

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.

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

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:

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

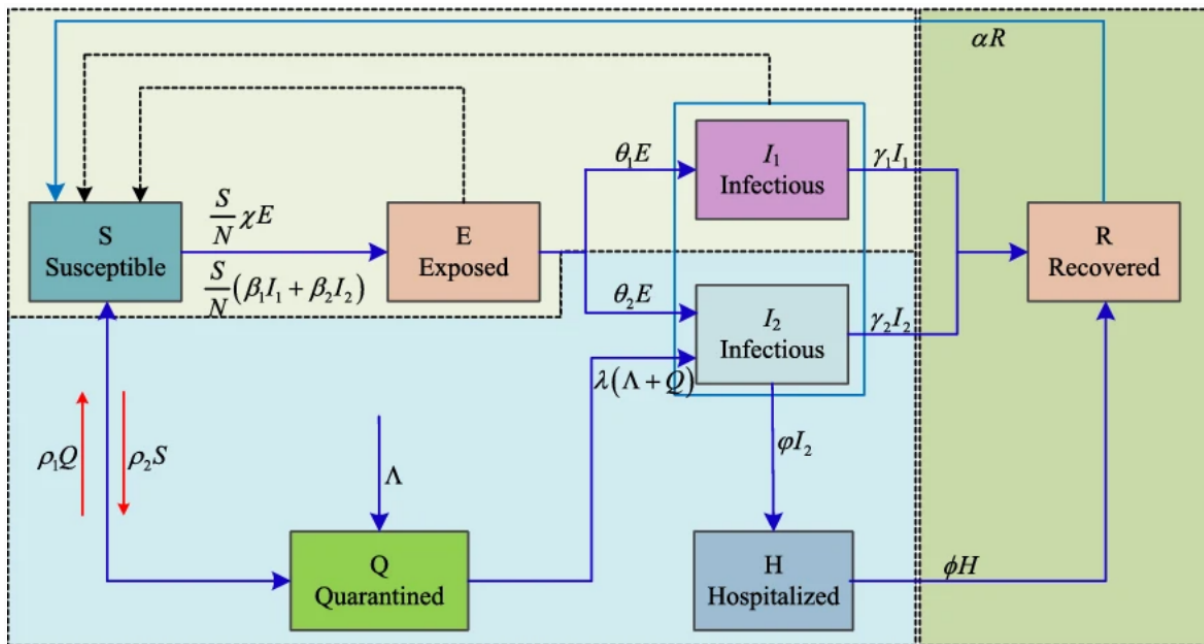


Figura 1. Diagrama de flujo del modelo