

Análisis Numérico: Reto 3

1st José Miguel Torres Aparicio
Ingeniería de Sistemas
Pontificia Universidad Javeriana
Bogotá D.C., Colombia
jotorres@javeriana.edu.co

2nd Daniel Ricardo Ramírez
Ingeniería de Sistemas
Pontificia Universidad Javeriana
Bogotá D.C., Colombia
ramirezdr@javeriana.edu.co

3rd Cristóbal Castrillón Balcázar
Ingeniería de Sistemas
Pontificia Universidad Javeriana
Bogotá D.C., Colombia
cristobal.castrillon@javeriana.edu.co

Palabras claves — ecuación diferencial ordinaria; sistema de ecuaciones; modelo matemático; Susceptible – Infectado – Recuperado; Susceptible – Infectado; Depredador – Presa; ecuaciones de Lotka-Volterra; método numérico; método de Runge-Kutta; método de Adams-Bashford; método de Adams-Moulton; backward differentiation formula.

I. INTRODUCCIÓN

El objetivo de este documento es informar al lector sobre el proceso de simulación de tres modelos construidos a partir de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO), cuya aplicación es pertinente en áreas relacionadas a las ciencias naturales y disciplinas afines, y que han sido resueltos mediante los métodos numéricos de Runge-Kutta de cuarto orden y la función ODEInt de la librería SciPy.

Se implementó un par de modelos matemáticos amplia y típicamente utilizados en el estudio de la epidemiología: a saber, el modelo Susceptible – Infectado (SI); y el modelo Susceptible – Infectado – Recuperado (SIR); y se procedió a resolverlos mediante los métodos numéricos mencionados. Los resultados, que fluctúan dependiendo de la sensibilidad asociada (los parámetros dados), se compararon con datos reales de infección por la epidemia de SARS-CoV-2/COVID19 en la ciudad de Bogotá, cuyo comportamiento se ha modelado en repetidas ocasiones [1] como un sistema SIR, y que, sin tener en cuenta el comportamiento asociado a la recuperación de quien ha contraído el virus, puede modelarse mediante SI.

Además, se implementó un modelo Depredador – Presa, con base en las ecuaciones de Lotka – Volterra, el cual se solucionó mediante la función ODEInt de la librería SciPy.

II. MODELOS

A. Susceptible – Infectado

El modelo Susceptible – Infectado, propuesto inicialmente en 1927 por Kermack & McKendrick [2], hace referencia al comportamiento epidemiológico que pueden tener sistemas cuyos individuos involucrados pueden estar simultáneamente en uno de dos grupos: el grupo de susceptibles o el grupo de infectados. Como se ve a continuación, las ecuaciones diferenciales que modelan el comportamiento de estos dos, son opuestas:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N}, \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N}, \quad (2)$$

En las que S se refiere a la cantidad de individuos susceptibles a contraer la infección en estudio, en una población N; e I se refiere a la cantidad de individuos infectados.

B. Susceptible – Infectado – Recuperado

Este apartado hace referencia al modelo determinístico propuesto por Kermack & McKendrick (1927)[2], que consta de los parámetros enunciados a continuación: N, que es el número de individuos en una población, de los cuales S son susceptibles a ser infectados (I), es decir, aún no han sido infectados ni son inmunes, y R se han recuperado o han fallecido en el intervalo de tiempo. Además, se tienen en cuenta la tasa de infección del patógeno (β), y la tasa de recuperación (o defunción) de la enfermedad (γ). Para este caso se ignora, por simplicidad, el crecimiento poblacional durante el lapso en que se lleva a cabo la simulación.

Se plantean entonces las siguientes ecuaciones diferenciales:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N}, \quad (3)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I, \quad (4)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I. \quad (5)$$

Las ecuaciones (4) y (5) describen el comportamiento percibido de la infección (i.e. la propagación de un patógeno) y el comportamiento percibido de la recuperación (o el fallecimiento) de los previamente infectados, respectivamente, para un escenario con población N constante.

