

Estudio numérico sobre la propagación de enfermedades infecciosas

Pablo Menéndez Trillo
Álex Panera Álvarez



Universidad de Oviedo

Facultad de Ciencias

Métodos Numéricos y sus Aplicaciones a la Física

2019-2020

Índice

1. Introducción	2
2. Modelaje matemático de epidemias	3
2.1. Modelo SIR	3
2.2. Modelo SIR con nacimientos y muertes	3
2.3. Modelo SIR con muertes, nacimientos y vacunación	5
3. Cadena de Markov	6
3.1. Planteamiento	6
3.2. Simulación en función de los coeficientes	8
3.2.1. Caso 1	8
3.2.2. Caso 2	8
3.2.3. Caso 3	9
3.2.4. Caso 4	10
3.2.5. Caso 5	12
3.2.6. Derivadas	14
3.3. Estimación del estado inicial	16
4. Simulación dinámica de una población de 200 habitantes	20
4.1. Planteamiento	20
4.2. Movimiento libre	22
4.2.1. Caso 1	23
4.2.2. Caso 2	23
4.2.3. Caso 3	24
4.3. Cuarentena	25
4.3.1. Caso 1	26
4.3.2. Caso 2	28
4.3.3. Caso 3	29
4.4. Confinamiento	29
4.4.1. Caso 1	30
4.4.2. Caso 2	30
4.4.3. Caso 3	30
4.5. Cuarentena y confinamiento	31
4.5.1. Caso 1	31
4.5.2. Caso 2	32
4.5.3. Caso 3	33
4.6. Comparativa: movimiento libre, cuarentena y confinamiento	33
5. Conclusión	36
6. Métodos numéricos empleados	37
6.1. <code>scipy.integrate.odeint</code>	37
6.2. <code>numpy.diff</code>	37
6.3. <code>sympy.poly</code>	37
6.4. <code>scipy.optimize.nnls</code>	37
6.5. <code>numpy.linalg.solve</code>	37
6.6. <code>numpy.trapz</code>	37

1. Introducción

La epidemiología es la disciplina científica de la medicina que estudia la distribución, frecuencia y factores determinantes de las enfermedades que afectan a la población humana. En este informe trataremos el ámbito numérico que atañe a la epidemiología, es decir, el impacto que una determinada enfermedad causa a una determinada población, en cuanto al número de habitantes que se ven afectados en cada instante de tiempo.



Figura 1: Imagen de Leonard Beard

Decidimos decantarnos por este tema, dado el creciente interés que ha despertado esta disciplina con la pandemia del COVID-19. Hemos abordado el tema desde 3 puntos de vista distintos, y nos hemos centrado en el tratamiento numérico y computacional de los datos. Dividiendo de esta forma la población según su estado con respecto a la enfermedad, es decir, en **sanos**, **enfermos**, **curados** y **muertos**.

En primer lugar, veremos el modelaje matemático de epidemias, donde mediante sistemas de ecuaciones diferenciales que relacionan los diferentes grupos de población, obtendremos una serie de representaciones de los resultados esperados. Presentaremos el modelo SIR y sus variantes más destacadas.

Seguidamente, nos serviremos del modelo o cadena de Markov, donde haremos uso de matrices con coeficientes, que tendrán toda la información necesaria para describir la evolución de la epidemia a lo largo del tiempo.

Por último, construiremos una simulación con bolas en una caja bidimensional, donde estás interaccionarán entre sí infectándose unas a otras, al igual que ocurre, por ejemplo, en una ciudad, y veremos como las representaciones correspondientes a estos datos concuerdan con nuestros modelos teóricos. Esta simulación se ha inspirado en un artículo publicado en The Washinton Post [1]

2. Modelaje matemático de epidemias

2.1. Modelo SIR

En este apartado vamos a explicar y resolver el modelo SIR y sus principales variantes para el modelaje matemático de epidemias.

Este modelo trata de explicar el efecto poblacional de las epidemias mediante 3 grupos, S de **susceptibles**, I de **infectados** y R de **recuperados**. La suma de los 3 grupos representa el total de la población n . Los *susceptibles* son aquellos que no han tenido la enfermedad y podrían contraerla, pasando en ese caso a formar parte del grupo de *infectados*, hasta recuperarse y pasar al tercer y último grupo, los *recuperados*.

En este primer modelo no se tienen en cuenta las muertes ni los nacimientos, luego n no varía. Es el más simple, surgiendo a partir de él otros modelos que trataremos. Las ecuaciones diferenciales que rigen el modelo son:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}\tag{1}$$

donde β es la tasa de transmisión, y γ es la tasa de recuperación, de forma que el periodo medio de recuperación corresponde con $\frac{1}{\gamma}$.

Nosotros hemos resuelto estas ecuaciones en python, particularizando para un caso concreto donde $\beta=0.0022$ y $\gamma=0.44$. Utilizamos la función **odeint** contenida en el módulo `scipy.integrate` con una muestra poblacional de $n = 764$ individuos incluyendo 1 infectado como estado inicial, en un intervalo de 14 semanas.

En este caso obtenemos la distribución de los grupos citados a lo largo del tiempo mostrado en la representación de la figura (2). Observamos como, mientras el número de susceptibles desciende, los infectados crecen hasta encontrarse con el pico de la curva, donde comienzan a descender, los recuperados. En este caso, no existiendo muertes y nacimientos, ni recuperados que pasen a ser susceptibles, la curva de infectados no sufre grandes cambios inesperados.

2.2. Modelo SIR con nacimientos y muertes

Nuestro siguiente modelo incluye la dinámica vital de muertes naturales y nacimientos, luego se trata de una aproximación mas certera a la realidad en una epidemia. En este caso añadiremos el parametro μ que representa la tasa de mortalidad y los nacimientos 'B'.

Las ecuaciones diferenciales del modelo son:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI - \mu S + B \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}\tag{2}$$

Tras integrar el sistema del mismo modo que en el modelo SIR, tomando las mismas constantes y añadiendo $\mu = 0.05$ y $B = 50$, obtenemos los resultados mostrados en la figura (3). En este caso hemos

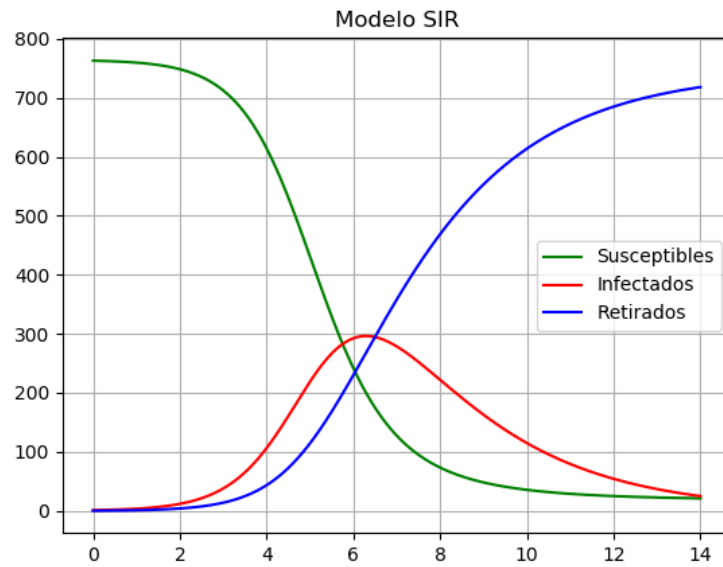


Figura 2: Modelo SIR

representado un mayor número de semanas, dado que los datos fluctúan debido a la tasa de defunciones y los nacimientos, los cuales han sido implementados en este modelo. Sin embargo, podemos apreciar la similitud con el caso anterior de la curva de infectados, la cual tiene el pico alrededor de la séptima semana, como en el modelo SIR.

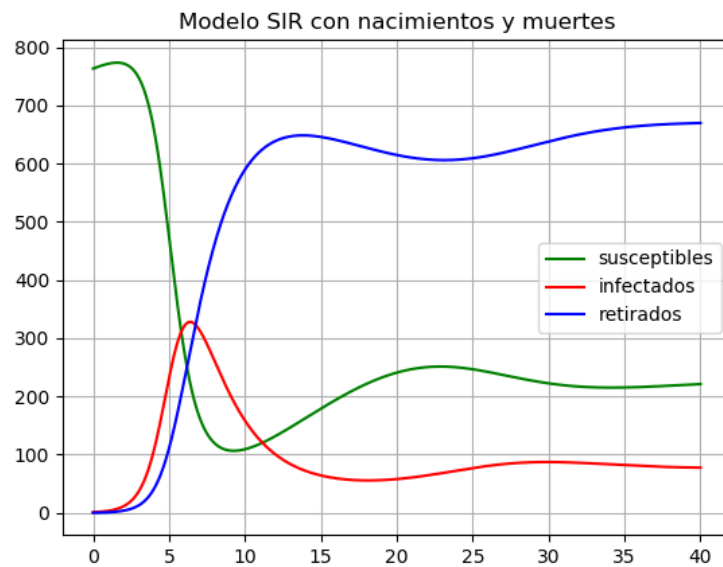


Figura 3: Modelo SIR con nacimientos y muertes

Otra diferencia con respecto al modelo SIR es que, pasado el pico de infectados de la epidemia (~ 12 semanas), el número de susceptibles aumenta debido a los nacimientos y el número de recuperados disminuye debido a las defunciones, formando un máximo y un mínimo relativo respectivamente.

2.3. Modelo SIR con muertes, nacimientos y vacunación

En esta nueva extensión del modelo SIR visto en el primer apartado, tenemos que tener en cuenta, a parte de los nacimientos y defunciones por causa natural, la inmunidad de la población que ha sido previamente vacunada.

En este caso las ecuaciones diferenciales que rigen el modelo son:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI - \mu S + B - f_1 B - f_2 S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R + f_1 B + f_2 S\end{aligned}\tag{3}$$

Ahora añadimos unos coeficientes f_1 y f_2 que representan la tasa de recién nacidos y de vacunados respectivamente. Mediante estos nuevos coeficientes, nuestro modelo ahora tiene en cuenta además la inmunidad de algunos individuos.

De nuevo para los mismos valores que hemos representado el resto y con $f_1=0.01$ y $f_2=0.1$, es decir, el 10 % de la población está vacunada y el 1 % son recién nacidos con inmunidad, integramos numéricamente el sistema de ecuaciones diferenciales. Los resultados se muestran en la figura (4).

Es claro el efecto que la inmunidad de vacunados y recién nacidos causa en los datos, observamos como el pico de infectados apenas llega a las 100 personas y se encuentra alrededor de la octava semana. El número máximo de infectados es considerablemente menor, debido a la inclusión de la vacuna, ya que al menos el 10 % de la población gozaría de inmunidad frente a la epidemia.

De todas formas sigue existiendo un leve aumento en los susceptibles, y una leve disminución en los recuperados, de nuevo, debido a las muertes y nacimientos alrededor de la doceava semana.

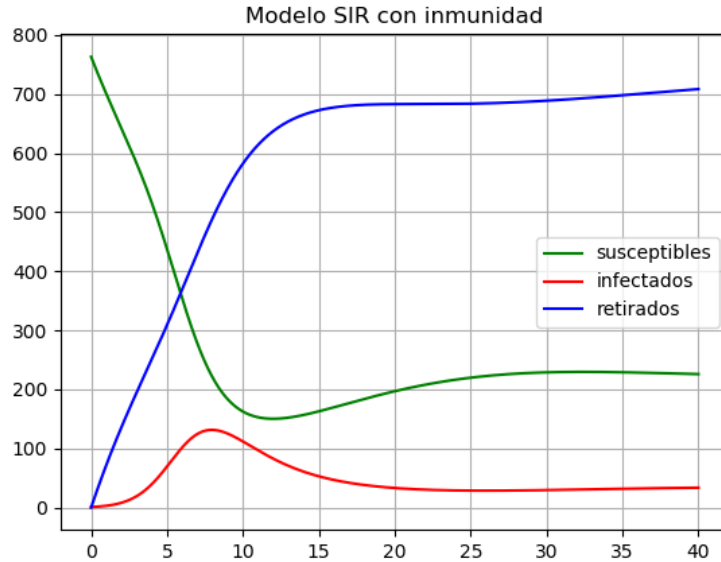


Figura 4: Modelo SIR con nacimientos, muertes e inmunidad

3. Cadena de Markov

La cadena de Markov es un concepto desarrollado dentro de la teoría de la probabilidad y la estadística que establece una fuerte dependencia entre un evento y otro suceso anterior.

Para que un proceso estocástico sea considerado como tal debe satisfacer la propiedad de Markov: si se conoce la historia del sistema hasta su instante actual, su estado presente resume toda la información relevante para describir su estado futuro:

$$\psi(t+1) = M\psi(t) \quad M \neq M(t) \quad (4)$$

Las cadenas de Markov son ampliamente utilizadas en meteorología, teoría de colas, juegos de azar,

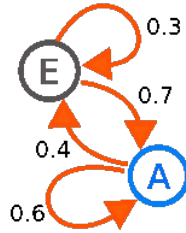


Figura 5: Cadena de Markov

economía y finanzas... y epidemiología. Existen procesos, como el proceso de ramificación de Galton-Watson, que simulan complejamente lo que nosotros haremos de manera más sencilla.

3.1. Planteamiento

Sea una población de **n habitantes** en la que se propaga una enfermedad infecciosa bajo la cual todos los habitantes son susceptibles. En todo momento podemos dividir la población en cuatro estados: **sanos (S)**, **infectados (I)**, **curados (Cu)** y **muertos (M)**, y en tres posiciones: **libertad (L)**, **cuarentena (C)** y **aislamiento (A)**. Por tanto, en cada instante, cada habitante va a encontrarse en un grupo determinado por su estado y su posición.

- **Libertad:** habitantes que no saben (o no lo quieren saber) que están *infectados*.
- **Cuarentena:** habitantes que se sospecha que están infectados (puede darse el caso que un habitante *sano* entre en *cuarentena*). Se encuentran en un recinto cerrado en posible contacto entre ellos hasta que son dados de alta.
- **Aislamiento:** habitantes que se encuentran en un estado grave debido, supuestamente (incluidos *sanos*), a la infección. Cuando ya no están tan graves son pasados a *cuarentena*.

La transición de un grupo a otro viene dada por porcentajes: en cada momento, cierto porcentaje de cada grupo va a mantenerse en él, mientras que otros porcentajes van a movilizarse a cada uno de los demás grupos. De esta manera, el número de habitantes que conforman cada uno de ellos se irá actualizando.

La movilidad de los habitantes de nuestra población entre los diferentes grupos viene dada por el esquema de la figura (6).

En la figura (6) podemos observar que para que haya una transición de un grupo a otro deben cumplirse ciertas condiciones:

- Un habitante *sano* no puede pasar al estado de *curados*.
- Un habitante *infectado* no puede pasar al estado de *sano*.
- Un habitante *curado* no puede pasar al estado de *infectados*.

