continuación vamos a proporcionar el programa escrito en MATLAB que sirve para obtener las figuras de evolución de individuos frente al tiempo y órbita de la solución, correspondientes a los cuatro primeros modelos presentados en este trabajo. Se anima al lector a ejecutar las siguientes líneas en MATLAB y así poder experimentar con varios parámetros y condiciones iniciales. Puesto que al copiar y pegar se pueden producir errores de caracteres, se aconseja descargar el programa en el siguiente enlace:

https://uvaes-my.sharepoint.com/:f:/g/personal/david_faget_estudiantes_uva_es/ElUnhq6Nq1dIhkOegCYUG2IBCo3paEPPuQRthMjippRHZA?e=E1SjMU

El programa es el siguiente:

```
function [] = tfg();

%%PROGRAMA PARA OBTENER LOS GRÁFICOS DE EVOLUCIÓN DE LA POBLACIÓN A LO
%%LARGO DEL TIEMPO Y LA ÓRBITA DE LA SOLUCIÓN.

global coefs;
global txt2;
txt2="Proceso terminado. Introduce el número del siguiente modelo:";

txt=['Modelos disponibles: \n 1: Depredador-presa modificado \n 2: SIR' ...
' \n 3: SIR con dinámica vital \n 4: SEIR con dinámica vital y '...
'vacunación \n 5: Salir del programa \n'];
fprintf(txt)
modelo=input("Introduce el número del modelo:");

while(modelo~=5)
```

```
switch modelo
```

```
    case 1
```

```
        y0=input("Introduce las condiciones iniciales [S,Z]:");
```

```
        coefs=input("Introduce [alpha,beta,delta,gamma,xi]:");
```

```
        %%%VALORES SUGERIDOS%%%
```

```
%        [S,Z]=[1,2]
%        alpha=0.015 %Entrada de humanos
%        beta=0.0098 %Tasa de que el humano pierda
%        delta=0.0008 %Tasa de 'zombificación' en un encuentro
%        gamma=0.0003 %Zombis destrozados en encuentro con humanos
%        xi=0.01 %Muerte natural zombis
```

```
        [t,y]=ode23(@volt,[0 1000],y0);
```

```
        for i=1:length(y(:,1))
```

```
            n(i)=y(i,1)+y(i,2);
```

```
        end
```

```
        n=n';
```

```
        figure(1) %Población a lo largo del tiempo
```

```
        clf
```

```
        plot(t,y(:,1)./n,'bo-', 'MarkerSize',2, 'LineWidth',2)
```

```
        hold on
```

```
        plot(t,y(:,2)./n,'ro-', 'MarkerSize',2, 'LineWidth',2)
```

```
        xlabel('Tiempo')
```

```
        ylabel('Proporción de individuos')
```

```
        legend('Humanos','Zombis')
```

```
        figure(2) %Órbita de la solución.
```

```
        clf
```

```
        plot(y(:,1),y(:,2),'bo-', 'MarkerSize',2, 'LineWidth',2)
```

```
        xlabel('Humanos')
```

```
        ylabel('Zombis')
```

```
        modelo=input(txt2);
```

```
    case 2
```

```
        y0=input("Introduce las condiciones iniciales [S,I,R]:");
```

```
        coefs=input("Introduce [beta,gamma]:");
```

```
        %%%VALORES SUGERIDOS%%%
```

```
%        [S,I,R]=[200,2,0]
```

```
%      [beta,gamma]=[0.0016,0.06]

%NÚMERO BÁSICO DE REPRODUCCIÓN:
N=sum(y0);
R0=N*coefs(1)/coefs(2);
disp(["El número básico de reproducción es:",R0])

[t,y]=ode23(@sir,[0 100],y0);
figure(1) %Evolución
clf
plot(t,y(:,1),'bo-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
hold on
plot(t,y(:,2),'ro-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
hold on
plot(t,y(:,3),'go-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
xlabel('Tiempo')
ylabel('Individuos')
legend('Humanos susceptibles','Zombis','Recuperados')

figure(2) %Órbita de la solución de las dos primeras componentes.
clf
plot(y(:,1),y(:,2),'bo-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
ylabel('Zombis')
xlabel('Humanos susceptibles')

modelo=input(txt2);

case 3

y0=input("Introduce las condiciones iniciales [S,I,R]:");
coefs=input("Introduce [beta,gamma,mu]:");

      %%VALORES SUGERIDOS%%
%      [S,I,R]=[499,1,0]
%      [beta,gamma,mu]=[0.0029,0.6285,0.061]

%NÚMERO BÁSICO DE REPRODUCCIÓN:
global N; %N es global ya que la usaremos en la función "sirvital"
N=sum(y0);
R0=N*coefs(1)/(coefs(2)+coefs(3));
disp(["El número básico de reproducción es:",R0])

[t,y]=ode23(@sirvital,[0 100],y0);
figure(1) %Evolución
clf
plot(t,y(:,1),'bo-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
```

```

hold on
plot(t,y(:,2),'ro-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
hold on
plot(t,y(:,3),'go-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
xlabel('Tiempo')
ylabel('Individuos')
legend('Humanos susceptibles','Zombis','Recuperados')

figure(2) %Órbita de la solución de las dos primeras componentes.
clf
plot(y(:,1),y(:,2),'bo-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
ylabel('Zombis')
xlabel('Humanos susceptibles')

modelo=input(txt2);

case 4

y0=input("Introduce las condiciones iniciales [S,E,I,R]:");
coefs=input("Introduce [alpha,beta,gamma,mu,mu_0,v]:");

    %%%VALORES SUGERIDOS%%%
% [S,E,I,R]=[199,0,1,0]
% [alpha,beta,gamma,mu,mu_0,v]=[0.007,0.072,0.0062,0.022,0.0004,0.004]

%NÚMERO BÁSICO DE REPRODUCCIÓN:
global N; %N es global ya que la usaremos en la función "seir"
N=sum(y0);
R0=(N*coefs(1)*coefs(2)*coefs(4))/((coefs(4)+coefs(2))*(coefs(4)+...
    coefs(6))*(coefs(5)+coefs(3)+coefs(4)));
disp(["El número básico de reproducción es:",R0])

[t,y]=ode23(@seir,[0 100],y0);
figure(1) %Evolución
clf
plot(t,y(:,1),'bo-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
hold on
plot(t,y(:,2),'ko-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
hold on
plot(t,y(:,3),'ro-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
hold on
plot(t,y(:,4),'go-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
xlabel('Tiempo')
ylabel('Individuos')
legend('Humanos susceptibles','Expuestos','Zombis','Recuperados')

