



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

FÍSICA COMPUTACIONAL

*PROYECTO FINAL, MODELACIÓN COVID-19 CON ECUACIONES
DIFERENCIALES*

Covarrubias Yeffal Ricardo

Escamilla del Angel Santiago

García Ward André Sebastián

Profesores: Roxana Mitzayé del Castillo Vázquez, José Francisco Favela Pérez

Fecha 03/02/2022

Resumen

En este reporte se muestra los resultados de la implementación del modelo SIR y 2 variantes (SEIR y SIRD) cuyos sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias fueron calculados mediante el método computacional de Euler y Runge-Kutta de orden cuatro, con la finalidad de modelar el comportamiento de una epidemia causada por el virus SARS-Cov2 en la población mexicana. Los resultados fueron los esperados conforme a las suposiciones y condiciones de los modelos. Asimismo, el error reportado de los métodos numéricos estuvo en el orden de 10^{-5} .

1. Introducci3n

La modelaci3n matemática ha mostrado ser una herramienta poderosa para una gran variedad de disciplinas del conocimiento humano. La situaci3n actual de pandemia causada por el SARS-Cov2 ha expuesto a3n mās la importancia de este tipo de modelos y su capacidad para hacer estimaciones, as3 como coadyuvar en la implementaci3n de pol3ticas de salud p3blica.

El modelo Susceptible-Infectado-Recuperado es un enfoque clāsico para describir la propagaci3n de enfermedades contagiosas.

El grupo S corresponde al grupo de individuos susceptibles a la enfermedad transmisible. Son personas que no tienen inmunidad, por lo que son propensos a infectarse si se exponen. La segunda clase I representa a los infectados, los cuales son capaces de infectar a los demās al entrar en contacto. Por 3ltimo, la clase R corresponde a los individuos recuperados de la infecci3n, es decir, aquellos individuos que tienen o han tenido la infecci3n y que se convierten en inmunes a la enfermedad y no afectan a la dināmica de la transmisi3n de la enfermedad, en esta clase tambi3n se incluyen a las muertes a excepci3n de algunas variantes del modelo.



Figura 1: Esquema de un modelo SIR

El modelo SIR es determinista, hace el uso de un sistema ecuaciones diferenciales ordinarias y son necesarias ciertas suposiciones para su implementaci3n.

Primero, la poblaci3n se considera cerrada, no se toman en cuenta factores de migraci3n y movilidad de personas extranjeras, (por lo que nos limitamos a un pa3s o regi3n). Ademās, el n3mero de personas permanece constante a lo largo del tiempo, no se incluyen nuevos nacimientos y la suma entre las distintas clases es igual al total de la poblaci3n. Esta consideraci3n es usada cuando la epidemia se lleva a cabo en un intervalo corto de tiempo. Los casos de los virus SARS, MERS y el mismo SARS-Cov2 son buenos ejemplos de este escena-

rio. Por 3ltimo, se considera a la poblaci3n como una distribuci3n homog3nea y que el per3odo de incubaci3n de la infecci3n es despreciable, sin embargo en el modelo SEIR el periodo de incubaci3n s3 es incluido.

Las variantes utilizadas en este reporte son la SIRD y la SEIR, las cuales solo se diferencian con respecto a al modelo SIR, en que se agrupa a los fallecidos en un grupo aparte y a que el per3odo de incubaci3n de la infecci3n si es tomado en cuenta, respectivamente.

En matemáticas y ciencias de la computaci3n, el m3todo de Euler es un procedimiento num3rico de primer orden para resolver ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO) con un valor inicial dado. Es el m3todo expl3cito mās bāsico de integraci3n num3rica de ecuaciones diferenciales ordinarias.

El m3todo Runge-Kutta intenta superar el problema del m3todo de Euler, en cuanto a la elecci3n de un tama3o de paso suficientemente peque3o, para alcanzar una precisi3n razonable en la resoluci3n del problema. Este m3todo es eficaz y ampliamente utilizado para resolver los problemas de valores iniciales de las ecuaciones diferenciales. Una de sus grandes virtudes es que se puede construir un m3todo num3rico preciso y de alto orden por las propias funciones sin necesidad de las derivadas de alto orden de las funciones.

Adicionalmente, el m3todo de Euler hacia adelante es en realidad el m3todo RK mās simple (primer orden). Sin embargo, el m3todo RK mās popular es el de orden cuatro, ya que ofrece un buen equilibrio entre orden de precisi3n y coste de cālculo. Ademās, resulta ser dentro de esta familia de m3todos el de mayor orden que requiere el mismo n3mero de etapas que el orden de precisi3n (RK5=6 etapas). Mās allā del cuarto orden, los m3todos RK se vuelven relativamente mās caros de calcular.