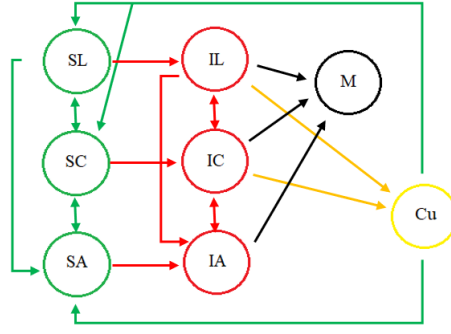


Figura 6: Flujo de habitantes en cada grupo

- Un habitante *curado*, tras superar la inmunidad, solo puede pasar al grupo de *curados libres*.
- Un habitante *muerto* no puede cambiar de grupo.
- Un habitante solo puede cambiar de estado (S, I, Cu) si no cambia de posición (L, C, A) y viceversa.
- Por motivos de prevención, un habitante en *aislamiento* no puede quedar en *libertad* ni pasar al grupo de *curados* sin pasar antes por la *cuarentena*.

Como ya hemos dicho, en cada momento, cada uno de los 8 grupos tendrá un cierto porcentaje de la población total. Dichos porcentajes conforman el estado ψ de la ecuación (4):

$$\psi = (SL, SC, SA, IL, IC, IA, Cu, M)^T \quad (5)$$

A su vez, en cada paso de tiempo un porcentaje de los miembros de cada grupo se redistribuirá en el resto de grupos de acuerdo con las condiciones anteriormente expuestas. Dichos porcentajes conforman la matriz M de la ecuación (4), que se muestra en la ecuación (6).

$$M = \begin{pmatrix} SL \rightarrow SL & SC \rightarrow SL & 0 & 0 & 0 & 0 & Cu \rightarrow SL & 0 \\ SL \rightarrow SC & SC \rightarrow SC & SA \rightarrow SL & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ SL \rightarrow SA & SC \rightarrow SA & SA \rightarrow SA & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ SL \rightarrow IL & 0 & 0 & IL \rightarrow IL & IC \rightarrow IL & 0 & 0 & 0 \\ 0 & SC \rightarrow IC & 0 & IL \rightarrow IC & IC \rightarrow IC & IA \rightarrow IC & 0 & 0 \\ 0 & 0 & SA \rightarrow IA & IL \rightarrow IA & IC \rightarrow IA & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & IL \rightarrow Cu & IC \rightarrow Cu & IA \rightarrow Cu & Cu \rightarrow Cu & 0 \\ 0 & 0 & 0 & IL \rightarrow M & IC \rightarrow M & IA \rightarrow M & 0 & M \rightarrow M \end{pmatrix} \quad (6)$$

Así, como dice la ecuación (4), al multiplicar el estado ψ por la matriz M obtendremos un estado ψ' con los porcentajes actualizados. Se muestra en la ecuación (7)

$$\begin{pmatrix} SL \rightarrow SL & SC \rightarrow SL & 0 & 0 & 0 & 0 & Cu \rightarrow SL & 0 \\ SL \rightarrow SC & SC \rightarrow SC & SA \rightarrow SL & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ SL \rightarrow SA & SC \rightarrow SA & SA \rightarrow SA & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ SL \rightarrow IL & 0 & 0 & IL \rightarrow IL & IC \rightarrow IL & 0 & 0 & 0 \\ 0 & SC \rightarrow IC & 0 & IL \rightarrow IC & IC \rightarrow IC & IA \rightarrow IC & 0 & 0 \\ 0 & 0 & SA \rightarrow IA & IL \rightarrow IA & IC \rightarrow IA & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & IL \rightarrow Cu & IC \rightarrow Cu & IA \rightarrow Cu & Cu \rightarrow Cu & 0 \\ 0 & 0 & 0 & IL \rightarrow M & IC \rightarrow M & IA \rightarrow M & 0 & M \rightarrow M \end{pmatrix} \begin{pmatrix} SL \\ SC \\ SA \\ IL \\ IC \\ IA \\ Cu \\ M \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} SL' \\ SC' \\ SA' \\ IL' \\ IC' \\ IA' \\ Cu' \\ M' \end{pmatrix} \quad (7)$$

De esta manera, si conocemos la matriz de coeficientes M y el estado inicial ψ podremos iterar N veces y determinar el estado ψ' tras N pasos.

3.2. Simulación en función de los coeficientes

En este apartado simularemos la evolución de una enfermedad infecciosa en función de los distintos coeficientes que forman la matriz M . En cualquier caso, consideraremos que en el instante inicial hay 1 **infectado en libertad** y 199 **sanos en libertad** en una población de $n = 200$ habitantes.

$$\psi_0 = (0,995, 0, 0, 0,005, 0, 0, 0, 0)^T \quad (8)$$

3.2.1. Caso 1

- Los habitantes *curados* no pueden volver a contagiarse (adquieren inmunidad total).
- La enfermedad no produce muertes.

	P(SL→)	P(SC→)	P(SA→)	P(IL→)	P(IC→)	P(IA→)	P(Cu→)	P(M→)
SL	0.99	0.07	0	0	0	0	0	0
SC	0.004	0.9	0.049	0	0	0	0	0
SA	0.001	0.01	0.95	0	0	0	0	0
IL	0.005	0	0	0.96	0.02	0	0	0
IC	0	0.02	0	0.034	0.961	0.061	0	0
IA	0	0	0.001	0.003	0.015	0.939	0	0
Cu	0	0	0	0.003	0.004	0	1	0
M	0	0	0	0	0	0	0	1

Tabla 1: Coeficientes caso 1

Con los coeficientes de la tabla (1) y haciendo $N = 1500$ iteraciones, obtenemos la figura (7). Vemos como el porcentaje de *sanos* decae asintóticamente a 0 ya que, en este caso, una vez que un habitante abandona este estado en ningún caso puede volver a él. A su vez, el porcentaje de *infectados* aumenta hasta alcanzar un pico, a partir del cual empieza a disminuir para decaer también asintóticamente a 0. Por último, puesto que los habitantes *curados* no vuelven al flujo de la enfermedad, el porcentaje de este grupo aumenta hasta acaparar toda la población.

Cabe mencionar la similitud con la gráfica de la figura (2), en la que se cumplen las mismas características. Resulta interesante ver como llegamos a las mismas conclusiones por caminos muy diferentes.

$$\text{Cuando } t \rightarrow \infty \quad P(Cu) \rightarrow 1$$

3.2.2. Caso 2

- Los habitantes *curados* adquieren inmunidad total.
- El índice de mortalidad es constant a lo largo de toda la simulación.

Con los coeficientes de la tabla (2) y haciendo $N = 1500$ iteraciones, obtenemos la figura (8). Vemos como para los porcentajes de *sanos* e *infectados* ocurre lo mismo que en el caso 1, ya que sigue sin haber reposición del estado *sanos*.

Sin embargo, el porcentaje de *curados* ahora no tiende asintóticamente a 1, sino a una cantidad inferior que depende del índice de mortalidad. El porcentaje restante es cedido al grupo de *muertos*.

$$\text{Cuando } t \rightarrow \infty \quad P(S), P(I) \rightarrow 0; \quad P(Cu) + P(M) \rightarrow 1.$$

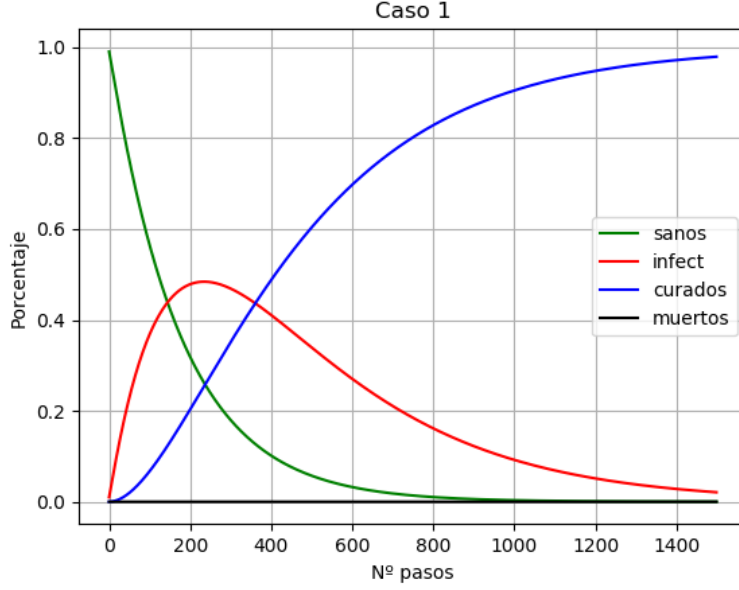


Figura 7: Caso 1 Markov

	P(SL→)	P(SC→)	P(SA→)	P(IL→)	P(IC→)	P(IA→)	P(Cu→)	P(M→)
SL	0.99	0.07	0	0	0	0	0	0
SC	0.004	0.9	0.049	0	0	0	0	0
SA	0.001	0.01	0.95	0	0	0	0	0
IL	0.005	0	0	0.959	0.02	0	0	0
IC	0	0.02	0	0.034	0.9609	0.06	0	0
IA	0	0	0.001	0.003	0.015	0.938	0	0
Cu	0	0	0	0.003	0.004	0	1	0
M	0	0	0	0.001	0.0001	0.002	0	1

Tabla 2: Coeficientes caso 2. En negrita los coeficientes que cambian respecto del caso 1

3.2.3. Caso 3

- Los habitantes *curados* adquieren una inmunidad de 100 pasos de tiempo. Esto quiere decir que a partir de la iteración número 100, cierto porcentaje de los *curados* pasa al grupo de *sanos en libertad*.
- El índice de mortalidad es constante a lo largo de toda la simulación.

Los coeficientes de la figura (3) se utilizan a partir de la iteración 100. Hasta dicho momento se utilizan los coeficientes de la tabla (2). Haciendo $N = 2500$ iteraciones, en la figura (9) nos percatamos de un cambio en la tendencia de nuestras curvas debido a la reincorporación de habitantes al estado *sanos*: ahora los porcentajes de *sanos* e *infectados* no decaen de forma tan precipitada, sino que se estabilizan y decaen más lentamente a 0.

Además, como podemos ver en la figura (10), a partir del paso 1000, el porcentaje de *curados* adquiere una nueva tendencia por la que acabará llegando a 0. Finalmente, el porcentaje de *muertos* asciende asintóticamente hasta acaparar toda la población

$$\text{cuando } t \rightarrow \infty \quad P(S), P(I), P(Cu) \rightarrow 0; \quad P(M) \rightarrow 1$$

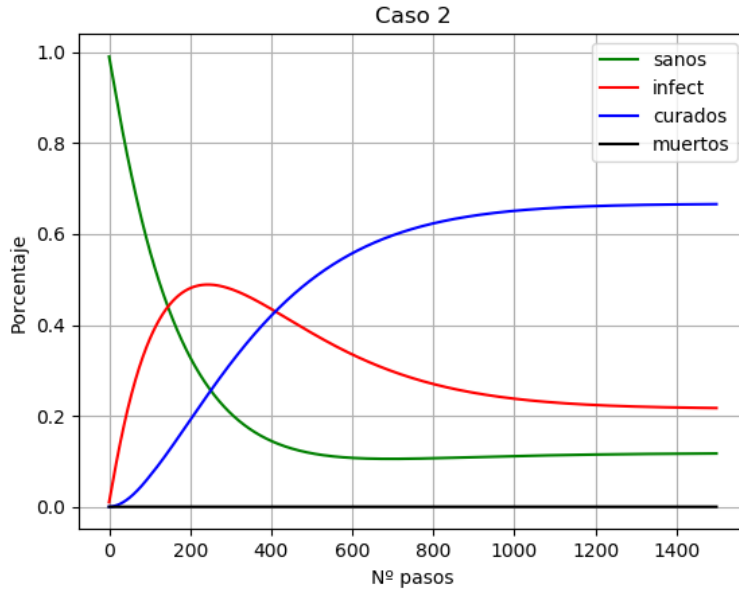


Figura 8: Caso 2 Markov

	P(SL→)	P(SC→)	P(SA→)	P(IL→)	P(IC→)	P(IA→)	P(Cu→)	P(M→)
SL	0.99	0.07	0	0	0	0	0.001	0
SC	0.004	0.9	0.049	0	0	0	0	0
SA	0.001	0.01	0.95	0	0	0	0	0
IL	0.005	0	0	0.959	0.02	0	0	0
IC	0	0.02	0	0.034	0.9609	0.06	0	0
IA	0	0	0.001	0.003	0.015	0.938	0	0
Cu	0	0	0	0.003	0.004	0	0.999	0
M	0	0	0	0.001	0.0001	0.002	0	1

Tabla 3: Coeficientes caso 3. En negrita los coeficientes que cambian respecto del caso 2

3.2.4. Caso 4

- Los habitantes *curados* adquieren una inmunidad de 100 pasos de tiempo. Esto quiere decir que a partir de la iteración número 100, cierto porcentaje de los *curados* pasa al grupo de *sanos en libertad*.
- Cuando la suma de los porcentajes de habitantes *infectados en cuarentena* y *habitantes infectados en aislamiento* es superior al 20 %, el sistema sanitario de la población se ve superado. Esto tiene tres consecuencias:
 - El índice de mortalidad aumenta sustancialmente tanto para *infectados en cuarentena* como para *infectados en aislamiento*.
 - Se reduce el porcentaje de *infectados en cuarentena* que pasan al grupo de *curados*, debido a una menor atención sanitaria.
 - Para descongestionar el sistema, aumenta el porcentaje de habitantes en *cuarentena* que pasan a estar en *libertad* y se reduce el porcentaje de habitantes en *libertad* que pasan a estar en *cuarentena* o en *aislamiento*.

En cualquier momento de la simulación en el que $P(IC) + P(IA) > 0,2$, se utilizan los coeficientes de la tabla (4). En otro caso, hasta la iteración 100 se utilizan los coeficientes de la tabla (2) y a partir

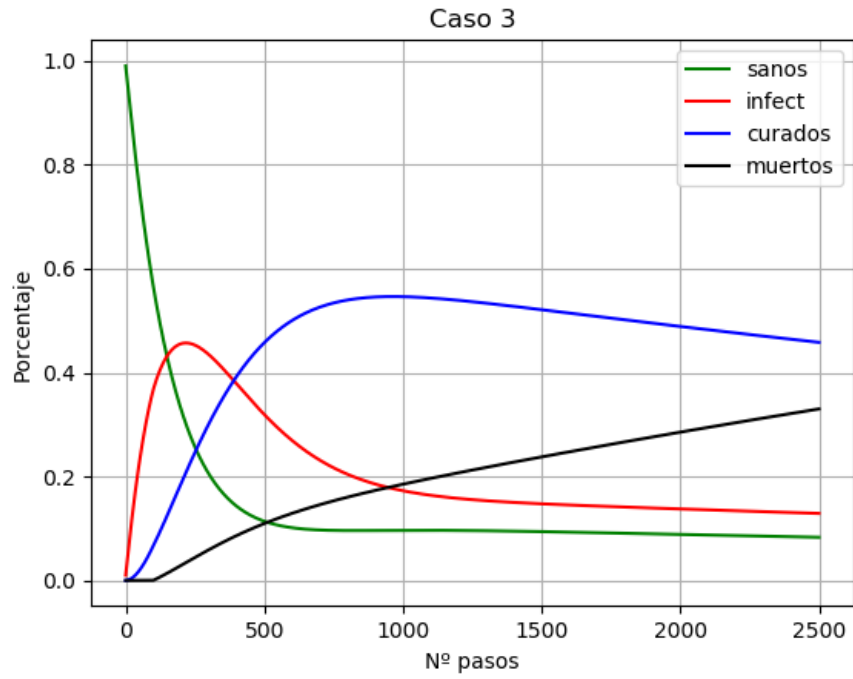


Figura 9: Caso 3 Markov

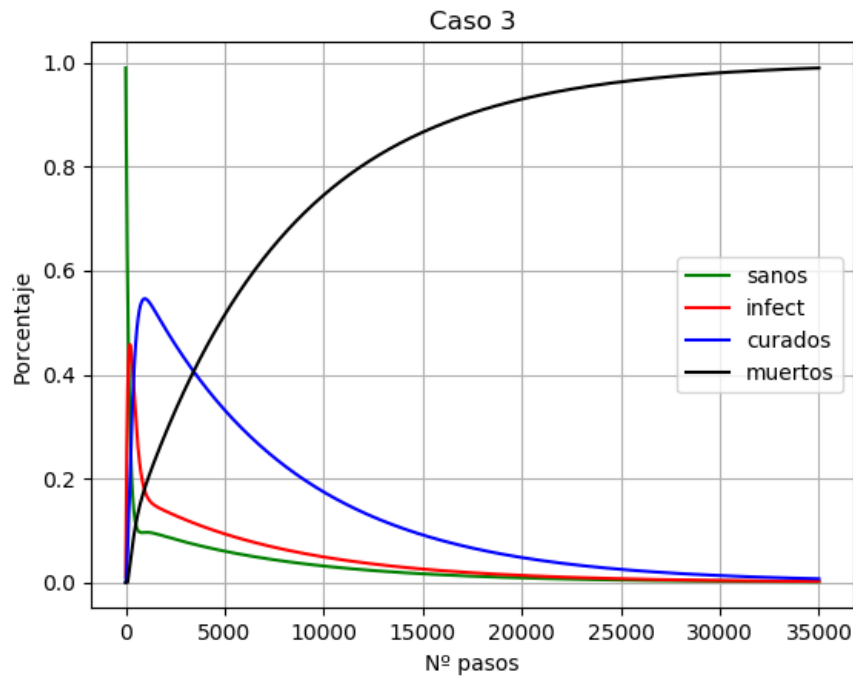


Figura 10: Caso 3, tendiendo a infinito

de ese momento los coeficientes de la tabla (3). Haciendo $N = 2500$ iteraciones, obtenemos la figura (11).

