

# Modelado SEIR del COVID-19 y sus dinámicas

Rafael Mejía Zuluaga - rmejiaz@unal.edu.co

## I. INTRODUCCIÓN

El presente documento es una réplica del artículo *SEIR modeling of the COVID-19 and its dynamics*. En este se simula el modelo propuesto por los autores y se realiza un análisis de bifurcaciones.

## II. MODELO SEIR

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 media 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 categorías 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 volver a contagiarse después de haber estado infectado y haberse recuperado. A continuación se muestra el modelo propuesto:

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

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

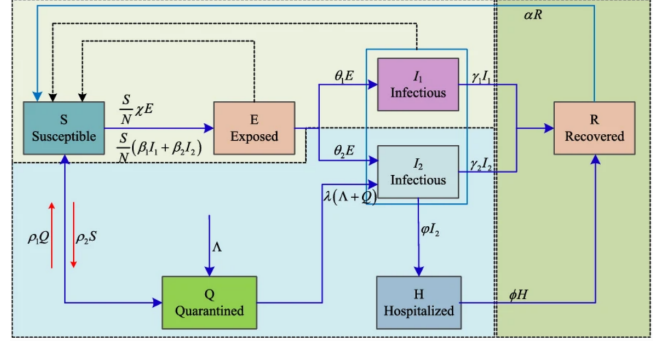


Figura 1. Diagrama de flujo del modelo