

Reto 3 Análisis Numérico

Santiago Fernández Becerra, German Andrés Velasco, Mariana Rojas Galavís

Resumen

El informe presenta dos aplicaciones de ecuaciones diferenciales junto con sus respectivos análisis y conclusiones usando los métodos `ODEIN` e `SOLVE_IVP` proporcionados por la librería libre `Scipy` de Python y métodos numéricos para la solución de ecuaciones diferenciales de Euler y Rutten-Kutta.

Palabras claves: Epidemiología matemática, COVID-19, Presa-Depredador, métodos numéricos, ecuaciones diferenciales.

1. Presentación del contexto.

Una ecuación diferencial es una ecuación que involucra una variable dependiente y sus derivadas con respecto a una o más variables independientes. Este tipo de ecuaciones tiene aplicaciones en las ciencias como química y biología, pero además en ingeniería, finanzas y economía.

En vista de las numerosas aplicaciones que tienen, son varios los problemas que no se pueden resolver de una manera exacta por lo que es necesario acudir a una aproximación de una posible solución a través de herramientas numéricas. A continuación, se muestran dos aplicaciones de las ecuaciones diferenciales usando métodos numéricos:

2. Primer Punto: Modelo SI y SIR.

Las enfermedades infecciosas existen desde que el ser humano apareció. Lo anterior gracias al intercambio que se establece con el medio ambiente exterior e interior que genera una interacción entre los microorganismos y el hospedero susceptible. Estas enfermedades infecciosas pueden transmitirse directa o indirectamente de una persona a otra o pueden ser transmitidas por animales.

A lo largo de su historia, la humanidad ha sufrido diversas epidemias como la viruela, el A H1N1, la gripe aviar y el COVID-19. Una pregunta natural para hacerse en estas situaciones es si la enfermedad desaparecerá en algún momento. La respuesta a la pregunta anterior depende de factores como la tasa de transmisión y recuperación de dicha enfermedad; es aquí donde aparece la epidemiología matemática que busca modelar precisamente la propagación de estas enfermedades y el efecto de las medidas de mitigación contra la misma. [9]

Con el fin de ejemplificar lo dicho, se presentan la solución con las funciones `ODEINT` y `SOLVE_IVP` a los modelos epidemiológicos Susceptible-Infectado (SI) y Susceptibles-Infectados-Recuperados (SIR) utilizando para su construcción datos del

COVID-19 en Bogotá entregados por SALUDATA para un periodo de 360 días[1]. Antes de detallar los resultados obtenidos, resulta importante abarcar cada uno de los métodos:

- SIR:

Este es un modelo desarrollado por Kermack y Mc-Kendrick en 1927 que ha sido aplicado en diferentes escenarios relacionados con epidemias.

Para entender mejor cómo funciona el modelo se procederá a detallar la información más relevante sobre el mismo:

- SIR maneja una serie de supuestos los cuales se basan en que la población es constante (tamaño fijo), cada persona de esta está infectada, es susceptible o está recuperada, la interacción entre sus individuos se da de manera aleatoria y la tasa de contacto no cambia por ningún factor[7].
- El flujo básico del modelo Susceptibles→Infectados→Recuperados todos estos para un tiempo t.
- Las ecuaciones y variables asociadas para el cálculo del modelo son:

$$\begin{aligned}\frac{ds(t)}{dt} &= -\beta s(t)i(t), \\ \frac{di(t)}{dt} &= (\beta s(t) - \alpha)i(t), \\ \frac{dr(t)}{dt} &= \alpha i(t),\end{aligned}$$

β	representa la tasa de contagio
βSI	representa la probabilidad de infectarse por el contacto entre un susceptible y un infeccioso
α	representa la tasa de de remoción de la infección
$S(t)$	representa a los susceptibles
$I(t)$	representa a los infectados
$R(t)$	representa a los recuperados

El símbolo $\frac{d}{dt}$ significa la derivada, que se puede interpretar como el cambio por unidad de tiempo de los susceptibles, infectados y recuperados respectivamente. [8]

- SI:

Este es un modelo que se utiliza para describir el comportamiento dinámico de propagación de enfermedades biológicas. Se dice que es dinámico pues son razones de cambio entre los niveles del estado Susceptible e Infectado los cuales pueden ser representados con ecuaciones diferenciales. [2]