Vemos como en el intervalo entre el paso 90 y el paso 420 la pendiente del porcentaje de *muertos* es superior que en el resto de puntos. Esto se debe a que en este intervalo se cumple $P(IC) + P(IA) = 0.2$ para un número elevado de pasos.

Sin embargo, vemos como el mecanismo de descongestión del sistema sanitario funciona, ya que

	P(SL→)	P(SC→)	P(SA→)	P(IL→)	P(IC→)	P(IA→)	P(Cu→)	P(M→)
SL	0.9944	0.1	0	0	0	0	0.001	0
SC	0.0005	0.5795	0.05	0	0	0	0	0
SA	0.0001	0.0005	0.9	0	0	0	0	0
IL	0.005	0	0	0.964	0.04	0	0	0
IC	0	0.32	0	0.03	0.944	0.06	0	0
IA	0	0	0.05	0.002	0.01	0.935	0	0
Cu	0	0	0	0.003	0.001	0	0.999	0
M	0	0	0	0.001	0.005	0.005	0	1

Tabla 4: Coeficientes caso 4. En negrita los coeficientes que cambian respecto del caso 3

el número máximo de *infectados* es menor que en los casos anteriores. De nuevo, los porcentajes de *sanos*, *infectados* y *curados* tienden a 0, mientras que el porcentaje de *muertos* tiende a 1, de forma similar a como lo hace en la figura (10).

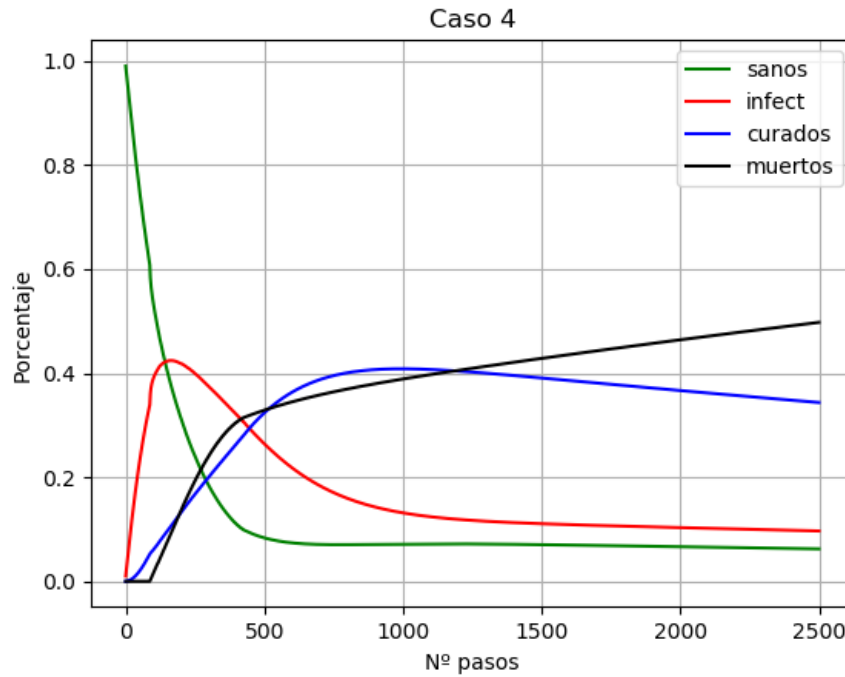


Figura 11: Caso 4 Markov

Cuando $t \rightarrow \infty$ $P(S), P(I), P(Cu) \rightarrow 0$; $P(M) \rightarrow 1$.

3.2.5. Caso 5

- Los habitantes *curados* adquieren una inmunidad de 100 pasos de tiempo. Esto quiere decir que a partir de la iteración número 100, cierto porcentaje de los *curados* pasa al grupo de *sanos libres*.
- Cuando la suma de los porcentajes de habitantes *infectados en cuarentena* y *habitantes infectados en aislamiento* es superior al 20 %, el sistema sanitario de la población se ve superado. Mismas consecuencias que en el caso 4.

- Tras mucha investigación, en el paso de tiempo número 600 se descubre una vacuna para la enfermedad y se le aplica al 50 % de la población. En el paso número 1000 se le aplica al resto. Esto implica:
 - El índice de mortalidad disminuye respecto a los casos 1,2 y 3.
 - El porcentaje de habitantes *sanos* que pasan al estado de *infectados* se reduce, mientras que el porcentaje de habitantes *infectados* que pasan al estado de *curados* aumenta.

	P(SL→)	P(SC→)	P(SA→)	P(IL→)	P(IC→)	P(IA→)	P(Cu→)	P(M→)
SL	0.991	0.07	0	0	0	0	0.001	0
SC	0.004	0.902	0.049	0	0	0	0	0
SA	0.001	0.01	0.9502	0	0	0	0	0
IL	0.004	0	0	0.9573	0.02	0	0	0
IC	0	0.018	0	0.034	0.95494	0.06	0	0
IA	0	0	0.0008	0.003	0.015	0.93985	0	0
Cu	0	0	0	0.005	0.01	0	0.999	0
M	0	0	0	0.0007	0.00006	0.00015	0	1

Tabla 5: Coeficientes 1 caso 5. En negrita los coeficientes que cambian respecto del caso 3

	P(SL→)	P(SC→)	P(SA→)	P(IL→)	P(IC→)	P(IA→)	P(Cu→)	P(M→)
SL	0.992	0.07	0	0	0	0	0.001	0
SC	0.004	0.905	0.049	0	0	0	0	0
SA	0.001	0.01	0.9503	0	0	0	0	0
IL	0.003	0	0	0.9546	0.02	0	0	0
IC	0	0.015	0	0.034	0.94497	0.06	0	0
IA	0	0	0.0007	0.003	0.015	0.9399	0	0
Cu	0	0	0	0.008	0.02	0	0.999	0
M	0	0	0	0.0004	0.00003	0.0001	0	1

Tabla 6: Coeficientes 2 caso 5. En negrita los coeficientes que cambian respecto del caso 3

En cualquier momento de la simulación en el que $P(IC) + P(IA) > 0.2$, se utilizan los coeficientes de la tabla (4). En otro caso:

- Hasta la iteración 100: coeficientes de la tabla (2).
- Entre la iteración 100 y la 600: coeficientes de la tabla (3)
- Entre la iteración 600 y la 1000: coeficientes de la figura (5)
- A partir de la iteración 1000: coeficientes de la figura (6)

Haciendo $N = 2500$ iteraciones, obtenemos la figura (12). Puesto que lo añadido en este caso solo interfiere a partir de la iteración 600, todo lo que ocurre en iteraciones anteriores se mantiene igual que en el caso 4. Podemos observar como los porcentajes de *infectados y muertos* en la iteración 2500 son sustancialmente menores que en el caso 4. Además, con los porcentajes de *sanos y curados* ocurre justamente lo contrario, por lo que podemos concluir que las vacunaciones han tenido éxito.

Sin embargo, las tendencias siguen siendo exactamente las mismas, aunque mucho más lentas, como vemos en la figura (13).

Vemos como ni para $N = 150,000$ iteraciones se llega al límite.

$$\text{Cuando } t \rightarrow \infty \quad P(S), P(I), P(Cu) \rightarrow 0; \quad P(M) \rightarrow 1.$$

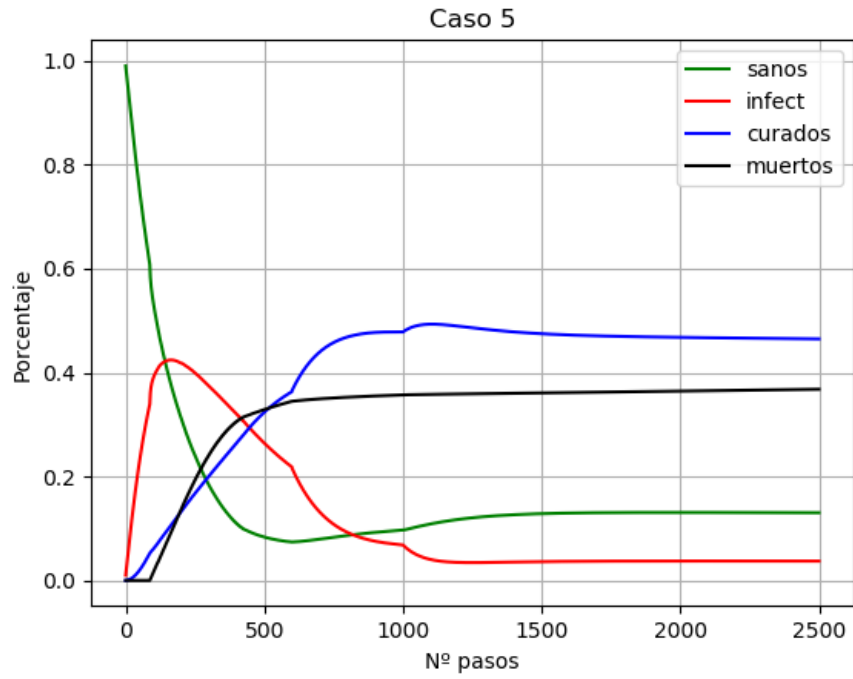


Figura 12: Caso 5 Markov

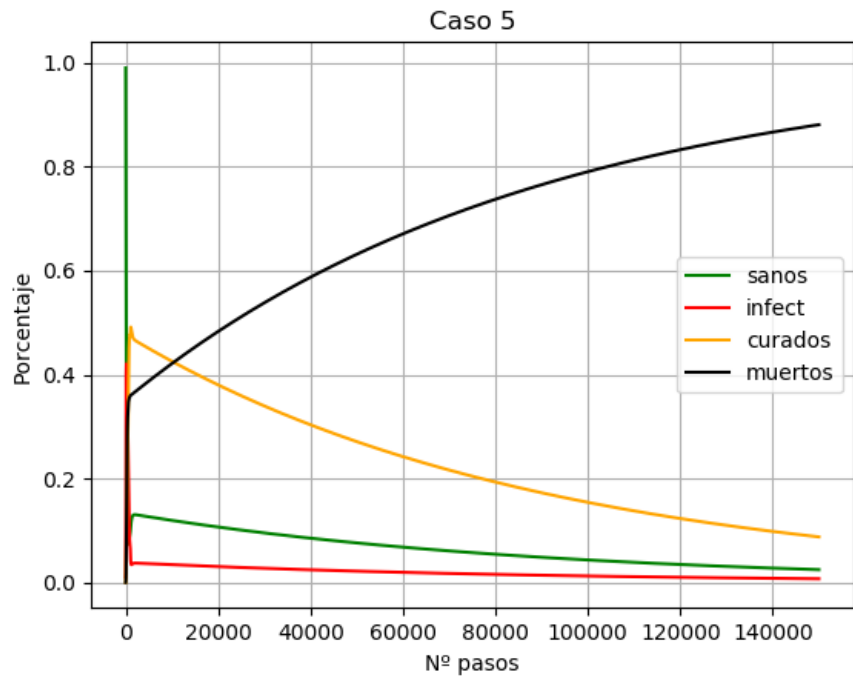


Figura 13: Caso 5, tendiendo a infinito

3.2.6. Derivadas

Utilizando el comando **diff** perteneciente al paquete numpy podemos calcular numéricamente la derivada de nuestras curvas para ver como cambia su pendiente y en que puntos alcanzan máximos y mínimos. Las curvas de las que nos interesan estudiar dichas propiedades son, sobre todo, la de *infectados* y la de *muertos*.

INFECTADOS:

En los dos primeros casos, resumidos en la figura (14), la curva de *infectados* es prácticamente la misma. Comienza con una pendiente positiva, máxima en el instante inicial, que va disminuyendo hasta alcanzar un máximo en el entorno de las 200 iteraciones. A continuación, la pendiente se hace negativa y tiende asintóticamente a 0.

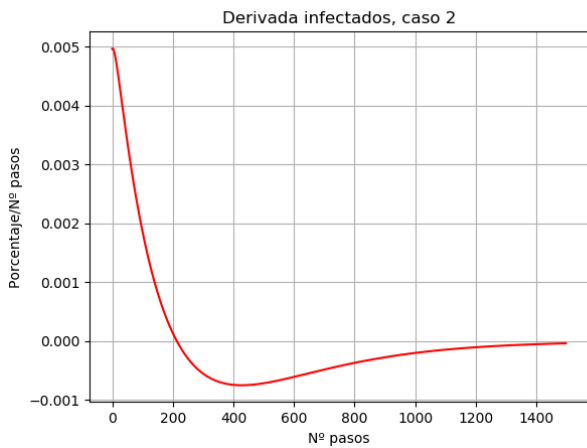


Figura 14: Derivada infectados caso 2

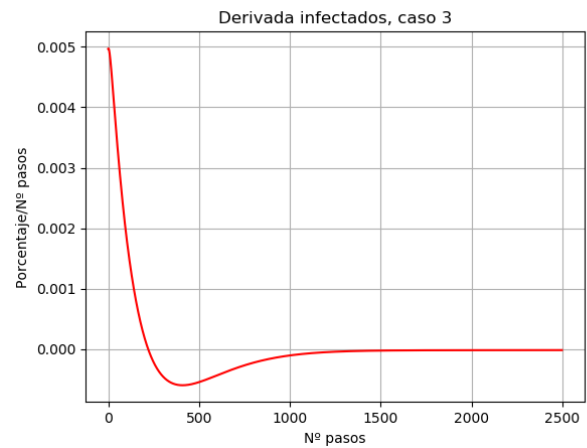


Figura 15: Derivada infectados caso 3

El caso 3, en la figura (15), es similar, salvo que tiende más rápido a 0. Esto se refleja en que la curva de *infectados* del caso 3 se estabiliza antes que para los casos 1 y 2.