Por otra parte, la ecuación (3) —que se refiere a la proporción de individuos susceptibles en la población—, sugiere un comportamiento opuesto a la ecuación (4).

El modelo supone, además, que cada individuo solo puede pertenecer a un grupo (S, I, o R) simultáneamente; que la interacción entre individuos es aleatoria; y que no existe ningún tipo de intervención externa que altere la tasa de transmisión, como lo pueden ser las migraciones de individuos o grupos de estos.

C. COVID-19 en Bogotá D.C.

Se procedió, entonces, a la implementación de los dos modelos expuestos con anterioridad, con base en algunos de los parámetros sugeridos por Manrique-Abril, *et al.* [3], modelo propuesto como un pronóstico sensible para el desarrollo de la epidemia en Colombia, en marzo el 2020 (alrededor de 20 días después de la introducción del patógeno en el territorio colombiano).

Además, se hizo uso de la herramienta estadística que brinda el DANE, en la cual se encontró la población de Bogotá D.C. para el año 2018 [4]. Esta última se utilizó como parámetro N para las simulaciones del desarrollo de

COVID19 en la ciudad de Bogotá D.C., como también se supuso como la cantidad base para el cómputo de los individuos susceptibles S_i .

Asimismo, se supuso la cantidad inicial de individuos infectados I_i igual a uno; y la cantidad inicial de individuos recuperados R_i (no confundir con el número reproductivo básico R_0), para el modelo SIR, igual a cero.

Lo anterior se ilustra en *Tabla 1*.

Parámetro / Variable	Valor
Población (N)	7,149,540
Cantidad inicial de susceptibles (S_i)	7,149,539
Cantidad inicial de infectados (I_i)	1
Cantidad inicial de recuperados (R_i)	0
Tasa diaria de interacción (β)	1.5
Tasa de recuperación (%) (γ)	2.2

Tabla 1: Tabla de datos COVID19

D. Depredador – Presa: ecuaciones de Lotka – Volterra

Además de los anteriores modelos, útiles para pronósticos epidemiológicos, se planteó un modelo Depredador – Presa, con base en las ecuaciones de Lotka – Volterra, que ilustran el funcionamiento de este tipo de sistemas biológicos dinámicos:

$$\frac{dx}{dt} = x(\alpha - \beta y) \quad (6)$$

$$\frac{dy}{dt} = -y(\gamma - \delta x) \quad (7)$$

Donde y es la cantidad de individuos de alguna especie de depredador; x la cantidad de presas para el depredador; dy/dt y dx/dt el crecimiento para cada una de las poblaciones; t representa el tiempo; y α , β , γ y δ son parámetros que representan la interacción entre las dos especies (tasas de natalidad y mortalidad por año respectivamente). Los valores utilizados están consignados en la Tabla 2 que se puede ver a continuación.

Parámetro / Variable					
α	β	γ	δ	x	y
0.2	0.001	0.001	0.5	1000	100

Tabla 2: Parámetros y variables Depredador – Presa

III. MÉTODOS UTILIZADOS

Los métodos numéricos utilizados para la solución de los sistemas de ecuaciones diferenciales propuestos para cada uno de los modelos se describen brevemente a continuación.

A. Función ODEInt de SciPy

La función ODEInt es una función de la librería de código abierto SciPy. Hace un llamado a un *wrapper* [5] propio para la función LSODA de la librería ODEPACK para FORTRAN, que se vale de los métodos multipaso de Adams para el caso de sistemas de EDOs que requieren de métodos no rígidos; o de métodos multipaso BDF (*backward*

differentiation formula) para sistemas de ecuaciones diferenciales que requieren de métodos rígidos.

Este método fue utilizado para los tres modelos (SI; SIR; y Depredador – Presa), por su versatilidad y la relativa facilidad de uso que ofrece.