- SI utiliza varios supuestos como que la población es constante, es decir, de tamaño fijo; que una vez una persona entra a la población infectada reside allí durante todo el modelo, es decir, no existe tratamiento.
- El flujo básico del modelo es Susceptibles→Infectados todos estos para un tiempo t .
- Las ecuaciones y variables asociadas para el cálculo del modelo son:

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

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

$$n = S(t) + I(t)$$

- β representa la tasa de contagio
 βSI representa la probabilidad de infectarse por el contacto entre un susceptible y un infeccioso (Susceptibles→Infectados)
 $S(t)$ representa a los susceptibles
 $I(t)$ representa a los infectados
 n representa el número total de individuos de la población

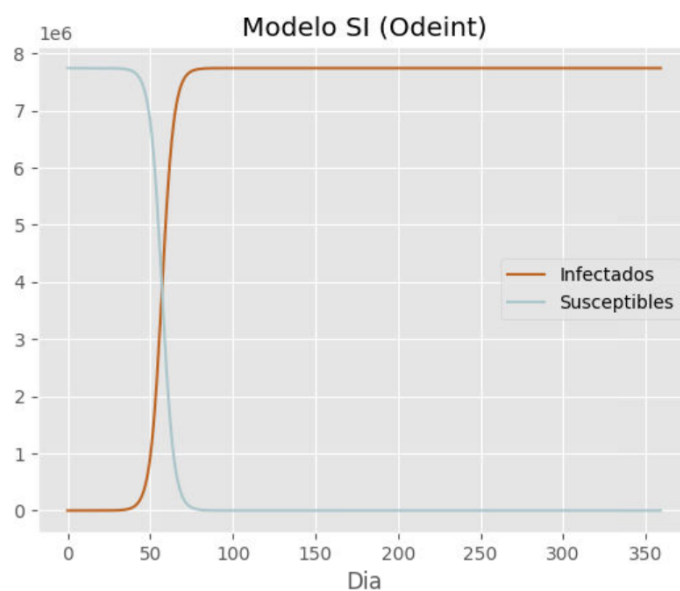
Una vez descritos los modelos a tratar, se presenta la siguiente tabla que recoge la información que se utilizó para el desarrollo del ejercicio:

Nombre Variable	Valor
Población	7'743.955
Recuperados	0
Infectados	1
Susceptibles	7'743.954
Tiempo	360

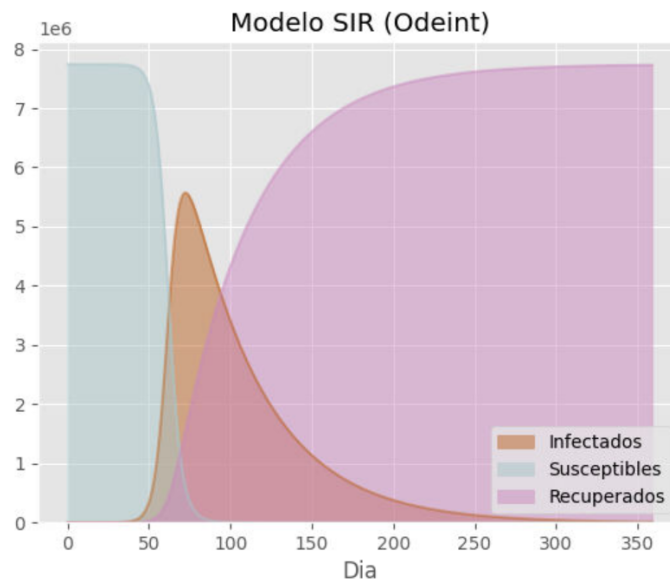
Tabla 1. Información modelos

En un primer momento, se presenta la aproximación realizada con el módulo de *odeint* de la librería Scipy. Este módulo resuelve ecuaciones diferenciales ordinarias utilizando el

método de Adams[3]. Como parámetros recibe una función, una matriz que corresponde a las condiciones iniciales, un arreglo que indica a la secuencia de puntos para resolver para 'y' y además argumentos adicionales que corresponden a la población total, a los índices de contacto y recuperación (dependiendo del modelo). Como retorno, encontramos que la función devuelve el valor de 'y' para cada punto deseado teniendo en cuenta los valores iniciales[4]. A continuación se presentan los resultados :

