

Modelado SEIR del COVID-19 y sus dinámicas: simulaciones y análisis de bifurcaciones

Rafael Mejía Zuluaga - rmejiaz@unal.edu.co

Resumen—El presente documento es un análisis del artículo *SEIR modeling of the COVID-19 and its dynamics* [1]. Primero, se hace una breve descripción del modelo SEIR clásico y del modelo presentado por los autores, el cual es una versión mejorada del mismo. Luego, se presentan los resultados y el análisis de algunas simulaciones realizadas en *Python* y por último se exponen algunas conclusiones.

Palabras Clave— Modelo SEIR, Modelado Epidemiológico, COVID-19, Bifurcaciones

I. INTRODUCCIÓN

El modelo SEIR clásico parte de un principio fundamental el cual consiste en dividir a la población total en cuatro grupos diferentes: S (susceptibles), E (expuestos), I (infectados) y R (recuperados). La idea es que a medida que pasa el tiempo, todos los individuos de la población van a pertenecer a todos los grupos, siguiendo la ruta $S \rightarrow E \rightarrow I \rightarrow R$. Las variables del sistema son precisamente la cantidad de personas en cada uno de estos grupos. El modelo también parte de la base que la cantidad total de individuos N se mantiene constante (no toma en cuenta los nacimientos ni las muertes), por lo que la cantidad de personas que salen de un grupo necesariamente deben entrar a otro de los grupos, y en todo momento se cumple $N = S + E + I + R$.

El modelo propuesto por los autores es una versión ampliada de este modelo, en el cual se incluyen dos variables más: H (hospitalizados) y Q (en cuarentena). Además, se divide la categoría de infectados en dos grupos: I_1 (infectados sin intervención) e I_2 (infectados con intervención).

A diferencia del modelo SEIR clásico, en este modelo se tienen dos canales principales, el primero es $S \rightarrow E \rightarrow I_1 \rightarrow R$ y el segundo $S \rightarrow Q \rightarrow I_2 \rightarrow H \rightarrow R$. El primer caso ilustra el comportamiento natural de una pandemia y equivale al SEIR clásico, mientras que el segundo hace referencia a los mecanismos de control impuestos por los gobiernos tales como cuarentenas y hospitalizaciones. Por último, otra diferencia importante de este modelo con respecto al SEIR clásico es que en este los individuos pueden pasar de R nuevamente a S , pues se ha demostrado que es posible contagiarse más de una vez. A continuación se muestra el modelo propuesto:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\frac{S}{N}(\beta_1 I_1 + \beta_2 I_2 + \chi E) + \rho_1 Q - \rho_2 S + \alpha R \\ \dot{E} = \frac{S}{N}(\beta_1 I_1 + \beta_2 I_2 + \chi E) - \theta_1 E - \theta_2 E \\ \dot{I}_1 = \theta_1 E - \gamma_1 I_1 \\ \dot{I}_2 = \theta_2 E - \gamma_2 I_2 - \varphi I_2 + \lambda(\Lambda + Q) \\ \dot{R} = \gamma_1 I_1 + \gamma_2 I_2 + \phi H - \alpha R \\ \dot{H} = \varphi I_2 - \phi H \\ \dot{Q} = \Lambda + \rho_2 S - \lambda(\Lambda + Q) - \rho_1 Q \end{cases} \quad (1)$$

En los cuadros I y II se pueden ver las descripciones de las variables y los parámetros del modelo respectivamente.

La figura 1 muestra un diagrama de flujo del modelo con los diferentes canales.

Variable	Descripción
S	Susceptibles
E	Expuestos
I_1	Infectados sin intervención
I_2	Infectados con intervención
R	Recuperados
Q	En cuarentena
H	Hospitalizados

Cuadro I

DESCRIPCIÓN DE LAS VARIABLES DEL SISTEMA

Parámetros	Descripción
α	Tasa de inmunidad temporal
β_1, β_2	Tasa de transmisión por contacto con la clase de infectados
χ	Probabilidad de transmisión por contacto con individuos expuestos
θ_1, θ_2	Tasa de transición de individuos a la clase de infectados
γ_1, γ_2	Tasa de recuperación de infectados sintomáticos a recuperados
φ	Tasa de transición de infectados con síntomas a hospitalizados
ϕ	Tasa de recuperación de individuos infectados en cuarentena
λ	Tasa de transición de individuos en cuarentena a infectados
ρ_1, ρ_2	Tasa de transición entre susceptibles y en cuarentena y vice versa
Λ	Entrada externa de otros países o regiones

Cuadro II

DESCRIPCIÓN DE LOS PARÁMETROS DEL SISTEMA

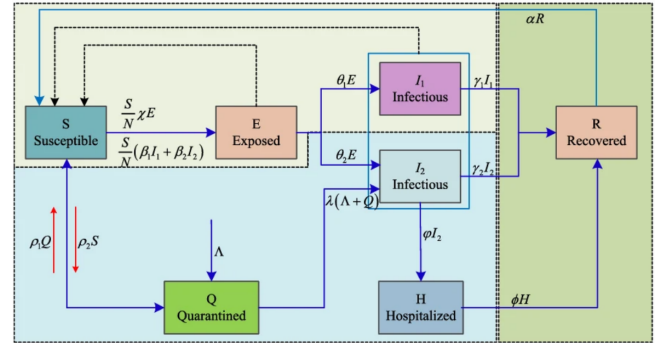


Figura 1. Diagrama de flujo del modelo