B. Método de Runge-Kutta

El método de Runge-Kutta de orden 4 para resolución de EDOs, es útil para ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden, y requiere de un valor inicial. Dado que, al hacer uso únicamente de la información de *un* paso (iteración) anterior, a diferencia de los métodos de Adams o BDF, es clasificado como “de un solo paso”.

Este método se utilizó para la solución de los modelos epidemiológicos (SI; y SIR).

IV. ANEXOS RESULTADOS: SIMULACIÓN COVID19

La simulación para la epidemia por COVID19 en la ciudad de Bogotá se modeló con los parámetros enunciados en la sección C del segundo apartado («Modelos»). Adicionalmente, se tuvo en cuenta un período de 60 días (dos meses) a partir de la incidencia del paciente cero (I_i) en la población, con 60 muestras realizadas para la discretización de las ecuaciones (i.e. tamaño de paso igual a 1) y la solución mediante los respectivos métodos.

A. Simulación de SI

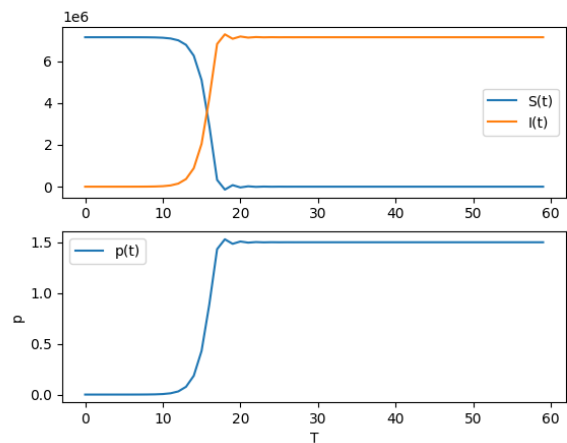


Figura 1: Método Genérico