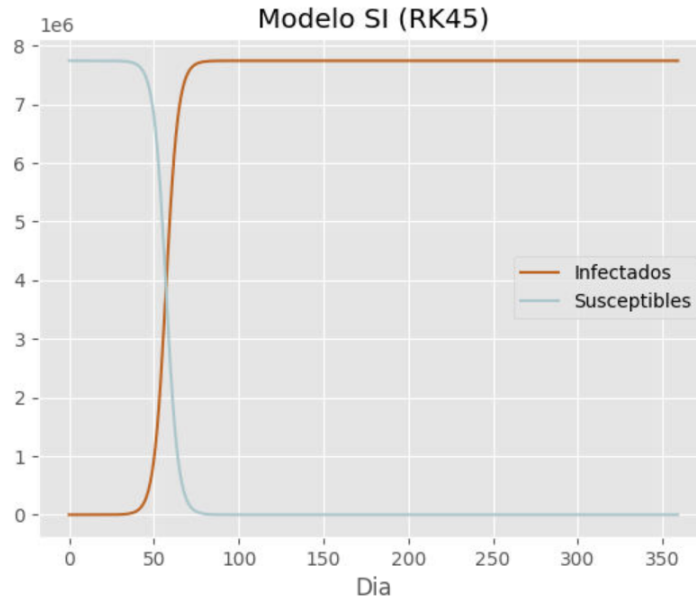


Gráfica 1.Resultados modelo SI módulo odeint.

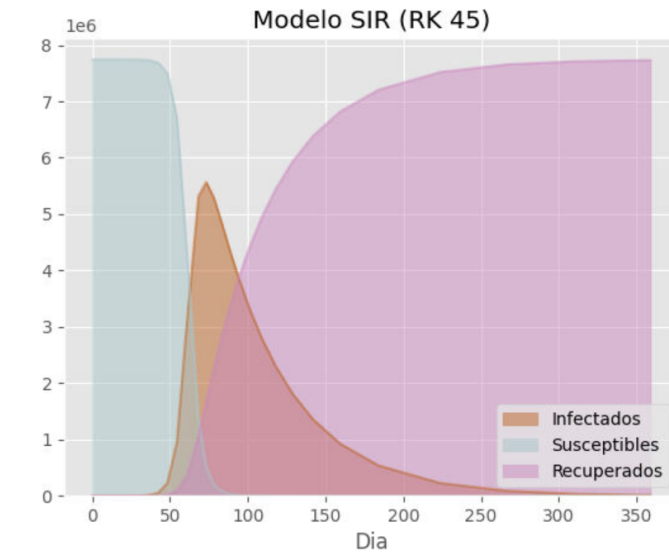


Gráfica 2.Resultados modelo SIR módulo odeint.

En un segundo momento, se presenta la aproximación realizada con el módulo de *solve_ivp* de la librería Scipy. Este módulo resuelve un problema de valor inicial para un sistema de ecuaciones diferenciales. El método recibe como parámetros una función, un intervalo de integración, las condiciones iniciales, el método de integración a realizar el cual en este caso RK45 (Runge-Kutta) que controla el error asumiendo la precisión de cuarto orden los pasos se toman utilizando la fórmula de quinto orden y los argumentos adicionales que recibe la función. Este método regresa los valores de la solución en un arreglo[5]. A continuación se presentan los resultados :



Gráfica 3.Resultados modelo SI módulo SIR (RK 45)



Gráfica 4.Resultados modelo SIR módulo SIR (RK 45)

Análisis de resultados:

- Como se evidencia en las gráficas 1 y 3 expuestas por el método SI, la población infectada se comporta de manera creciente en forma exponencial, crecimiento que si se lleva a la realidad no resulta posible. Este comportamiento se da debido a que se

ignora aquella parte de la población que aunque en un tiempo estuvo infectada, luego de algunos días ha superado la enfermedad y ya no hace parte de la población activa de infectados.

- Por otro lado, se encuentra en el modelo SIR (gráficas 2 y 4) por ambos métodos, que la población de infectados por el virus luego del día 50, el pico más alto, alcanza un valor mayor a los 5 millones de infectados, situación que en la realidad no se ve evidenciada. Esta diferencia resulta al no evaluarse en el modelo variables como las medidas tomadas por el gobierno nacional para la prevención, aglomeraciones espontáneas e impredecibles, entre otros.
- Al observar ambos modelos, se evidencia analíticamente un comportamiento similar aplicando tanto el método de Runge-Kutta como la herramienta Odeint, es por esto que se requiere realizar el cálculo del error de ambos métodos.