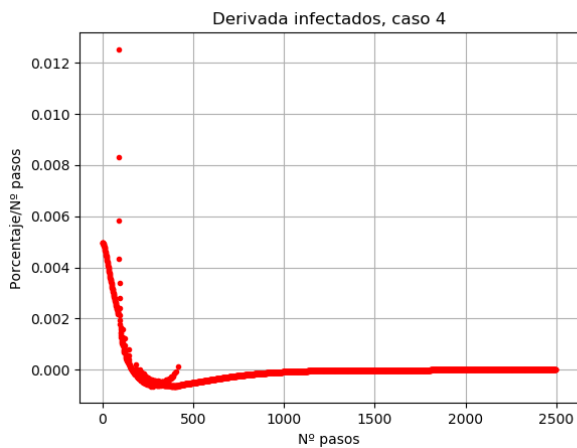


Figura 16: Derivada infectados caso 4

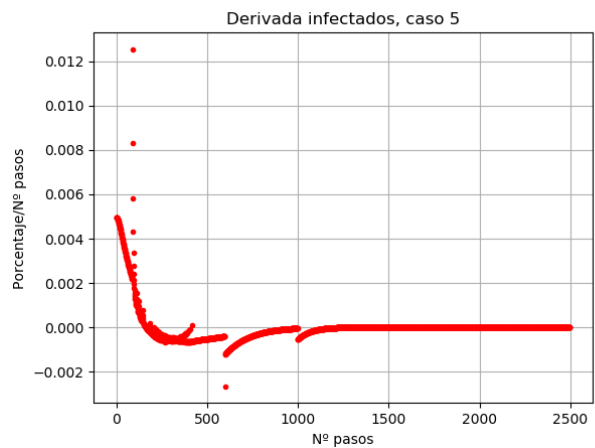


Figura 17: Derivada infectados caso 5

Tanto en la figura (16) como en la figura (17) podemos observar como hay puntos que parece que tienen 2 pendientes diferentes. Esto se debe a haber introducido la posible saturación del sistema. Hay intervalos en los que se satura y deja de saturarse continuamente, lo que se traduce en una derivada discontinua, que parece continua debido al elevado número de puntos que se representan. Además, en el caso 5 también podemos observar el efecto de la vacunación al aumentar el módulo de la pendiente negativa en los pasos 600 y 1000.

MUERTOS:

En los casos 2 y 3 vemos como la pendiente comienza siendo nula y aumenta hasta llegar a un punto de máximo crecimiento. Si recordamos el caso 2, el porcentaje de *muertos* tiende rápidamente a un valor que depende del índice de mortalidad de la población. Esto es equivalente a que su derivada

tienda a 0, como vemos en la figura (18). A su vez, en el caso 3 el porcentaje de *muertos* tiende a 1, pero lo hace mucho más despacio, al igual que su derivada en la figura (19).

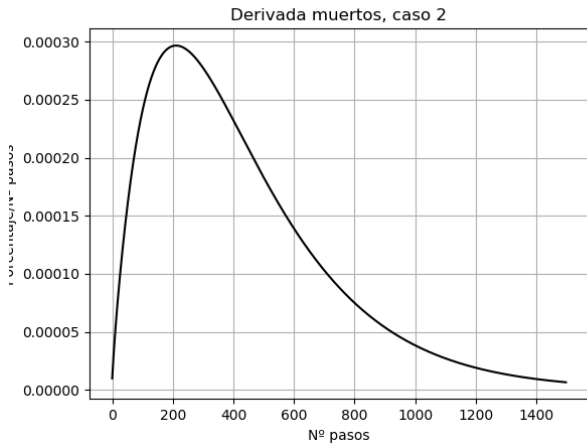


Figura 18: Derivada muertos caso 2

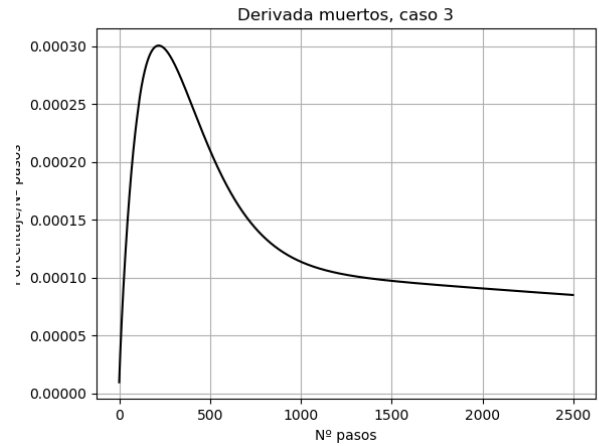


Figura 19: Derivada muertos caso 3

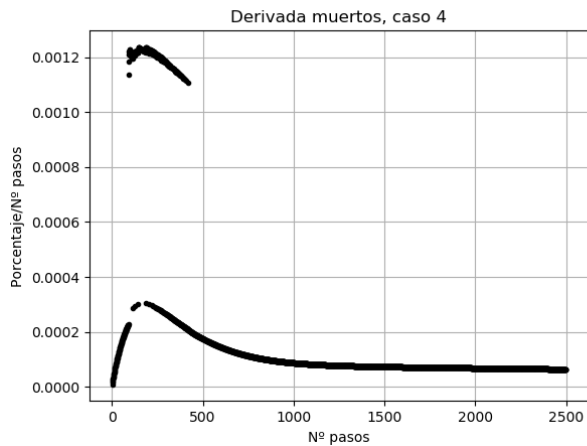


Figura 20: Derivada muertos caso 4

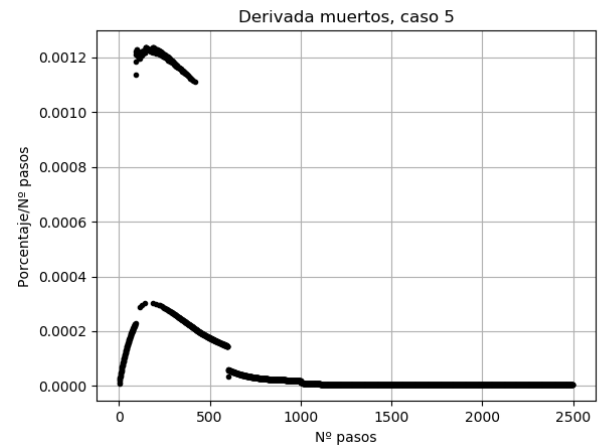


Figura 21: Derivada muertos caso 5

Igual que ocurría con los *infectados*, en las figuras (20) y (21) apreciamos la vacunación y la saturación del sistema. Entre los pasos 100 y 400 vemos perfectamente como se alterna la saturación con la normalidad, aumentando y disminuyendo drásticamente la pendiente. Además, en el caso 5 vemos como la vacunación, sobre todo la primera, hace disminuir radicalmente el ritmo de *muertos*. En ambos casos la pendiente se queda estancada en un valor fijo, prácticamente 0 para el caso 5.

3.3. Estimación del estado inicial

En este apartado trataremos de determinar el estado inicial ψ de nuestra cadena de Markov que satisfaga que, dada una matriz de coeficientes M conocida, tras N pasos el estado final sea un ψ' conocido.

Trabajaremos con las características del Caso 1 del apartado anterior:

- Los habitantes *curados* no pueden volver a contagiarse (adquieren inmunidad total).
- La enfermedad no produce *muertes*.

Utilizamos el ejemplo más básico ya que, de lo contrario, los cálculos se hacen más complicados y las soluciones proporcionadas por el ordenador no se ajustan a lo pedido.

Cuestión a resolver:

Consideramos un instante inicial en el que la enfermedad se ha propagado cierto tiempo, pero las autoridades todavía no han considerado que sea necesario requerir a *cuarentena o a aislamiento*. El porcentaje de *sanos, infectados y curados* en el instante inicial es desconocido. Queremos determinar dichos porcentajes de manera que las proporciones de *sanos, infectados y curados* en el instante $N = 300$ sean, respectivamente 0.12 , 0.38 y 0.5 .

Solución:

Consideramos el estado inicial (tiene 7 componentes ya que ignoramos los muertos):

$$\psi = (SL, 0, 0, IL, 0, 0, Cu)^T \quad (9)$$

el estado final:

$$\psi' = (SL', SC', SA', IL', IC', IA', Cu')^T \quad (10)$$

tal que $S' = SL' + SC' + SA' = 0.12$, $I' = IL' + IC' + IA' = 0.38$ y $Cu' = 0.5$, y la matriz de coeficientes M dada por la tabla (1). De esta manera, tras $N = 300$ iteraciones se cumple la ecuación (4).

En primer lugar, iteramos N veces dejando SL , IL y Cu como incógnitas. Obtenemos el estado final ψ' dependiente de dichas incógnitas (aproximando al 2º decimal) que podemos ver en la ecuación (11).

Utilizando el comando **poly** perteneciente al paquete **sympy**, extraemos los coeficientes de cada polinomio y, agrupándolos, resulta la matriz A' de la ecuación (12). La primera columna multiplica a Cu , la segunda a IL y la tercera a SL .

$$\psi' = \begin{pmatrix} 0,17 * SL \\ 0,01 * SL \\ 0,12 * IL + 0,15 * SL \\ 0,22 * IL + 0,25 * SL \\ 0,06 * IL + 0,07 * SL \\ Cu + 0,6 * IL + 0,35 * SL \end{pmatrix} \begin{pmatrix} SL' \\ SC' \\ SA' \\ IL' \\ IC' \\ IA' \\ Cu' \end{pmatrix} \quad (11)$$

$$A' = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0,17 \\ 0 & 0 & 0,01 \\ 0 & 0 & 0,01 \\ 0 & 0,12 & 0,15 \\ 0 & 0,22 & 0,25 \\ 0 & 0,06 & 0,07 \\ 1 & 0,6 & 0,35 \end{pmatrix} \quad (12)$$

Ahora sumamos las filas correspondientes a cada estado (*sanos, infectados y curados*) y obtenemos una expresión matricial de un sistema de ecuaciones, como se muestra en la ecuación (13). Debemos resolver el sistema para $B' = (S', I', Cu')^T = (0.12, 0.38, 0.5)^T$

$$A * B = B' \rightarrow \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0,19 \\ 0 & 0,4 & 0,47 \\ 1 & 0,6 & 0,35 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} Cu \\ IL \\ SL \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} S' \\ I' \\ Cu' \end{pmatrix} \quad (13)$$

Cabe destacar que la matriz A con la que planteamos el sistema de ecuaciones es en todo caso triangular inferior. Esto hace que el porcentaje de SL en el instante inicial quede determinado por S' y por el coeficiente de la esquina superior derecha. De aquí deducimos que, para que SL no resulte

superior a 1, S' debe ser más pequeño que dicho coeficiente.

Para resolver el sistema empleamos el comando **optimize.nnls** contenida en el paquete **scipy**. Este comando resuelve por mínimos cuadrados de manera que la solución sea obligatoriamente positiva, lo que nos interesa ya que no tienen sentido porcentajes negativos. Obtenemos como solución:

$$B=(Cu,IL,SL)^T=(0.16,0.18,0.66)^T \rightarrow \psi=(0.66,0,0,0.18,0,0,0.16)^T$$

Representamos en la figura (22).

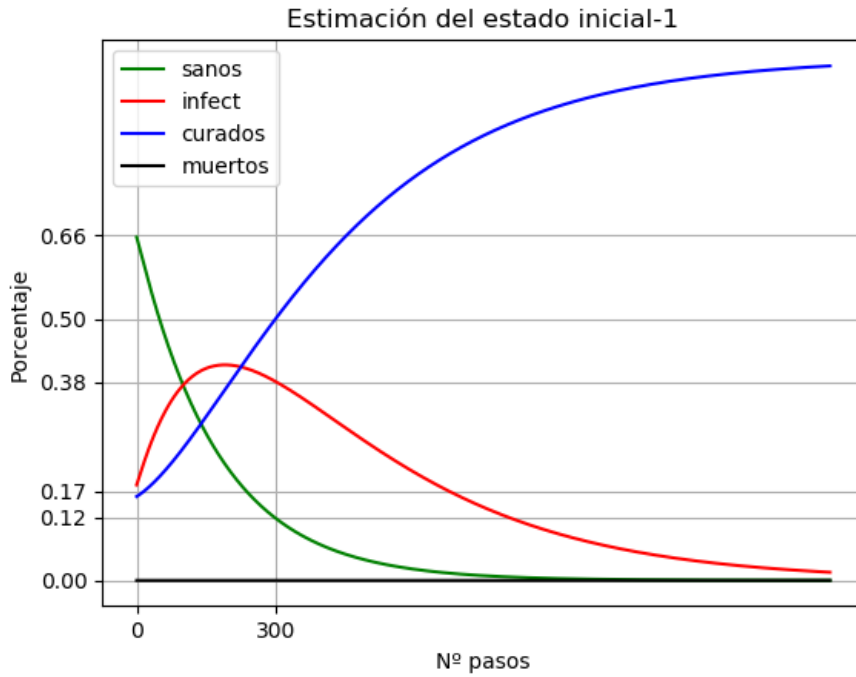


Figura 22: Estimación del estado inicial-1

En este caso la solución es exacta, por lo que utilizando otros comandos que resuelven sistemas de ecuaciones de forma más general (como **linalg.solve** del paquete **Numpy**) obtenemos la misma solución, pero esto no sucede la mayoría de las veces.

Por ejemplo, consideremos un estado ψ' tal que en $N = 400$: $S' = 0.02$, $I' = 0.38$ y $Cu' = 0.6$. Utilizando **optimize.nnls** obtenemos:

$$B = (Cu, IL, SL)^T = (0, 0.49, 0.54)^T$$

con un residuo

$$\delta B = (0.007, 0.017, 0.035)^T$$

A su vez, con **linalg.solve**:

$$B' = (Cu, IL, SL)^T = (-0.23, 1.03, 0.19)^T$$

siendo la solución exacta.

Obviamente la segunda solución no nos sirve ya que incluye porcentajes negativos y mayores que 1. Además, la primera solución no es ideal, ya que la suma de los porcentajes es superior a 1, aparte de que considera el porcentaje de curados igual a 0. Esto se debe a que es una mera aproximación

por mínimos cuadrados, teniendo la solución además que ser positiva. Representando para un estado inicial de $\psi = (0,51, 0, 0, 0,49, 0, 0, 0)^T$ obtenemos la figura (23).