```

```

        figure(2) %Órbita de la solución de susceptibles frente a infectados.
        clf
        plot(y(:,1),y(:,3),'bo-','MarkerSize',2,'LineWidth',2)
        ylabel('Zombis')
        xlabel('Humanos susceptibles')

        modelo=input(txt2);

        otherwise
        fprintf("El número del modelo introducido no es válido. \n")
        modelo=input("Introduce un número de modelo válido:");

    end

end

end

function f = volt(t,y);
global coefs
f = [coefs(1)*y(1)-coefs(2)*y(1)*y(2),coefs(3)*y(1)*y(2)-...
     coefs(4)*y(1)*y(2)-coefs(5)*y(2)]';
end

function f = sir(t,y);
global coefs
f = [-coefs(1)*y(1)*y(2),coefs(1)*y(1)*y(2)-coefs(2)*y(2),coefs(2)*y(2)]';
end

function f = sirvital(t,y);
global coefs
global N
f = [-coefs(1)*y(1)*y(2)-coefs(3)*y(1)+coefs(3)*N,coefs(1)*y(1)*y(2)-...
     coefs(2)*y(2)-coefs(3)*y(2),coefs(2)*y(2)-coefs(3)*y(3)]';
end

function f = seir(t,y);
global coefs
global N
f = [coefs(4)*N-(coefs(1)*y(3)+coefs(4)+coefs(6))*y(1),coefs(1)*y(1)*y(3)-...
     (coefs(2)+coefs(4))*y(2),coefs(2)*y(2)-(coefs(5)+coefs(3)+...
     coefs(4))*y(3),coefs(3)*y(3)+coefs(6)*y(1)-coefs(4)*y(4)]';
end

```

Bibliografía

- [1] Aguirre-Hernández, B., Loredó-Villalobos, C. A., Díaz-González, E. C. and Campos-Cantón, E. (2017). *Stability systems via Hurwitz polynomials*.
- [2] Callender, H., Capaldi, A. and Diaz, C. (2020). *A Tour of the Basic Reproductive Number and the Next Generation of Researchers*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7123362/> }
- [3] Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P. and Roberts, M. G. (2009). *The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2871801/> }
- [4] Gantmacher, F.R. (1959). *The theory of matrices*. AMS Chelsea Publishing.
- [5] Hirsch, M. W. and Smale, S. (1983). *Ecuaciones diferenciales, sistemas dinámicos y álgebra lineal*. Alianza.
- [6] Jiménez López, V. (2000). *Ecuaciones diferenciales*. Editum.
- [7] Perko, L. (1991). *Differential Equations and Dynamical Systems*. Springer.
- [8] Ridenhour, B., Kowalik, J.M. and Shay, D.K. (2018). *El número reproductivo básico (R_0): consideraciones para su aplicación en la salud pública*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6291769/> }
- [9] Smith?, R. (2014). *Mathematical Modelling of Zombies*. University of Ottawa Press.
- [10] Suwardi, M., Isbar, M. Rifandi, W. S. and Syafruddin, S. (2020). *Stability analysis and numerical simulation of SEIR model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7345386/> }
- [11] Sylneon, J. (2020). *Une contribution à l'étude du modèle SIR de Kermack et McKendrick. Application à la propagation de l'épidémie de Covid-19 en milieu insulaire*. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-03747211> }