Teniendo en cuenta que estos son modelos de aproximación, se presentaron los siguientes errores, calculados a partir de set de 15 días cada uno.

	Errores SI	Errores SIR
0	5.300000e+01	5.300000e+01
1	4.463333e+02	4.592341e+02
2	1.624750e+03	5.359651e+02
3	1.123619e+05	4.422181e+04
4	3.250878e+06	1.306400e+06
5	7.526565e+06	5.487816e+06
6	7.733824e+06	4.771448e+06
7	7.732551e+06	3.548514e+06
8	7.724835e+06	2.602613e+06
9	7.713398e+06	1.897233e+06

Gráfica 5. Errores calculados ODEINT.

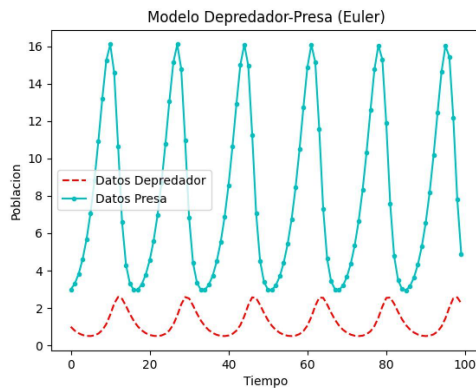
Análisis de errores:

- En primer lugar, en los valores de los errores calculados se observa que el modelo SI presenta valores mayores a partir del tercer set, lo que indica que el modelo SIR presenta una mayor aproximación a la realidad lo que deja en evidencia que el modelo SIR resulta de mayor utilidad.
- Además, gracias a la variable incluida en el modelo SIR, recuperados, la cual no se encuentra en el modelo SI, se evidencia que a medida que se avanza en el tiempo el modelo SI resulta tener un valor del error mayor mientras el modelo SIR se logra mantener en un mismo rango de error.

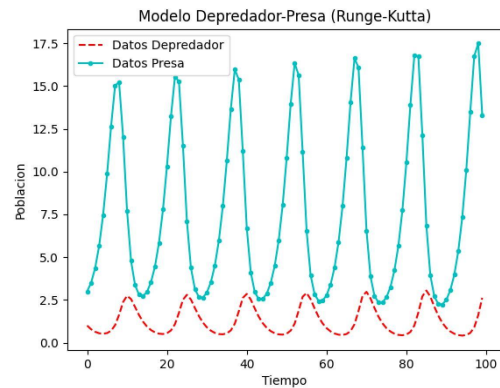
3. Segundo Punto: Modelo depredador-presa

Las especies interactúan entre ellas de diferentes maneras una de ellas es la relación de depredación en la que los individuos de una especie (depredadores) cazan a individuos de otra especie (presa) para subsistir. Las ecuaciones Lotka-Volterra son un sistema de ecuaciones de primer orden no lineales que se utilizan para describir el cambio en dichas poblaciones tras este tipo de interacciones biológicas[10].

Para la realización de este ejercicio, se utilizaron los métodos de Euler y Runge-Kutta.



Gráfica 6. Modelo Depredador-Presa Euler.



Gráfica 7. Modelo Depredador-Presa Runge-Kutta.

Análisis de los resultados:

- En los resultados obtenidos en las gráficas 6 y 7 se identifica un comportamiento periodico, en donde, la población de presas comienza su crecimiento al mantenerse la población de depredadores en un número bajo de población, sin embargo, luego de un tiempo la población de depredadores comienza a incrementar, lo que ocasiona que el crecimiento exponencial de la población de presas se detenga. Después de un periodo de tiempo en donde la población de presas tuvo una caída exponencial, la población de depredadores llega a su pico, o máximo local, es aquí donde empieza a decaer la población de depredadores al igual que la población de presas continúa decreciendo hasta el punto en donde comienza un nuevo ciclo de este comportamiento.
- Por otro lado, al comparar los resultados obtenidos con los diferentes métodos de resolución (gráficas 6 y 7) de ecuaciones diferenciales, se logra observar una gran diferencia analítica tanto en los máximos locales de cada gráfica como en las poblaciones que se obtienen al final del periodo de tiempo estudiado.