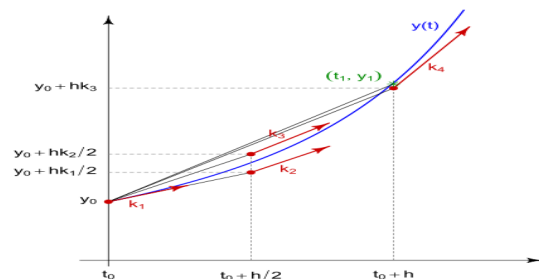


Figura 2: Imagen representativa del m3todo RK.

2. Método

Los métodos de Euler y Runge Kutta resuelven sistemas de ecuaciones diferenciales de tres y cuatro ecuaciones con el respectivo mismo número de funciones. Todos los sistemas cuentan con constantes las cuáles representan tasas de cambio y modelan la dinámica entre las distintas clases en los que se consideran a las personas. La constante β representa la probabilidad de contagio al presentarse un contacto entre un infectado y una persona susceptible. Esta puede aumentar o disminuir dependiendo de factores como el uso de cubrebocas o una variante del virus más contagiosa. Otra constante importante es γ , donde su recíproco representa los días promedio de duración de la infección, es decir cuánto tiempo esa persona va a infectar a otras. Por último, μ y ϵ representan la probabilidad de muerte debido a la infección y la inversa del tiempo promedio de incubación del virus (tiempo en el cual la persona está infectada pero todavía no tiene la capacidad de infectar a otras) respectivamente.

Para terminar de hablar de los métodos utilizados es necesario mencionar los errores numéricos que tiene cada uno de ellos. Sabemos que el método de Euler es uno de primer orden, esto implica que el error numérico local es proporcional al cuadrado del tamaño del paso, y el error numérico global es proporcional al tamaño del paso. Gracias a que este error es considerable, este método es utilizado comúnmente para construir otros métodos más complejos. Para reducir los errores muchas veces se recurre a generar particiones similares a las que se usan para los métodos de integración dentro del código (para ver un ejemplo recurrir [8])

Así mismo, en el método de Runge-Kutta los errores se caracterizan por nuevamente existir un error global que se ve afectado por otros dos errores del método: El error local del paso, denotado $\delta(y_{n-1}, h_n)$ y la propagación del error global de los pasos anteriores. Para tener la mayor eficiencia en el uso del método de Runge-Kutta se adecúan las longitudes del paso, de forma que existe una tolerancia tal que el error no la pueda sobrepasar. Si el error pasa esta tolerancia entonces la longitud del paso debe disminuir. Es claro que si los pasos son en extremo pequeños, la eficiencia computacional será muy pobre, esto pasa porque dicha eficiencia

depende del número de pasos que se dan para aplicar los métodos numéricos. Ahora bien, aunque el error estimado de cada paso se encuentre dentro de la tolerancia esto no nos garantiza que la solución final obtenida para el problema sea aceptable, esto se debe a que la propagación de los errores intermedios no ha sido considerada. Para evitar este problema lo que se hace normalmente es controlar el error global del código, esto claramente aumenta el coste computacional ya que se debe obtener otra solución nueva, de modo que se utiliza otro método computacional para controlar el error. Ahora bien, este cálculo generalmente utiliza un par de códigos de RK de tal forma que la segunda solución no afecta a la eficiencia computacional, para ver ejemplos concretos recurrir a [9].

3. Resultados

El modelo SIR calculado mediante Euler y RK4 (Figuras 1 y 2) muestra una evolución de la epidemia en la que la población susceptible decrece, conforme la población infectada y recuperada aumenta. Los infectados alcanzan un pico cerca de los 40 millones de personas, para posteriormente decrecer hasta llegar a cero, conforme la gente va recuperándose (o muriendo, ya que este modelo la clase R, incluye ambos casos). El periodo de epidemia duró aproximadamente 150 días, ya en ese momento los infectados llegan a cero. Además, existe un subconjunto de personas susceptibles que nunca contrajeron el virus por lo que la función S, permanece constante después del punto donde $I(t)=0$.

Un punto a destacar es el que se expone en la Figura 3, en esta es posible observar el pico de contagios que se generan debido a distintos valores de β . Esta constante, determina en gran medida la evolución de la epidemia, para el caso donde β es mayor, la epidemia dura menos, debido a que la mayoría de la población se infecta rápidamente, llegando incluso a un pico con 60 millones de contagiados en cierto momento. Una epidemia así significaría el desbordamiento de cualquier sistema de salud. Por el contrario, los casos donde β es menor, la epidemia no sucede. Esto se debe a el parámetro de R_0 (número reproductivo básico):

$$R_0 = \frac{S_0\beta}{\gamma} < 1 \quad (1)$$

Este define si se presentará un brote epidémico o no, para el caso de las primeras tres figuras donde $S_0 = 1$, cuando $\beta = 1$. Sin embargo, también se destaca el caso donde aún existiendo brote ($\beta=0.2$) epidémico este es menor y con una mayor amplitud en el tiempo, un pico de contagios menor. Este tipo de escenarios son ejemplo de la importancia del uso de cubrebocas, sanitizantes y distintas medidas las cuales permiten que el avance de la infección sea menor.

