

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, Predicciones

I. INTRODUCCIÓN

Los modelos SEIR son ampliamente utilizados en el campo de la epidemiología para modelar el compartimiento de enfermedades infecciosas como lo es en la actualidad el COVID-19. Utilizando estos modelos es posible hacer predicciones con respecto a la evolución y propagación de enfermedades infecciosas dentro de una población, que luego pueden ser utilizadas por los entes gubernamentales en la toma de decisiones.

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 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.

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

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

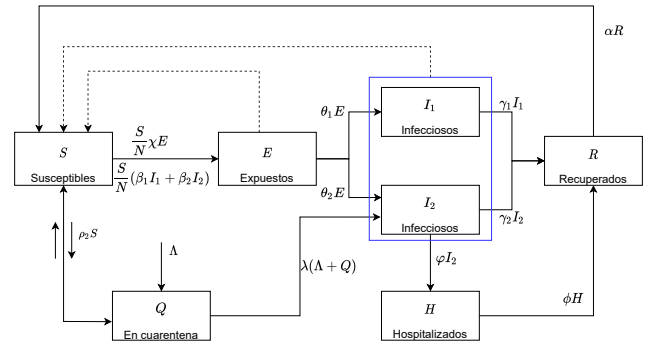


Figura 1. Diagrama de flujo del modelo

Como puede verse, el modelo tiene una gran cantidad de parámetros, los cuales deben ser cuidadosamente seleccionados según las dinámicas de cada región. Por ejemplo, los mecanismos de control impuestos por los gobiernos pueden variar en cada país.

En el caso del artículo original, se utiliza el algoritmo PSO (*particle swarm optimization*) para estimar los parámetros del modelo de acuerdo a un conjunto de datos de la provincia de Hubei, en China, de donde también se toman las condiciones iniciales del sistema.

Los cuadros ?? y III muestran las condiciones iniciales y los parámetros utilizados.

La figura 2 muestra una simulación del problema de valor

Parámetros	Valores
α	$1,2048 \times 10^{-4}$
β_1	$1,0538 \times 10^{-1}$
β_2	$1,0538 \times 10^{-1}$
χ	$1,6221 \times 10^{-1}$
θ_1	$9,5 \times 10^{-4}$
θ_2	$3,5412 \times 10^{-2}$
γ_1	$8,5 \times 10^{-3}$
γ_2	$1,0037 \times 10^{-3}$
λ	$9,4522 \times 10^{-2}$
ρ_1	$2,8133 \times 10^{-3}$
ρ_2	$1,2668 \times 10^{-1}$

Cuadro III

PARÁMETROS UTILIZADOS ESTIMADOS A PARTIR DEL ALGORITMO PSO

inicial, utilizando los mismos parámetros y valores iniciales del artículo.

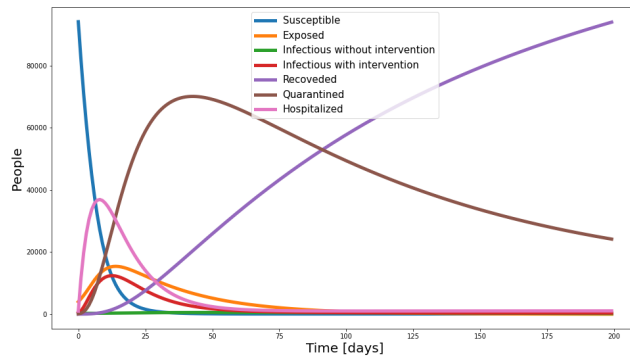


Figura 2. Solución numérica del problema de valores iniciales realizada en Python

Esta y todas las simulaciones presentadas en este artículo pueden ser consultadas en el siguiente enlace: <https://github.com/Rmejiaz/ModeladoSimulacion/blob/main/Cuadernos/Proyecto.ipynb>