Cálculo de los errores: Teniendo en cuenta que estos son modelos de aproximación, se presentaron los siguientes errores, calculados a partir de un modelo tomado como referencia [6]

```
Error Relativo Presas Euler = 32.50144795414114%  
Error Relativo Depredadores Euler 3.2887305834856355%
```

```
Error Relativo Presas RK = 259.57279903535147%  
Error Relativo Depredadores RK 20.052283685084156%
```

Análisis de los errores:

- Gracias a los errores calculados, se observa que aunque el método de euler resulta obtener un menor porcentaje de error, ambos métodos obtienen un error relativo mayor a el 10% lo que genera desconfianza en el resultado de los modelos planteados.
- Además se evidencia que el mayor porcentaje de error se genera en el valor de presas, esto debido a que es aquella variable que sufre mayores fluctuaciones en el modelo generando dificultad en la precisión de sus datos.
- Por otro lado, el valor del error calculado a partir del valor de los depredadores en el caso del método de euler resulta ser menor al 5%, lo que representa que este método resulta más confiable y con resultados más aproximados a nuestro modelo de referencia.

4. Principales conclusiones.

- En conclusión, tanto el modelo SI como SIR ayudan a generar una aproximación y entender la forma en que se llega a comportar este virus en un tiempo determinado, sin embargo, el modelo SIR al ser un modelo que contempla más variables y mayores escenarios genera mayor precisión en sus resultados.
- Por otro lado, en modelos de depredador-presa se requiere buscar métodos diferentes al Runge-Kutta y a Euler para resolver ecuaciones diferenciales de primer orden debido a que la naturaleza del modelo genera que estos métodos no obtengan resultados con precisión. Aunque se concluye que el método de euler resulta obtener resultados más precisos que el método de Runge-Kutta.
- Además, a lo largo del documento se describe la gran utilidad que representan las ecuaciones diferenciales en modelos de predicción, ya que, estas representan razones de cambio de una o más variables.

5. Referencias

1. *Casos confirmados de COVID-19 | SALUDATA*. (2021, 23 abril). SALUDATA. <https://saludata.saludcapital.gov.co/osb/index.php/datos-de-salud/enfermedades-trasmisibles/covid19/>
2. Guevara, P., Valdez, J. S., Audelo, J., & Delgado, G. (2014, octubre). *Aproximación numérica del modelo epidemiológico SI para la propagación de gusanos informáticos, simulación y análisis de su error* (N.o 42). Tecnura. <http://www.scielo.org.co/pdf/tecn/v18n42/v18n42a02.pdf>
3. *scipy.integrate.LSODA — SciPy v1.6.3 Reference Guide*. (2021, 26 abril). SciPy. <https://docs.scipy.org/doc/scipy/reference/generated/scipy.integrate.LSODA.html#r838579b36be5-2>
4. The SciPy community. “scipy.integrate.odeint.” SciPy.org, 26 Abril 2021, <https://docs.scipy.org/doc/scipy/reference/generated/scipy.integrate.odeint.html>. Accessed 3 junio 2021
5. *scipy.integrate.solve_ivp — SciPy v1.6.3 Reference Guide*. (2021, 26 abril). SciPy. https://docs.scipy.org/doc/scipy/reference/generated/scipy.integrate.solve_ivp.html
6. fusion809. “Lotka-Volterra equation solver.” Github, <https://fusion809.github.io/LotkaVolterra/>.
7. Manrique-Abril, F. G. (2020, 7 abril). *Modelo SIR de la pandemia de COVID-19 en Colombia*. Scielo. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0124-00642020000200202#f1
8. Montesinos-López, O. A. (2007, julio). *Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas*. Scielo. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0036-36342007000300007
9. Ugalde, A. I. A. (2020, noviembre). *El modelo SIR básico y políticas antiepidémicas de salud pública para la COVID-19 en Cuba*. Scielo. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0864-34662020000500013#:~:text=El%20modelo%20SIR%20b%C3%A1sico%20es,%20%20susceptibles%20%20infectados%20y%20recuperados.
10. Asencio, J. (2017, septiembre). *Modelo DepredadorPresa de Lotka-Volterra*. <https://riull.ull.es/xmlui/bitstream/handle/915/6217/Modelo%20depredador-presa%20de%20Volterra-Lotka.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