En la Figura 4, podemos observar una gráfica logarítmica del modelo SIR, en esta es aún más claro el veloz crecimiento de los infectados y los recuperados, hasta alcanzar un el punto máximo de contagios, a partir de ahí las infecciones decrecen con gran rapidez mientras que los recuperados siguen aumentando pero con una menor velocidad

Adicionalmente, las gráficas del modelo SEIR (Figuras 5,6 y 7) muestran la misma esencia de las gráficas anteriores, a diferencia de que el hecho de incluir el tiempo de incubación ralentiza el avance del virus. Podemos observar que los picos de contagio en el modelo SEIR fueron menores y en un lapso de tiempo mayor.

Por ultimo, el modelo SIRD es de gran interés pues intenta modelar las muertes, lo cual es una parte de extrema relevancia en las epidemias. Observamos en las figuras 8 y 9 que el escenario estimado es bastante catastrófico al proyectar aproximadamente 3.5 millones de muertes. Lo que significa que aproximadamente el poco menos del equivalente al 3 % de la población muere, lo que representa un escenario de evolución libre de la epidemia, donde casi la totalidad de las personas se contagian y justamente el porcentaje correspondiente a μ de ellos fallecen.

4. Conclusiones

Se concluye que los métodos utilizados resultaron apropiados para la resolución del problema matemático planteado. La modelación de una epidemia causada por el SARS-Cov2 fue adecuada y cumplió con lo esperado dentro de las limitaciones y suposiciones expuestas en la Introducción. El error reportado fue bueno ya que estuvo dentro del orden del 10^{-5} .

Por otro lado, los modelos implementados muestra-

ron virtudes como predecir que el pico de contagios sería aproximadamente en 3 meses, una vez empezado la propagación del virus. Mostró el comportamiento esperado en caso de una evolución libre de la epidemia, donde cualquier servicio de salud existente en el mundo hubiera colapsado y un número de muertes bastante elevado, pues prácticamente se infecta la totalidad de la población y su muerte se deja a la probabilidad determinada por μ .

Sin embargo, los modelos presentan limitaciones desde sus mismas suposiciones ya que, las condiciones que se asumen no son realistas para un mundo globalizado e interconectado como el de la actualidad, por lo que los modelos presentados aumentarán su capacidad de predicción y estimación en poblaciones pequeñas y aisladas. Además, no se toman en cuenta multitud de factores adicionales, como las vacunas, la pérdida temporal de inmunidad, nuevas variantes, cuarentenas, edades o la distribución de la población en un país entero. También se omiten factores que aumenten la probabilidad de muerte como un sistema de salud deficiente o una población con múltiples comorbilidades. Las epidemias son eventos complejos y las pandemias aún más, los cuales hace muy difícil la creación de modelos fieles a la realidad, sin embargo han mostrado ser útiles aún así para la toma de decisiones.

Referencias

- [1] Pliego, Emilene. (2011) Modelos Epidemiológicos de Enfermedades Virales Infecciosas [Tesis de Licenciatura, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla].<https://www.fcfm.buap.mx/assets/docs/docencia/tesis/matematicas/EmileneCarmelitaPliegoPliego.pdf>
- [2] Leandro-Astorga G, Barrientos CI. Infección por COVID-19 en población adulta mayor: recomendaciones para profesionales. *Rev Med Cos Cen.* 2020;86(629):44-50.
- [3] Shane Crotty, Center for Infectious Disease and Vaccine Research, La Jolla Institute for Immunology (LJI), Department of Medicine, Division of Infectious Diseases and Global Public Health, University of California, San Diego (UCSD), La Jolla, CA, USA.
- [4] Hernández Fernández, J. (2021). La variante delta del COVID-19: ¿qué podemos esperar?. *Revista Mutis*, 11(2), 5-7. <https://doi.org/10.21789/22561498.1809>
- [5] Amit Agrawal, Rajneesh Bhardwaj (2021). Probability of COVID-19 infection by cough of a normal person and a super-spreader. <https://doi.org/10.1063/5.0041596>
- [6] Najera Hector, Ortega-Ávila Ana G. (2020). Health and Institutional Risk Factors of COVID-19 Mortality in Mexico, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.amepre.2020.10.015>
- [7] INEGI (2021) Características de los nacimientos registrados en México durante 2020 <https://www.inegi.org.mx/contenidos/saladeprensa/boletines/2021/EstSociodemo/NamtosRegistrados2020.pdf>
- [8] José S. Cánovas Peña (2009), Métodos numéricos para ecuaciones diferenciales <https://www.dmae.upct.es/~jose/metodos/numer4.pdf>
- [9] Joseba Makazaga Odria (2007), Sobre los errores locales y globales de la integración de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias mediante métodos de Runge-Kutta explícitos. <http://www.sc.ehu.es/ccwmaodj/ik/thesis-web.pdf>