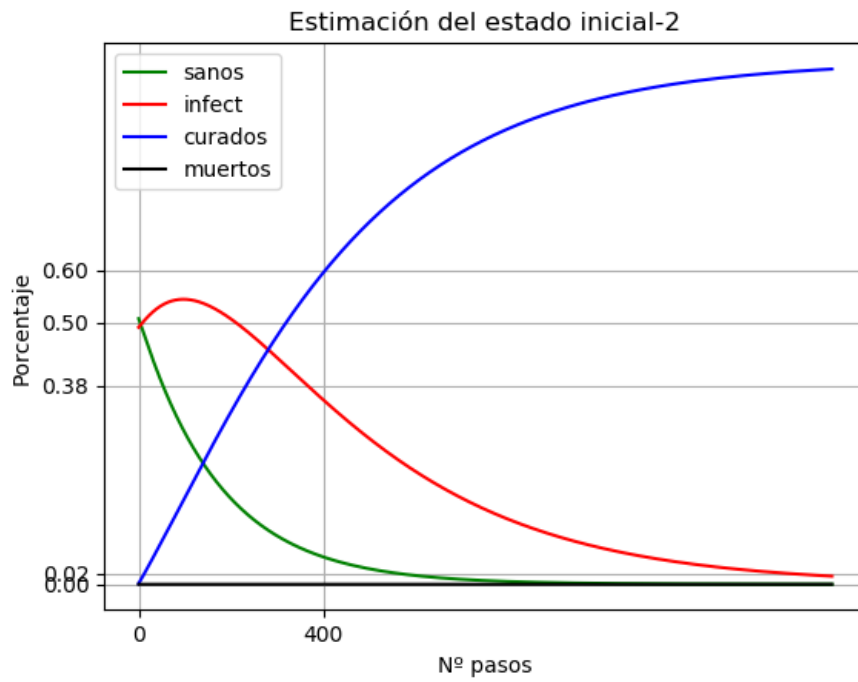


Figura 23: Estimación del estado inicial-2

Vemos como la solución obtenida se ajusta bien para el caso de los curados, aumentando el error para *sanos e infectados*.

4. Simulación dinámica de una población de 200 habitantes

4.1. Planteamiento

Sea una población de **n habitantes** en la que se propaga una enfermedad infecciosa bajo la cual todos los habitantes son susceptibles. Durante la evolución de la enfermedad dividimos la población en cuatro grupos: **sanos (S)**, **infectados (I)**, **curados (Cu)** y **muertos (M)**. El flujo de habitantes de un grupo a otro viene marcado por:

- Si un habitante *sano* entra en contacto con un habitante *infectado*, entonces el primero pasa al grupo de *infectados*.
- Tras estar un determinado tiempo, que llamaremos **duración de la enfermedad**, en el grupo de *infectados*, estos pueden pasar al grupo de *curados* o al de *muertos*, dependiendo del **índice de mortalidad**.
- Tras estar un determinado tiempo, que llamaremos **duración de la inmunidad** en el grupo de *curados*, estos pasan al grupo de *sanos*, pudiendo volver al grupo de *infectados*.

Nuestra simulación va a consistir en una caja cuadrada de 10×10 en la que habrá $n = 200$ bolas, que harán el papel de los n habitantes. Estas bolas se moverán con una posición y velocidad inicial aleatoria, de manera que choquen con las paredes y choquen entre ellas, cambiando de grupo cuando les corresponda.

Una contabilización del número de habitantes que conforman cada grupo en cada paso de tiempo nos permitirá, al igual que en los dos apartados anteriores, analizar la evolución de la enfermedad a lo largo del tiempo.

El principal objetivo de este apartado es aplanar la curva de *infectados* por debajo del 25 % de la población total, así como reducir al máximo el número de *muertos*. Para ello haremos varias simulaciones para cuatro casos diferentes y los compararemos:

1. Todas las bolas tienen libertad de movimiento a lo largo de la caja.
2. Un determinado porcentaje de las bolas, incluida la bola *infectada*, comienza encerrado parcialmente en una parte de la caja. Esto nos permite tratar con una situación de **cuarentena** de una parte de la población. Existe una apertura por la que pueden salir las bolas, simulando así posibles fallos en el proceso de cuarentena.
3. Un determinado porcentaje de las bolas están inmóviles durante todo el proceso, simulando así un posible **confinamiento** de los habitantes en sus casas.
4. Una combinación de los casos 3 y 4.

Cuando una bola infectada colisiona con una bola sana, esta última pasa a estar infectada. Por tanto, que el choque entre las bolas sea correcto es de gran importancia en el desarrollo de la simulación. Para estudiarlo debemos tener en cuenta que las componentes normales de la velocidad se intercambian, mientras que las componentes tangenciales se conservan.

Nos parece importante mencionar como se redistribuyen los grupos en nuestro programa a la hora de simular el cambio de un habitante de un grupo a otro. Como ejemplo, Supongamos una población de 10 habitantes, una duración de la enfermedad de 5 pasos de tiempo, una duración de la inmunidad de 2 pasos de tiempo y un índice de mortalidad del 25 %. En el instante inicial, 9 habitantes están infectados y 1 sano. En las figuras (24), (25) y (26) puede verse una posible evolución de la población.

Trataremos con varios casos diferentes en función de las duraciones de enfermedad e inmunidad, y del índice de mortalidad.

N = 0			N = 1			N = 5		
x	S	I	x	S	I	x	S	I
0	0		0	0		0	1	
1	1		1	1		1	2	
2	2		2	2		2	5	
3	3		3	4		3	8	
4	4		4	5		4		4
5	5		5	6		5		0
6	6		6	7		6		7
7	7		7	8		7		6
8	8		8		3	8		3
9		9	9		9	9		9

Se infecta el habitante 3

Se infectan, por orden, los habitantes 6, 7, 0 y 4

Figura 24: Flujo de habitantes en los grupos-1.

N = 6				N = 8			
x	S	I	C	x	S	I	C
1	1			9	9		
5	5			5	5		
8	8			3			3
9			9	6			6
2		2		8		8	
4		4		1		1	
0		0		2		2	
7		7		4		4	
6		6		0		0	
3		3		7		7	

Se infecta el habitante 2 y se cura el habitante 9 (ha superado el tiempo de enfermedad)

Se infectan los habitantes 1 y 8 y se curan los habitantes 3 y 6. El habitante 9 vuelve al grupo de sanos (ha superado el tiempo de inmunidad)

Figura 25: Flujo de habitantes en los grupos-2.

N = 9					
x	S	I	C	M	
3	3				
5	5				
6			6		
9		9			
8		8			
1		1			
2		2			
4		4			
0		0			
7				7	

El habitante 9 vuelve a contagiarse, el habitante 3 vuelve al grupo de sanos y muere el habitante 7 (por cada 3 que se curan, 1 muere)

A partir de este momento habrá un flujo constante de unos grupos a otros. Podemos ver como en el array con las posiciones también se deben intercambiar los índices para que, después del cambio de grupo, la posición de la bola previa al cambio siga correspondiéndose con la bola en cuestión

Figura 26: Flujo de habitantes en los grupos-3.

CASO 1:

- Duración de enfermedad: 2000 pasos
- Duración inmunidad: infinita
- Mortalidad: 0 %

CASO 2:

- Duración de enfermedad: 2000 pasos
- Duración inmunidad: 3000 pasos
- Mortalidad: 0 %

CASO 3:

- Duración de enfermedad: 2000 pasos
- Duración inmunidad: 3000 pasos
- Mortalidad: 10 %

Dada la aleatoriedad de la muestra, cada una de las representaciones que se mostrarán en esta sección son la media de los datos de 6 simulaciones diferentes con los mismos parámetros.

4.2. Movimiento libre

En este apartado trataremos el movimiento libre de las bolas sin más restricción que las propias paredes de la caja (y las colisiones entre ellas). En el desarrollo de una epidemia esto equivaldría a no tomar ningún tipo de medida de distanciamiento social o cuarentena. Habiendo pasado un cierto tiempo donde parte de la población ya ha sido infectada, otra parte se ha curado y ya hay algunas muertes, nuestra caja se muestra como en la figura (27).

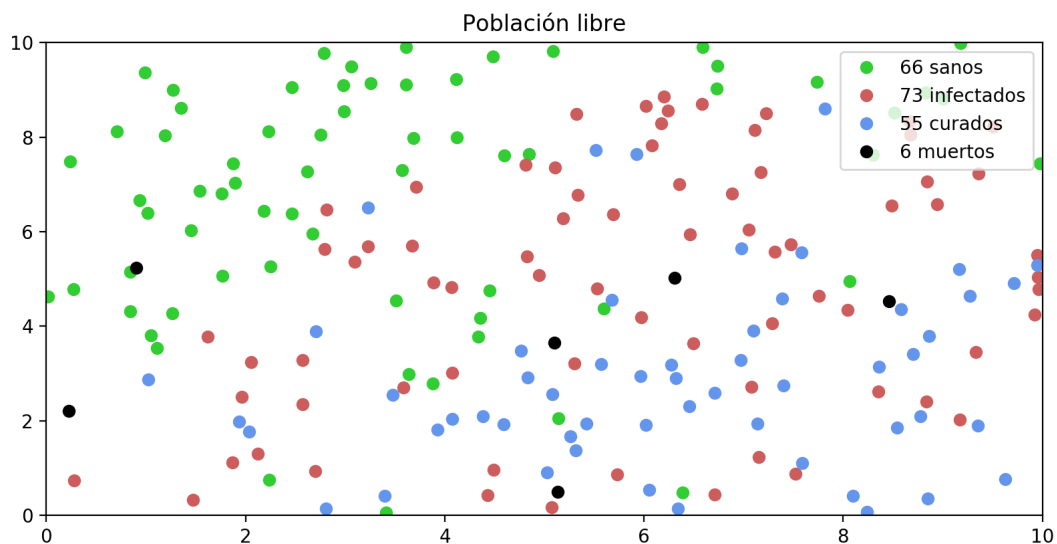


Figura 27: Caja movimiento libre

Mientras las bolas *infectadas*, sanas y curadas colisionan entre sí, las bolas del grupo de *muertos* pasan a través de estas sin existir choque alguno (excepto con las paredes).

4.2.1. Caso 1

En la figura (28) vemos como la curva de infectados es pronunciada y tiene su pico casi en 150 habitantes. Esto quiere decir que cerca del 75 % de la población estaría infectada en ese momento, lo que resulta inasumible para cualquier sistema sanitario. En siguientes apartados trataremos de aplanar esta curva haciendo uso de diferentes métodos.

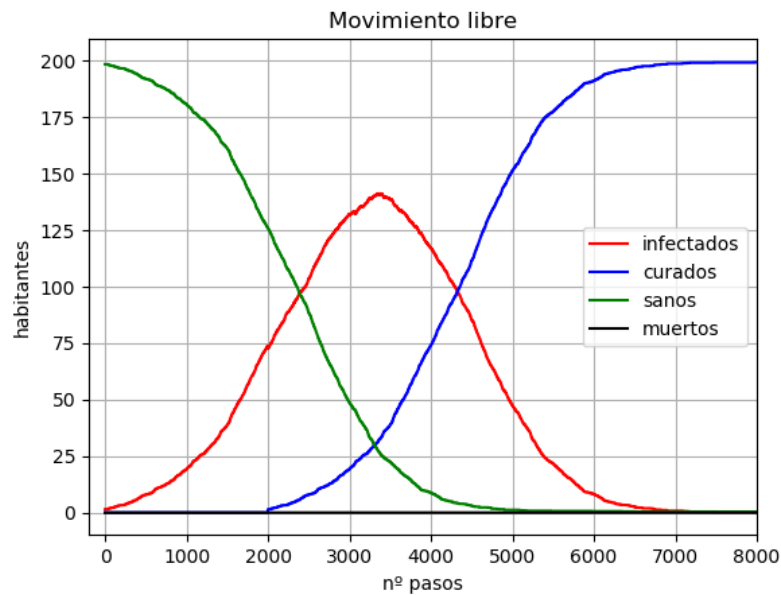


Figura 28: Movimiento libre caso 1

Cabe destacar la similitud de esta gráfica con la de la figura (7) de Markov y con la figura (2), donde también se cumplían las características citadas.

4.2.2. Caso 2

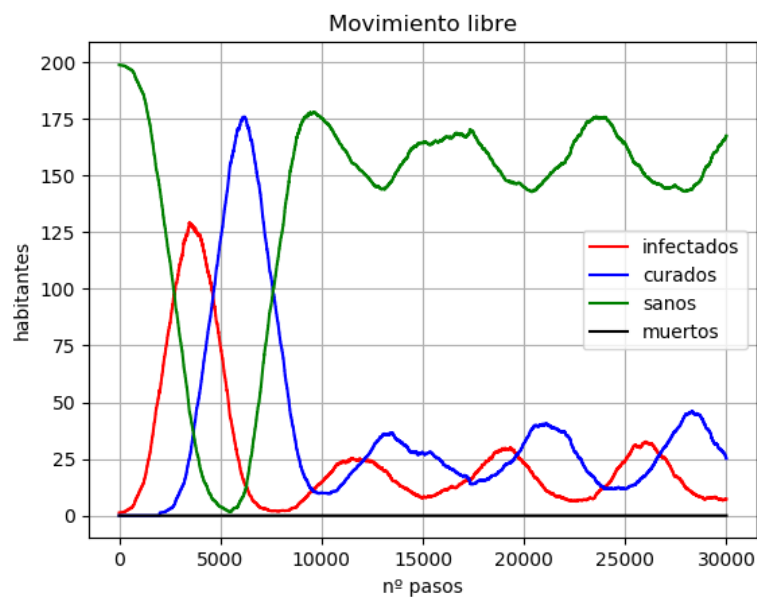


Figura 29: Movimiento libre caso 2

En este caso los *curados* pueden perder su inmunidad y volver a infectarse de nuevo. Esto implica que, tal y como se muestra la figura (29), los valores de *infectados*, *curados* y *sanos* oscilan a partir del paso temporal 10000. En ideales condiciones estas tendencias se mantendrían hasta el infinito

En cuanto al primer pico de infectados, sigue siendo tan elevado como en el caso 1, dado que solo hemos cambiado algunas características de la enfermedad que no llegan a afectar a los pasos temporales correspondientes a este pico.

De nuevo es interesante la comparativa de esta figura con la figura (8) de Markov, diferenciándose por las oscilaciones que hemos comentado. Esto se debe a que en Markov no tratábamos con duraciones, sino con porcentajes, por lo que todos los grupos se actualizaban de forma instantánea. Aquí, en cambio, cada bola tarda un determinado tiempo en pasar de un grupo a otro. La duración de la enfermedad y de la inmunidad marcan la frecuencia de dichas oscilaciones.

4.2.3. Caso 3

Para observar mejor la función de los parámetros, diferenciamos dos casos:

CASO 3a

- Duración de enfermedad: 2000 pasos
- Duración inmunidad: 3000 pasos
- Mortalidad: 10 %

La novedad con respecto al caso 2 es que ahora de cada 9 habitantes que se curan, 1 muere. Ya que los muertos no interactúan con el resto de la población, disminuye el flujo de habitantes de un grupo a otro. Luego, como podemos ver en la figura (30), a lo largo de los pasos temporales el número de muertos aumenta y las oscilaciones que observábamos en el caso 2 van disminuyendo.

Cabe destacar como la pendiente de la curva de *muertos* es mucho mayor en el momento en el pico de *infectados*. Puesto que cada vez dicho número es menor, la pendiente tenderá a 0.

Suponemos pues que, cuando el n^o de pasos tienda a infinito, los porcentajes de *curados* e *infectados* tenderán a 0 mientras que los de *sanos* y *muertos* tenderán a un valor que dependa del índice de mortalidad.

Para comprobarlo, modificando la tasa de mortalidad al 20 % para apreciar mejor la pendiente de *muertos*, representamos para un número elevado de pasos temporales, obteniendo la figura (31). Vemos como, efectivamente, se cumple lo previsto. Al haber aumentado la pendiente, el número final de *muertos*, que asciende a casi 175. A su vez, el de *sanos* se estabiliza entorno a 25.

