



En la clase pasada vimos que un sistema de EDOs para describir la propagación de una epidemia está dado, en su forma más simple por:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta(S(t)I(t)) \quad [1]$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S(t)I(t) \quad [2]$$



Donde β es una constante cuyo significado revelaremos a continuación. Para poder resolver estas ecuaciones y obtener las funciones que nos permitirán predecir cómo evolucionará la epidemia usaremos métodos muy populares en matemáticas. Puedes profundizar en este curso de ecuaciones diferenciales [aquí](#). En nuestro caso particular usaremos trucos poco comunes pero necesarios para esta situación específica.

Revisemos la solución en un paso a paso detallado:

1. Suponemos que la población total N es constante por lo que siempre se cumple que $S(t) + I(t) = N$. De esto despejamos así $S(t) = N - I(t)$ y lo usamos para obtener una sola ecuación con una sola incógnita.
2. De lo cual la segunda ecuación diferencial se convierte en:

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= \beta (N - I(t)) I(t) = (\beta N) I(t) - \beta I(t)^2 \\ I'(t) &= (\beta N) I(t) - \beta I(t)^2 \quad [3] \end{aligned}$$



3. La ecuación que acabamos de obtener pertenece a una clase especial de ecuaciones denominada ecuaciones diferenciales de Bernoulli, y para estas podemos definir una nueva variable así:

$$y(t) = 1/I(t)$$



4. Donde el cambio para la derivada se traduce en $y'(t) = -I'(t)/I(t)^2$. Ahora, reemplazando todo lo anterior en la ecuación [3] nos permite obtener la siguiente ecuación lineal:

$$y'(t) = \beta (1 - Ny(t)) \quad [4]$$



5. La cual se resuelve fácilmente con el método de separación de variables para obtener una solución con la forma:

$$I(t) = \frac{N}{1 - Ae^{-N\beta t}} \quad [5]$$



6. Donde, A es una constante que se determina por la condición inicial del problema. En nuestro caso la condición inicial problema es la cantidad de personas infectadas al inicio de nuestro sistema. Lo usual es definir que al principio siempre existe al menos 1 persona infectada, y esto lo podemos definir así $I(t) = 1$
7. Al reemplazar la condición inicial en la ecuación [5] obtenemos ahora:

$$I(t) = \frac{N}{1 - (1-N)e^{-N\beta t}} \quad [6]$$



8. Finalmente, de la ecuación [6] podemos obtener también la función para el número de individuos susceptibles con la relación:

$$S(t) = N - I(t) = N - \frac{N}{1 - (1-N)e^{-N\beta t}} \quad [7]$$



Y así, hemos obtenido funciones que nos permiten saber cómo evolucionan las variables del sistema dinámico para cualquier valor del tiempo. Ahora, igual que hicimos con el ejercicio del péndulo, podemos escribir código en Python que nos permita visualizar las predicciones que se derivan de estas funciones.

Primero importamos las librerías necesarias y definimos los parámetros y funciones de nuestro modelo:

```
[11]
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# poblacion total fija
n = 100.0
# parametros modificables
i0 = 1.0
beta = 0.003
def i(i0, beta, t): return n*i0/(i0-(i0-n)*np.exp(-n*beta*t))
def s(*args): return n - i(*args)
```

Así, hemos definido la población total con 100 personas y un solo individuo inicialmente infectado, mientras que el valor de β lo hemos definido de forma arbitraria, por ahora. Luego creamos listas de elementos que constituyen las tablas de datos sobre las cuales graficamos nuestras funciones:

```
[12]
t_array = np.arange(0,50,1)
i_array = i(i0, beta, t_array)
s_array = s(i0, beta, t_array)
print(t_array)
print(i_array)
```

```
[ 0  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23
 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47
 48 49]

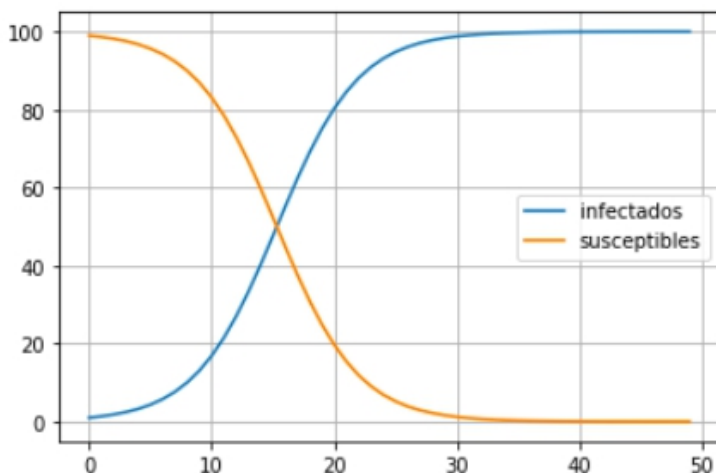
[ 1.          1.34515267  1.80726097  2.42421913  3.244833    4.33090058
 5.75884604  7.62010056 10.0189585  13.06618087 16.86647887 21.49874838
26.99019983 33.28951065 40.2485411  47.62379509 55.10416192 62.36054973
69.10174235 75.11733815 80.29571528 84.61710363 88.1308511  90.92804052
93.11749982 94.80871536 96.10175134 97.08263058 97.8222933  98.37755778
98.79298967 99.10301869 99.33395146 99.50572585 99.63336302 99.7281303
99.79845195 99.8506115  99.88928741 99.91795855 99.93920928 99.95495803
99.96662819 99.97527542 99.9816824  99.98642935 99.98994626 99.99255181
99.99448214 99.99591221]
```