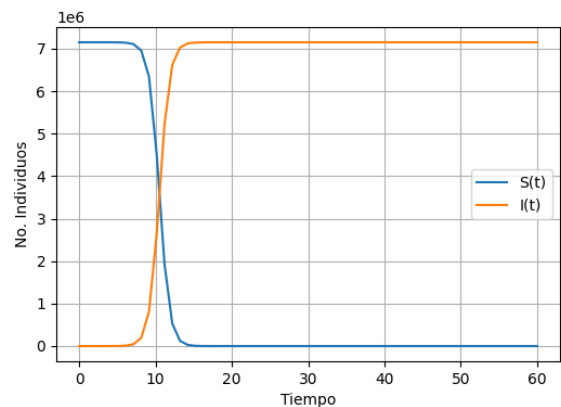


Figura 2: Método de Runge – Kutta de Cuarto Orden

B. Simulación de SIR

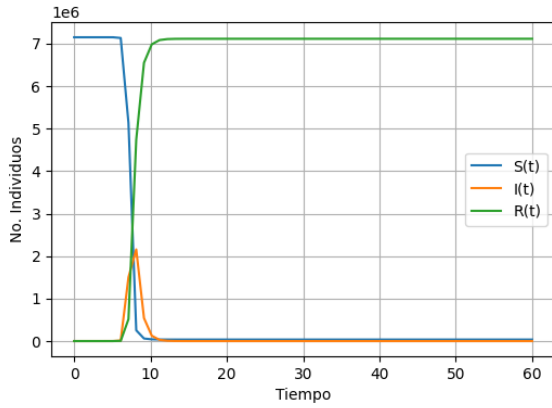


Figura 3: Método de Adams

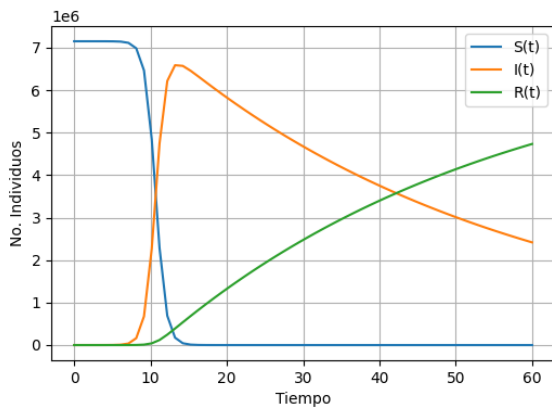


Figura 4: Método de Runge – Kutta de Cuarto Orden

C. Datos Reales

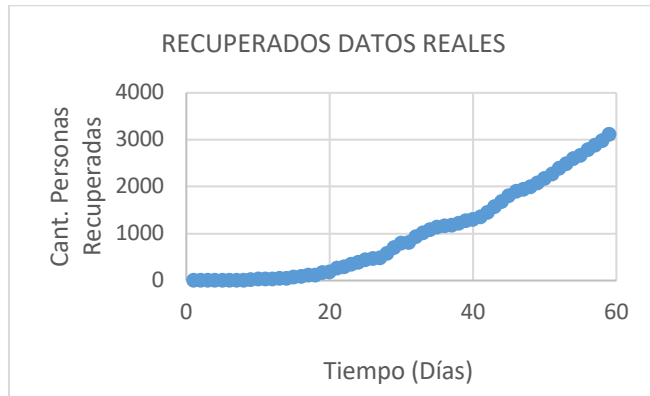


Figura 5

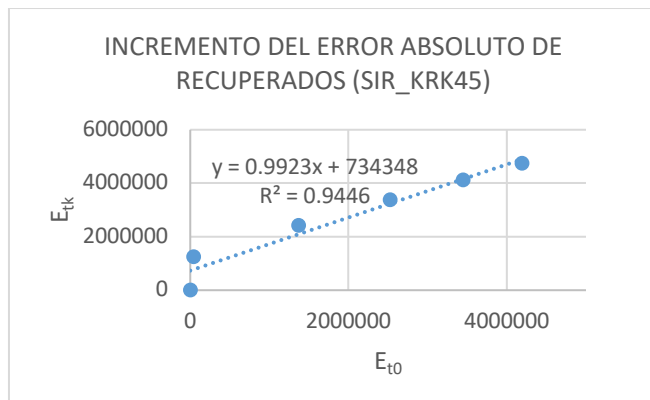


Figura 6

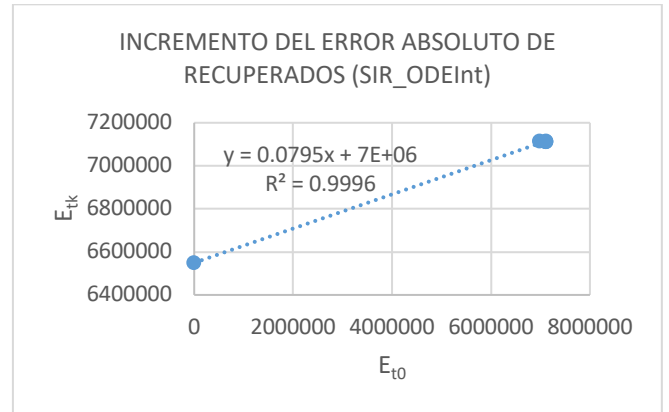


Figura 7

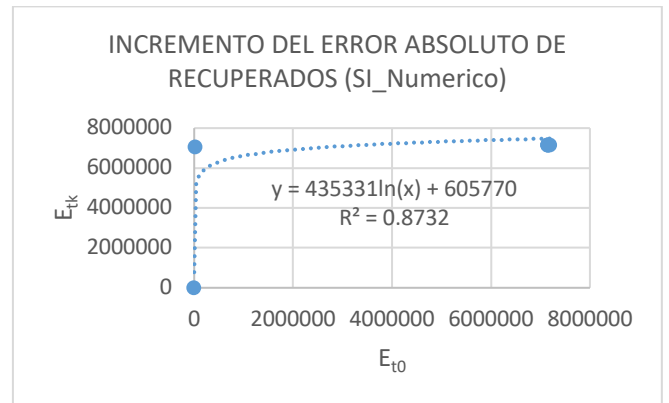


Figura 8

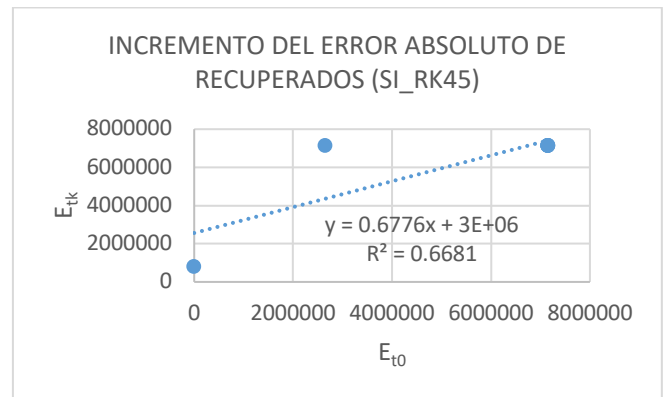


Figura 9

Modelo	Método	Estabilidad
SI	Genérico	Inestable
SI	Runge-Kutta Cuarto Orden	Semiestable
SIR	ODEInt - LSODA	Estable
SIR	Runge-Kutta Cuarto Orden	Estable

Tabla 3: Estabilidad de modelo según el método

V. RESULTADOS: DEPRDADOR – PRESA

A. Simulación con ecuaciones de Lotka–Volterra

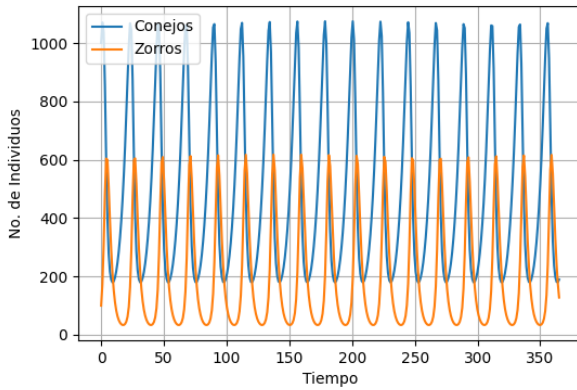


Figura 10: Depredador - Presa