CASO 3b

- Duración de enfermedad: 3000 pasos
- Duración inmunidad: 1500 pasos
- Mortalidad: 10 %

En la figura (32) vemos como, sin haber cambiado la tasa de mortalidad, la pendiente de *muertos* ha aumentado considerablemente. Esto se debe a que el tiempo de inmunidad es la mitad que el de recuperación, luego los contagios son más probables y solo se detienen por el hecho de que las muertes van en aumento. Sin embargo, este caso no es muy realista, ya que lo normal es que la duración de la enfermedad sea bastante menor que el tiempo de inmunidad.

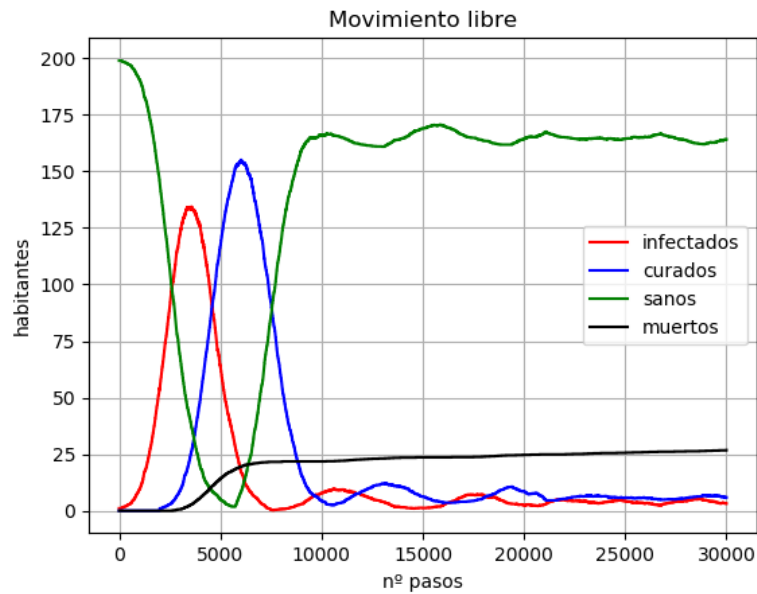


Figura 30: Movimiento libre caso 3a

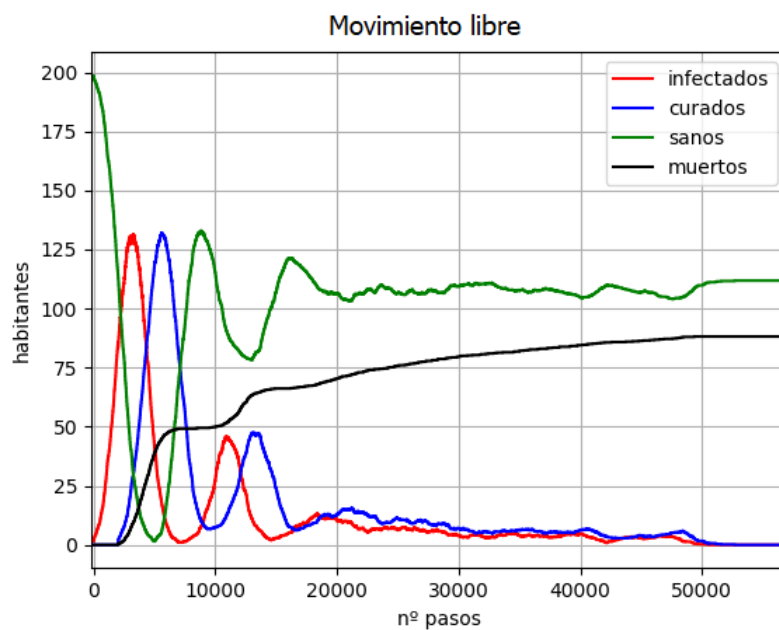


Figura 31: Movimiento libre caso 3a, infinito

4.3. Cuarentena

Supongamos ahora que, por temor a la propagación de la enfermedad, las autoridades ordenan dejar en cuarentena a un barrio de la ciudad, que engloba al 20 % de la población, donde se sabe que se encuentra la primera persona portadora del virus. Los habitantes del barrio y los del resto de la ciudad no están autorizados a encontrarse salvo para casos urgentes. En alguno de esos casos puede darse la situación que la enfermedad se propague al resto de la población.

Para simular esta situación impondremos que un cierto porcentaje de las bolas, el **porcentaje en cuarentena**, tenga la posición inicial en una zona que estará separada del resto por una pared con una pequeña apertura en el centro (tamaño estándar 0.06). El aspecto de la caja en un momento dado de la epidemia se puede observar en la figura (33).

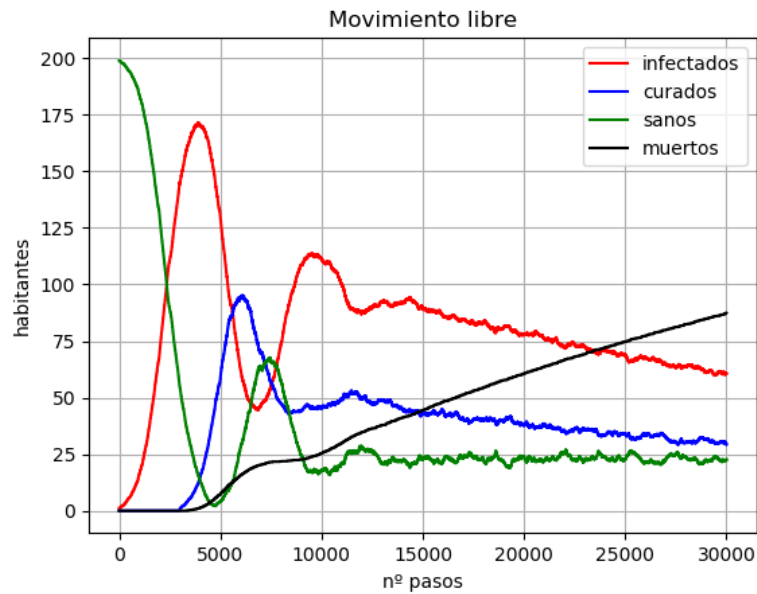


Figura 32: Movimiento libre caso 3b

Consideramos diferentes situaciones:

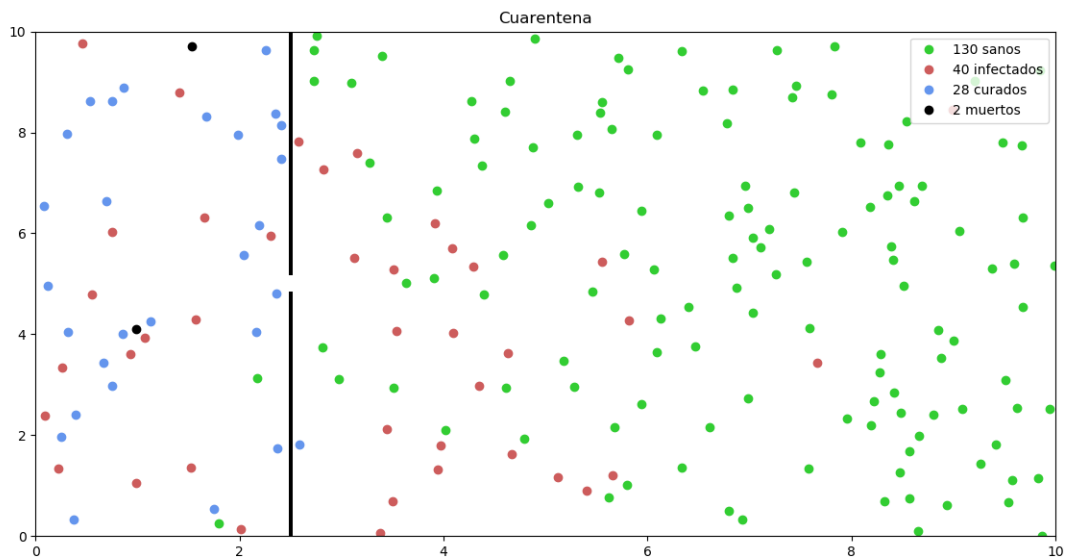


Figura 33: Caja cuarentena

4.3.1. Caso 1

Para un 20% de la población en cuarentena y una apertura de 0.04 obtenemos la gráfica de la figura (34). Vemos como el número máximo de infectados desciende considerablemente con respecto al de la figura (28), aumentando por otro lado la duración de la epidemia. La figura (34) representa una media de 6 simulaciones, pero la aleatoriedad de este apartado es mayor que en los demás, ya que se pueden dar varios casos:

- Algún *infectado* se escapa de la cuarentena nada más comenzar la simulación. La gráfica resulta similar a la de la figura (28).

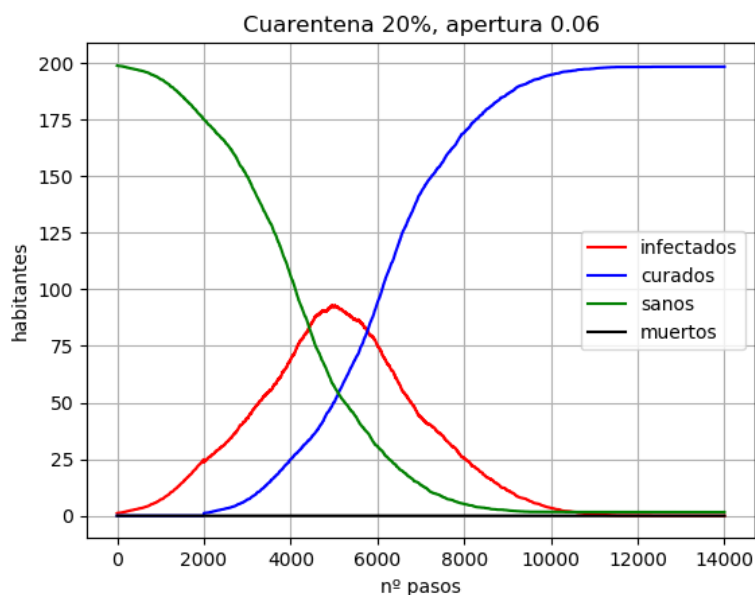


Figura 34: Cuarentena caso 1

- Algún *infectado* se escapa de la cuarentena habiendo pasado un tiempo más prolongado.
- No se escapa ningún *infectado* de la cuarentena.

Estos dos últimos casos vienen mostrados en las figuras (35) y (36). Vemos como cuando se escapan tras haber pasado un tiempo, el pico de infectados es prácticamente tan alto como cuando no existe cuarentena, pero se retrasa en el tiempo.

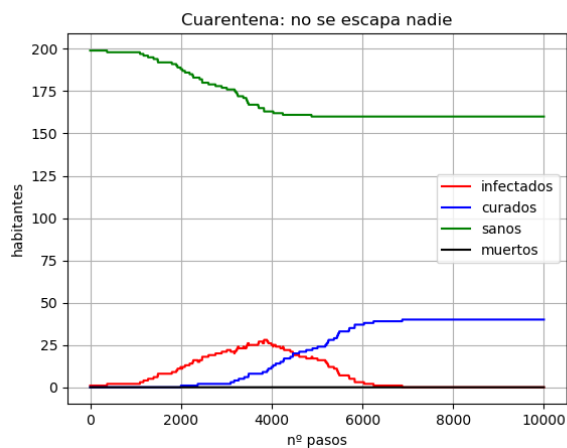


Figura 35: Caso 1a



Figura 36: Caso 1b

Además, el porcentaje de habitantes en cuarentena y el tamaño de la apertura también son parámetros que pueden cambiar de una población a otra. En las figuras (37) y (38) vemos como la diferencia es notoria. Cuando solo está el 10 % en cuarentena se observa como la mitad de la población no llega a contagiarse y el pico de *infectados* se encuentra cercano a los 50 habitantes. A su vez, para el 40 % tampoco llega a infectarse toda la población, pero tanto la duración de la epidemia como el número máximo de *infectados* aumenta de forma considerable.

Por primera vez hemos conseguido bajar del 25 % en el pico de *infectados*. No obstante, ni al bajar

ni al subir el porcentaje de habitantes en cuarentena hemos modificado el tamaño del barrio en el que viven, parámetro que podría afectar a nuestros resultados.

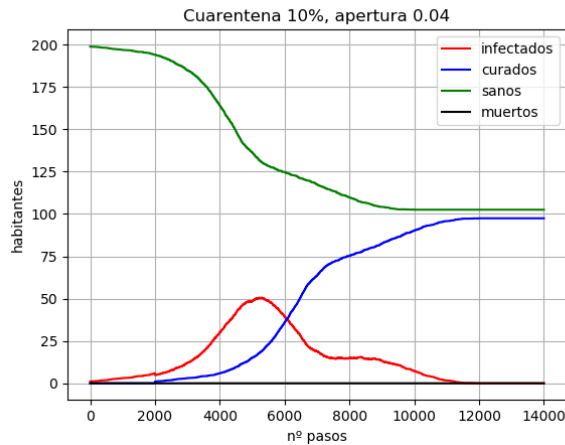


Figura 37: Variación porcentaje-1

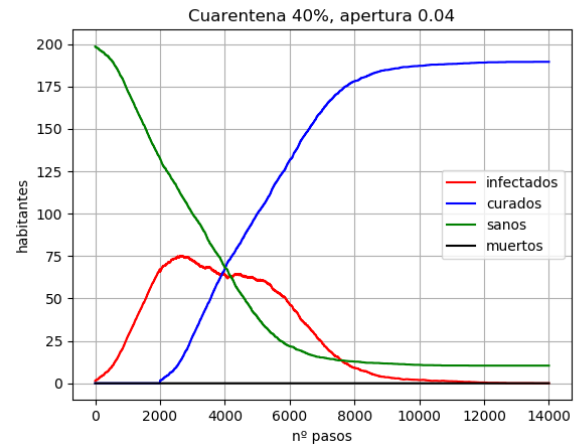


Figura 38: Variación porcentaje-2

Finalmente, en las figuras (39) y (40) comparamos las gráficas al aumentar y disminuir la apertura de la rendija. Vemos que para una apertura de 0.02 las curvas siguen la misma tendencia que para el 10 %, mientras que para una apertura de 0.06 la gráfica es muy similar a la del movimiento libre, pero con un menor pico de **infectados**.

De nuevo, aunque conseguimos un pico de menos de 50 *infectados*, cabe decir que con una rendija de 0.02 es muy improbable que se escape alguna bola. De aquí en adelante la apertura y el porcentaje serán siempre 0.04 y 20 % respectivamente.