En el ejemplo vemos que estamos tomando el tiempo desde 0 hasta 49 días y así mismo podemos ver la otra lista con el número de infectados total, día a día. Aquí lo extraño es ver que un día tenga 1.80 infectados y estos números no deben preocuparnos pues son simplemente aproximaciones que se derivan en que estamos usando una variable

continua para aproximar un fenómeno que es discreto. Así por ejemplo, que en el día 2 haya 1.80 infectados y luego en el día 3 haya 2.42 infectados nos indica que aproximadamente le toma a la epidemia entre dos y tres días alcanzar un total de dos personas infectadas. Ahora, una visualización completa del comportamiento en el tiempo la obtenemos así:

```
plt.plot(t_array, i_array, label = 'infectados')
plt.plot(t_array, s_array, label = 'susceptibles')
plt.grid(True)
plt.legend()
plt.show()
```

[15]



Platzi

Donde el eje horizontal es el tiempo en días y el eje vertical es el número de individuos. Varios hechos observamos de este gráfico:

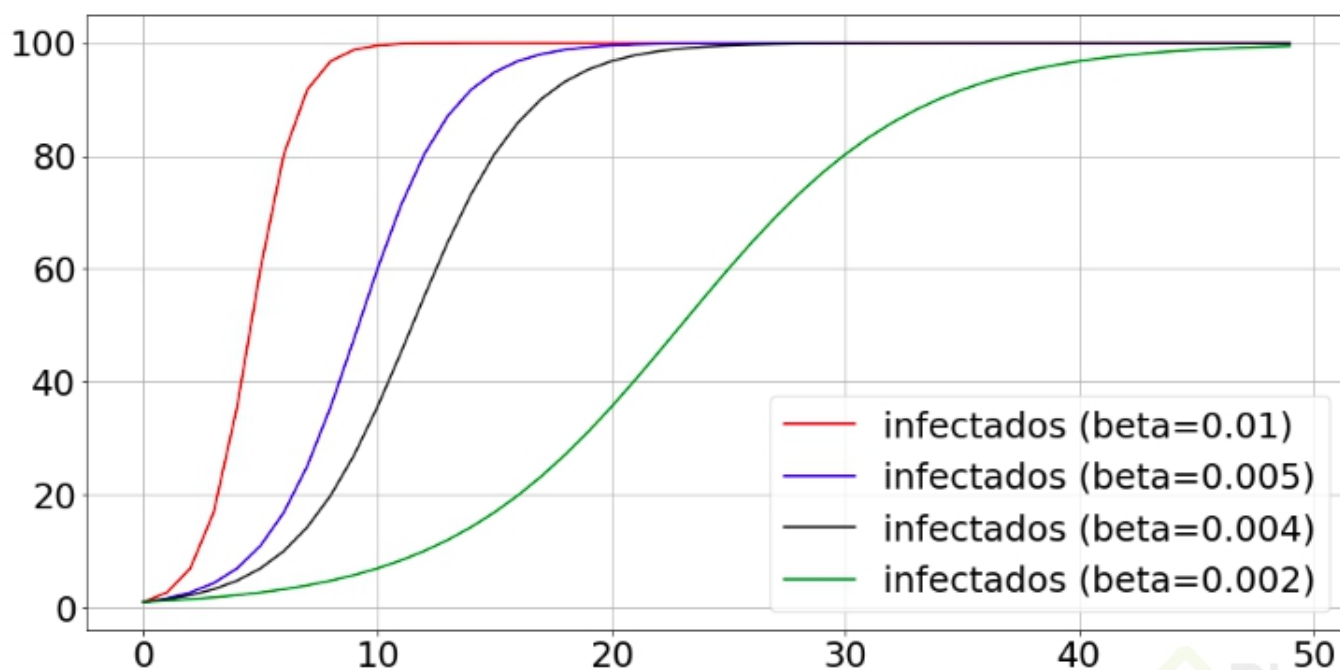
1. Después de aproximadamente 30 días, toda la población resulta afectada.
2. El número de infectados siempre aumenta porque no estamos asumiendo dentro del modelo la posibilidad de recuperación de los individuos.

Como ves, las predicciones que se derivan de este modelo son algo obvias pero totalmente coherentes a la luz de las simplificaciones que incluimos en nuestro modelo.

Ahora te propongo un ejercicio adicional, calculando las soluciones de nuestro sistema para diferentes valores del parámetro β como se ve a continuación:

[15]

```
fig = plt.figure(figsize=(16,8))
for color, beta in zip(['r','b','k','g'],[0.01, 0.005, 0.004, 0.002]):
    t_array = np.arange(0,50,1)
    i_array = i(i0, beta, t_array)
    s_array = s(i0, beta, t_array)
    plt.plot(t_array, i_array, c = color, label = 'infectados (beta={})'.format(beta))
plt.grid(True)
plt.legend(fontsize=25)
plt.xticks(fontsize=25)
plt.yticks(fontsize=25)
plt.show()
```



En este caso solo usamos las curvas de población de infectados. Lo que vemos es que a medida que el parámetro β crece, la curva alcanza el máximo en menos tiempo, esto indica que el parámetro β es una medida de la rapidez de propagación de la epidemia y ese es el modo en que debemos interpretar este número.

El hecho de que podamos predecir el valor de una variable para cualquier instante de tiempo futuro o pasado es lo que entendemos por un sistema determinístico, ya que su evolución está completamente determinada por una regla claramente definida. Es así, como el lenguaje de las ecuaciones diferenciales, aplicadas a estas situaciones, nos permite codificar el concepto de determinismo en números concretos. En este [link](https://platzi.com/clases/1899-modelos-numericos/30807-el-lenguaje-del-determinismo-y-las-edos/) puedes ver el notebook completo con el código.