La anterior gráfica ilustra un comportamiento periódico. Los periodos correspondientes a un ciclo para el sistema, son de 42.94 días para los zorros (depredadores) y de 44.24 para los conejos (presas). De la misma manera, la frecuencia del comportamiento es de $0.001984 \text{ días}^{-1}$ para los conejos, y de

$0.023288 \text{ días}^{-1}$ para los zorros; y la amplitud de cada uno de los ciclos es de 447.671808 individuos para los conejos, y de 292.129839 para los zorros.

REFERENCIAS

- [1] “Modelos matemáticos y el COVID-19.”
<https://colombiamedica.univalle.edu.co/index.php/colombiamedica/article/view/4277/4761>.
- [2] “A contribution to the mathematical theory of epidemics.”
<https://royalsocietypublishing.org/doi/pdf/10.1098/rspa.1927.0118>.
- [3] “Modelo SIR de la pandemia de Covid-19 en Colombia.”
<http://www.scielo.org.co/pdf/rsap/v22n2/0124-0064-rsap-22-02-e202.pdf>.
- [4] “¿CUÁNTOS SOMOS?”
https://sitios.dane.gov.co/cnpv/#!/donde_estamos.
- [5] “Scipy Reference.”
<https://docs.scipy.org/doc/scipy/reference/generated/scipy.integrate.LSODA.html#r838579b36be5-2>.