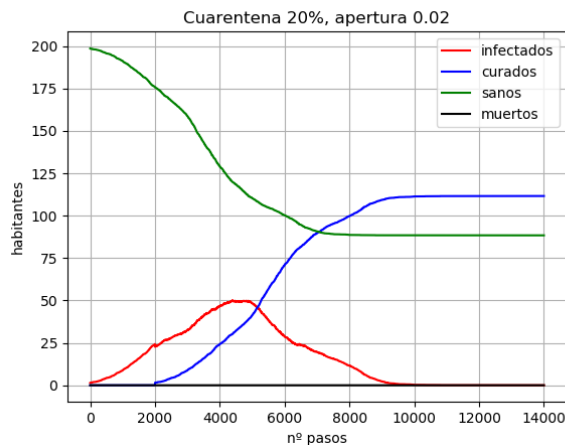


Figura 39: Variación apertura-1

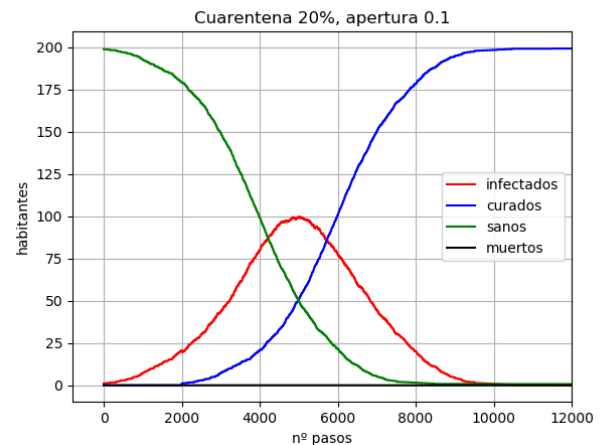


Figura 40: Variación apeertura-2

4.3.2. Caso 2

La figura (41) nos recuerda mucho a la figura (29). La diferencia entre ellas es que el porcentaje de *sanos* no llega a ser 0, sino que desciende al 50 % y rápidamente aumenta para comenzar a oscilar. Además, el porcentaje de *infectados* y de *curados* no llega a ser tan grande como para el caso de libre movilidad.

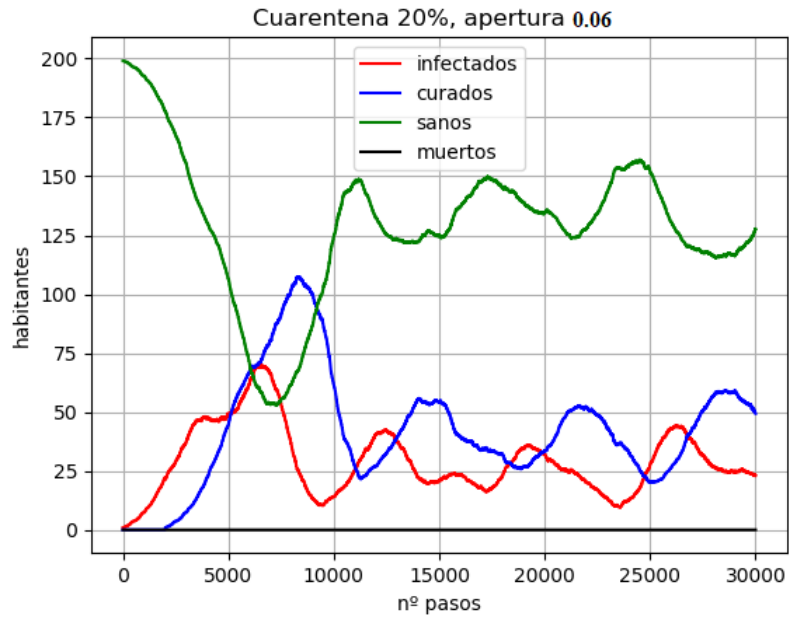


Figura 41: Cuarentena caso 2

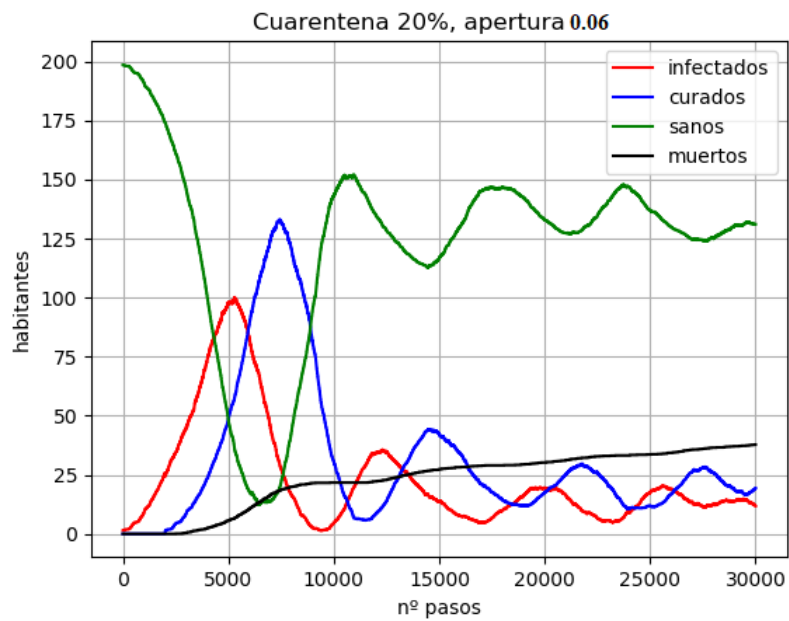


Figura 42: Cuarentena caso 3

4.3.3. Caso 3

La figura (42) resulta, de nuevo, muy similar a cuando las bolas se movían libremente (figura (30)), con las diferencias enumeradas en los casos anteriores.

4.4. Confinamiento

Consideremos una nueva situación en la que las autoridades, intentando reducir al máximo el número de muertos e infectados, instan a la población a quedarse en sus casas. Sin embargo, no se puede parar la actividad económica de la ciudad de forma radical, por lo que un cierto porcentaje de

la población se desplaza libremente, pudiendo contagiar al resto.

En términos de nuestras bolas esto se traducirá en que un **porcentaje de confinamiento** permanecerá inmóvil, como si de paredes se trataran, mientras que el resto se moverá libremente por la caja. La bola que inicialmente porta la enfermedad permanece al último grupo.

Como hicimos para el movimiento libre y para la cuarentena, consideramos diferentes situaciones y las comparamos.

4.4.1. Caso 1

Para un porcentaje en confinamiento del 50 % obtenemos la gráfica de la figura (43). Vemos como el pico de la curva de infectados ha disminuido en comparación con el mismo caso para movilidad libre, pero sigue estando por encima de 25 %. Además, al igual que como ocurría en el caso de cuarentena, la duración de la epidemia ha aumentado.

De nuevo, podemos diferenciar varios casos en función del porcentaje de confinamiento. Como era de esperar, en las figuras (44) y (45) comprobamos que cuanto mayor es el porcentaje de confinamiento, menor es el número de infectados. En los siguientes casos trabajaremos con un 50 %

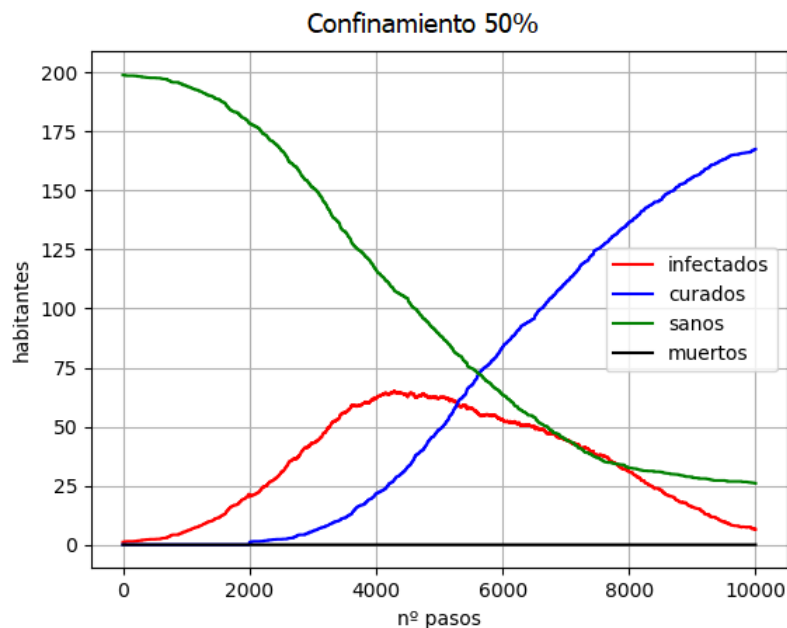


Figura 43: Confinamiento caso 1

4.4.2. Caso 2

En la gráfica de la figura (46) podemos observar una diferencia importante respecto al caso 2 de movilidad libre y de cuarentena (figuras (29) y (41)): mientras que en estos dos apartados las oscilaciones de los tres grupos implicados eran notables en toda la simulación, en el caso que nos concierne se hacen mínimas a partir del paso 15000. Esto se debe al hecho de que la mitad de las bolas permanecen inmóviles, lo cual da estabilidad al porcentaje de cada grupo.

4.4.3. Caso 3

Obtenemos la gráfica de la figura (47), muy similar al mismo caso en cuarentena.

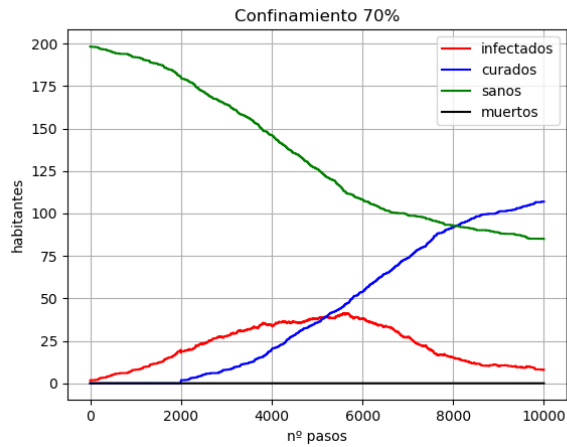


Figura 44: Variación porcentaje-1

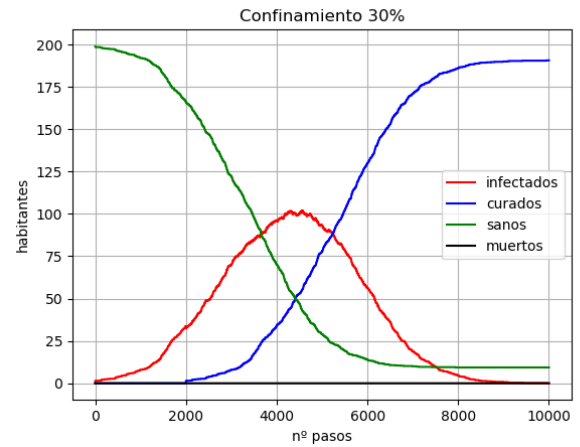


Figura 45: Variación porcentaje-2

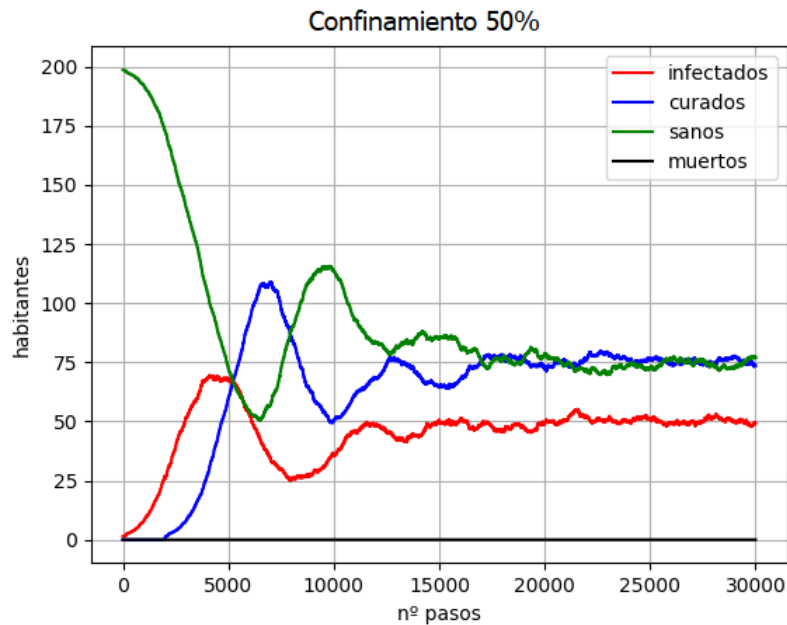


Figura 46: Confinamiento caso 2

4.5. Cuarentena y confinamiento

Finalmente, supongamos que las nuevas órdenes son:

- El mismo barrio, que engloba al 20 % de la población, queda en cuarentena. Tienen libre movimiento por su zona.
- Al resto de habitantes se les insta a quedarse en casa, por si se pudiera escapar la enfermedad de la zona de cuarentena. Un 50 % de este grupo sigue moviéndose con libertad.

Con una apertura de la rendija de 0.06, seguimos diferenciando los mismos casos que en el resto de apartados:

4.5.1. Caso 1

Resulta la gráfica de la figura (48). Podemos ver como hemos conseguido el menor pico de *infectados* hasta ahora, apenas superando el 25 %. Aunque también es el caso que más dura la epidemia, esto no

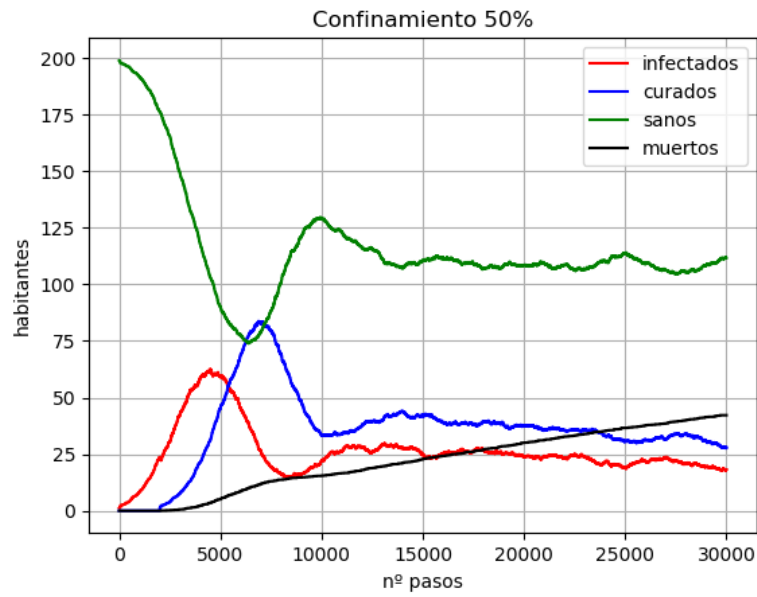


Figura 47: Confinamiento caso 3

es un hecho muy preocupante ya que con tales porcentajes de *infectados*, los centros médicos están capacitados para sobrellevar la situación.

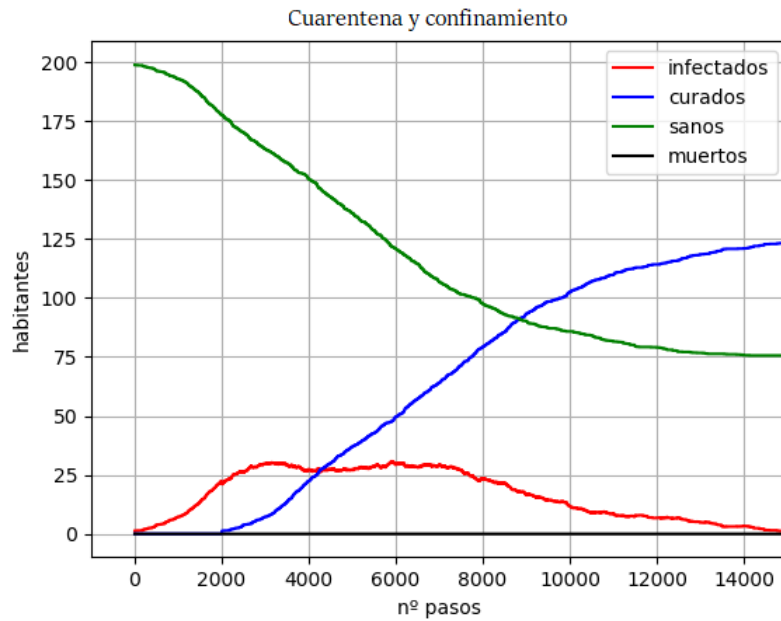


Figura 48: Cuarentena y confinamiento caso 1

4.5.2. Caso 2

En la figura (48) vemos como se repite el patrón de siempre: los porcentajes de *sanos*, *infectados* y *curados* comienzan a oscilar, manteniéndose esa tendencia teóricamente hasta el infinito.

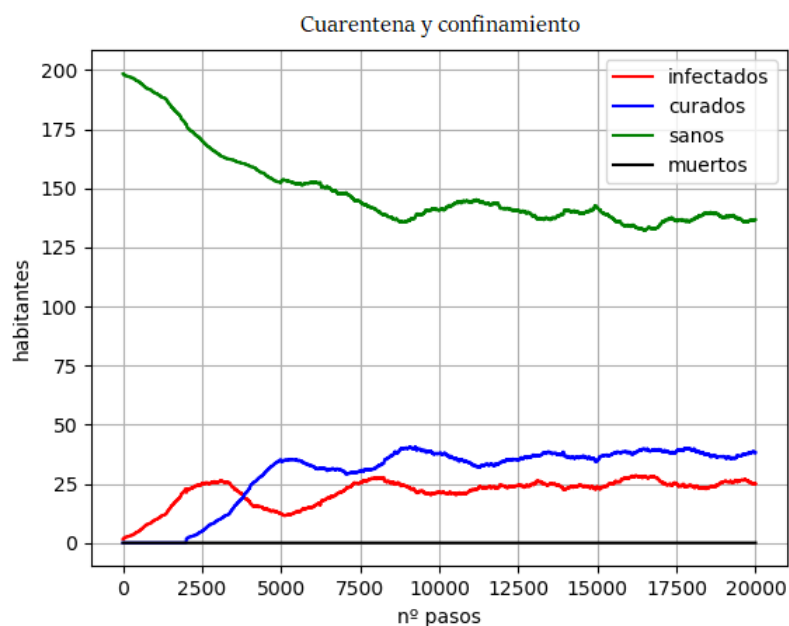


Figura 49: Cuarentena y confinamiento caso 2

4.5.3. Caso 3

En la figura (50) se observa el impacto de los *muertos* en el caso que nos concierne, muy similar a todos los casos anteriores.

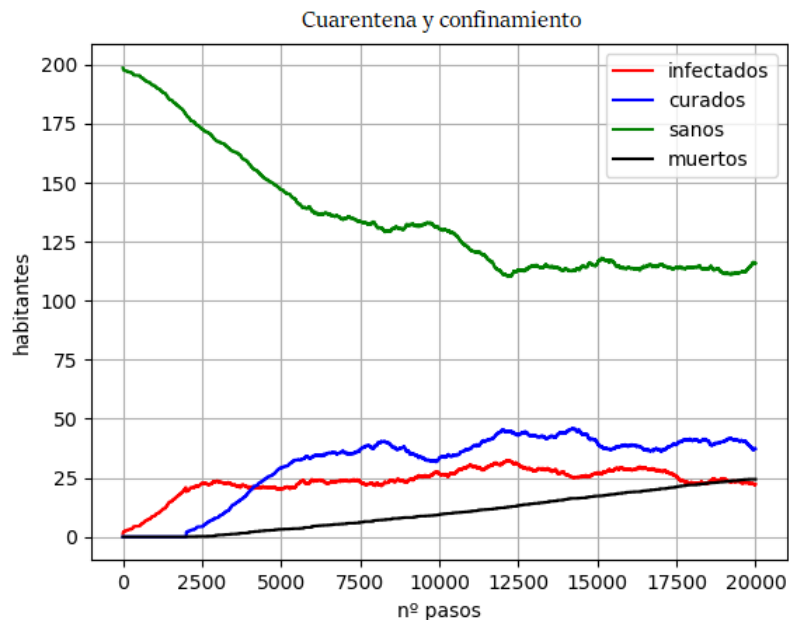


Figura 50: Cuarentena y confinamiento caso 3

4.6. Comparativa: movimiento libre, cuarentena y confinamiento

En este apartado compararemos las representaciones para los tres casos citados, tratando de decidir cual es el que menos perjudica a la población, es decir, el más eficiente. Para ello utilizaremos los valores estándares de duración y de porcentaje que hemos estado tratando a lo largo del apartado.

En la figura (51) se comparan los casos en base a la media de 6 simulaciones. Vemos como en el caso del confinamiento se ha conseguido aplanar la curva de forma que el pico se encuentre en los 70 *infectados*, superando por poco los 50 establecidos como límite del sistema sanitario, y aunque la enfermedad se haya prolongado en el tiempo, los efectos de la epidemia se han reducido.

En la cuarentena encontramos como inicialmente la curva tiene un crecimiento más lento hasta llegar a un punto donde de manera brusca comienza a crecer con más fuerza. Esto suele ser debido a que un individuo infectado sale de la zona de cuarentena y comienza a infectar al resto.

Cuando el movimiento es libre, la enfermedad tiene una duración significativamente menor, pero los efectos que tiene que el pico llegue hasta 150 son inasumibles desde el punto de vista sanitario.

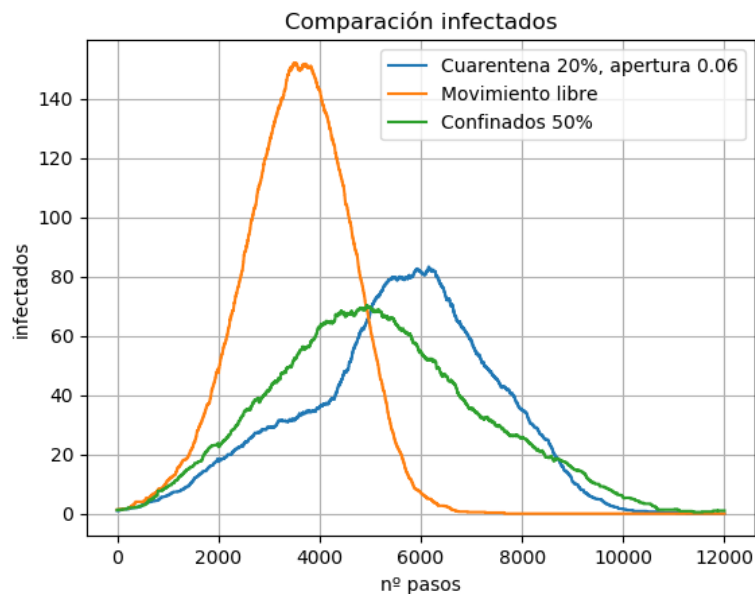


Figura 51: Comparativa de las diferentes medidas 1

En la figura (52) realizamos una comparación en la que la curva de infectados en cuarentena no se corresponde con la media de varias simulaciones, si no con el caso 1b, en el que la cuarentena no es muy efectiva. Se aprecia como el pico más grande se sigue correspondiendo con el movimiento libre, pero en este caso es seguido de cerca por el pico de la cuarentena. Además, podemos observar como el pico es más ancho para el movimiento libre.

Para evaluar los daños cuantitativamente utilizamos el comando **trapz**, contenido en el paquete **numpy**, para calcular el área encerrada bajo ambas curvas. Si integramos toda la curva obtenemos:

- Movimiento libre: 387800
- Cuarentena: 387800
- Confinamiento: 291656

Como era de esperar, resulta el mismo valor en los dos primeros casos, ya que en ambos acaba infectándose toda la población, cosa que no ocurre en el confinamiento.

Sin embargo, si integramos solamente la zona de riesgo, es decir, la zona en la cual la curva supera el 25 % de la población, obtenemos:

- Movimiento libre: 189794

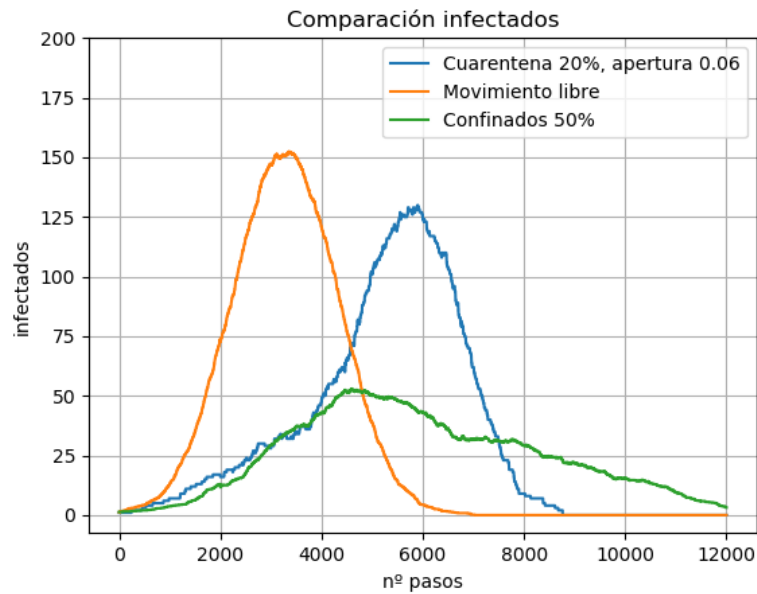


Figura 52: Comparativa de las diferentes medidas 2

- Cuarentena: 128728
- Confinamiento: 1067

Estos valores no tienen ningún significado físico, pero nos sirven para darnos cuenta de que, aunque a menudo la cuarentena puede salir mal y se acaba infectando toda la población, el caso en el que las bolas pueden moverse libremente siempre va a ser más perjudicial para el sistema sanitario, y, por tanto, causará mas muertes.

De todo esto concluimos que, de los que hemos planteado, el método más efectivo para contener una enfermedad infecciosa es el **confinamiento**. Tal y como lo hemos tratado tiene la ventaja frente a la cuarentena de que no depende de la actuación de las bolas en cada simulación, sino que tiene un comportamiento constante. La cuarentena puede funcionar bien en un caso aislado, pero si consideramos una media de varias cuarentenas en varias epidemias el resultado deja de ser tan bueno.

Sin embargo, con los valores estándares que hemos tomado, el confinamiento tampoco asegura que no se vaya a saturar el estado sanitario. Con dichos valores, la única forma con la que hemos conseguido que no se sature ha sido combinando el confinamiento y la cuarentena.

5. Conclusión

A lo largo del informe hemos tratado de dar un enfoque numérico a la propagación de enfermedades infecciosas, utilizando diferentes métodos, modelos, y mostrando representaciones que avalan los mismos. Los métodos numéricos vistos en la asignatura nos han permitido hacer cálculos que, de otra forma, habríamos sido incapaces de abordar.

En primer lugar hemos enunciado y resuelto, para ciertos parámetros, modelos epidemiológicos donde obteníamos unos ciertos valores de población *infectada* y *sana* a partir de sistemas de ecuaciones diferenciales, siendo este el aspecto más teórico del informe.

En cuanto al modelo de Markov, presenta un enfoque probabilístico, donde cada suceso depende únicamente del suceso inmediatamente anterior, lo cual resulta idóneo para predecir el efecto que una epidemia causa en la población.

Para cerciorarnos de que estos modelos puramente matemáticos realmente pueden representar una población real, hicimos una aproximación a esta simulando una caja bidimensional de bolas, las cuales podrían simular una población. Mediante representaciones que indican la evolución de la epidemia, hemos comprobado como los modelos anteriormente descritos tienen validez. Se recomienda ver las simulaciones de las bolas para entender el porqué de los resultados.

Dicho esto, nos hemos centrado entonces en cómo las diferentes medidas de contención de la población en estos casos, pueden disminuir los efectos de la epidemia significativamente. Así vimos como la cuarentena y, sobre todo el confinamiento, pueden ser grandes aliados en cuanto a las epidemias se refiere.

Este trabajo ha sido realmente útil para darnos cuenta de lo amplio que es el mundo de las matemáticas, ya que a partir de tres métodos completamente diferentes hemos llegado a los mismos resultados.

6. Métodos numéricos empleados

6.1. `scipy.integrate.odeint`

`scipy.integrate.odeint`(func,y0,t,args=()): utiliza integración numérica para resolver sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias.

Toma como argumentos una función definida que debe incluir las propias ecuaciones diferenciales, las condiciones iniciales de las variables y un array con los tiempos donde se quiere integrar el sistema, además de los diferentes coeficientes que requiera la función. Devuelve un array con las soluciones evaluadas en el array de tiempo introducido.

6.2. `numpy.diff`

`numpy.diff`(a,n=1,axis=-1,numpy): calcula un cierto número de veces las diferencias sucesivas entre los elementos de un array a lo largo de uno de los ejes.

Toma como argumentos el array en cuestión *a*, el eje y el número de veces que se quiere calcular *n*. Devuelve un array con dichas diferencias con *n* veces menos elementos en el eje en el que se actúa.

A partir de `numpy.diff` se puede calcular numéricamente la derivada de una curva dada por los valores *X* e *Y* en un cierto número de puntos:

$$\text{derivada} = \text{np.diff}(Y)/\text{np.diff}(X)$$

6.3. `sympy.poly`

`sympy.poly`(p): identifica las incógnitas de un polinomio.

Toma como argumento una matriz con los polinomios y devuelve las incógnitas implicadas en cada uno de ellos.

A partir de `sympy.poly` podemos determinar los coeficientes de un polinomio aplicando:

$$a = \text{sympy.poly}(b).\text{coeffs}$$

6.4. `scipy.optimize.nnls`

`scipy.optimize.nnls`(A, b, maxiter = none): resuelve un sistema de ecuaciones por mínimos cuadrados de manera que la solución sea positiva.

Toma como argumentos la matriz de coeficientes *A* y el término independiente *b*. Devuelve un vector con la solución y otro con el residuo.

6.5. `numpy.linalg.solve`

`numpy.linalg.solve`(A,b): resuelve de forma exacta un sistema de ecuaciones

Toma como argumentos la matriz de coeficientes *A* y el término independiente *b*. Devuelve un vector con la solución o, en caso de que no sea un sistema compatible determinado, devuelve `LinAlgError`.

6.6. `numpy.trapz`

`numpy.trapz`(y,x,dx = 1): integra numéricamente mediante el método del trapecio, un array de valores *y* con respecto a sus valores *x*.

Toma como argumentos dichos vectores y devuelve la integral definida.

Referencias

- [1] La página https://www.washingtonpost.com/gdpr-consent/?next_url=https%3a%2f%2fwww.washingtonpost.com%2fgraphics%2f2020%2fworld%2fcorona-simulator-spanish%2f visitada por ultima vez 15/03/2020
- [2] La página <https://numpy.org/doc/> visitada por última vez 01/04/2020
- [3] La página <https://docs.scipy.org/doc/> visitada por última vez 01/04/2020
- [4] La página https://matplotlib.org/api/pyplot_api.html visitada por última vez 01/04/2020
- [5] La página https://es.wikipedia.org/wiki/Cadena_de_M%C3%A1rkov visitada por última vez 28/03/2020
- [6] La página https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology visitada por última vez 23/03/2020
- [7] Apuntes de la asignatura Métodos Matemáticos y sus Aplicaciones a la Física.