

Análisis computacional del modelo epidemiológico SEIR

Juan Sebastián García Salas

Asesorado por: Miguel González Duque

Índice

1. Introducción	1
2. Fundamentos matematicos	2
2.1. Ecuaciones diferenciales	2
2.1.1. Ejemplo	3
2.2. Modelos biológicos	5
2.3. Métodos numéricos	5
2.3.1. Ejemplo	7
3. El modelo SEIR	8
3.1. Enfermedades y epidemiología	8
3.2. Descripción matemática del modelo	10
3.3. Implementación del codigo	11
4. Análisis de resultados	14
4.1. Diferencias entre los paquetes de MATLAB	14
4.2. Resultados	15
5. Conclusiones	20

1. Introducción

La epidemiología de enfermedades se dedica al análisis de los factores deterministas, pronósticos y control de elementos asociados enfermedad. Además, examina la dinámica de estas enfermedades en una población con el fin de comprender su evolución y establecer medidas de seguimiento y control. Esta disciplina emplea herramientas matemáticas, como las ecuaciones diferenciales ordinarias, para establecer relaciones entre los distintos comportamientos a través de variables y parámetros que influyen en el desarrollo o extinción de la enfermedad. Se utilizan diversos modelos matemáticos que explican los estados epidemiológicos, asumiendo que cada individuo tiene igual probabilidad de

entrar en contacto con cualquier otro de la población. Por ejemplo, en el caso del VIH, se identifican dos estados: los individuos infectados que permanecen contagiosos y los susceptibles que están en riesgo de contraer la enfermedad. A esto se le conoce como modelo SI, donde el individuo adquiere el virus de una persona infectada sin desarrollar inmunidad. De manera similar, para enfermedades como la gripe, se emplea el modelo SIS, que permite que un individuo pase de estar infectado a ser susceptible y así volver a contraer la enfermedad. Para enfermedades en las que el individuo adquiere inmunidad, se utilizan los modelos SIR, pero que pasa para las enfermedades como el COVID 19 para ello se implementa el modelo SEIR cuyo modelo describe el comportamiento de las enfermedades en el individuo con una ventana de expuestos, es decir, la población tiene las mismas condiciones necesarias para ser infectados una vez haya tenido contacto con un individuo que este infectado. [1]

2. Fundamentos matematicos

En el estudio de fenómenos complejos y problemas, los conceptos matemáticos básicos desempeñan un papel fundamental al proporcionar un marco estructurado para describir, analizar y resolver diversas problemáticas. La jerarquía de estos conceptos forma un modelo matemático que abarca desde la formulación inicial de un problema hasta la obtención de soluciones a través de diferentes enfoques. A continuación, exploraremos cómo estos fundamentos matemáticos se entrelazan para construir un modelo coherente:

2.1. Ecuaciones diferenciales

Las ecuaciones diferenciales, desde su nacimiento en el siglo XVII, han proporcionado grandes avances en matemáticas, ciencias e ingeniería. Su principal característica es que están escritas en términos de las derivadas de una función desconocida de una (ecuación diferencial ordinaria) o más variables (ecuación diferencial parcial) [14]. Estas también son clasificadas según su orden y si son lineales o no. Estas están descritas por la forma:

$$X' = f(t, x(t))$$

Si dicha ecuación diferencial está sujeta a unas condiciones sobre su función desconocida, entonces se dice que es un problema de valor inicial, donde esas condiciones son conocidas como condiciones iniciales.

$$X' = f(t, x(t)); \quad \text{con } t \in [a, b] \text{ cuando } x(a) = x_0$$

Por otro lado, cuando estas condiciones están sujetas a los extremos del dominio, se dice que es un problema de valor de frontera.

$$X' = f(t, x(t)); \quad \text{con } t \in [a, b] \text{ cuando } x(a) = \alpha, x(b) = \beta$$

Los autores Spiegel y Garcia clasifican tres etapas en la solución teórica de problemas científicos, tomando como referencia el método científico [13]:

1. **Formulación matemática del problema científico:** En esta primera fase, lo que se trata de hacer es construir un modelo matemático que refleje una aproximación de la realidad.
2. **Solución de las ecuaciones:** En este paso, como se indica, es resolver la ecuación con tal de encontrar la solución o soluciones aproximadas de la ecuación diferencial.
3. **Interpretación científica de la solución:** Darle interpretación a la solución es darle el punto de vista aplicado. Esto se puede hacer por medio de gráficas o tablas en donde se logrará dar raciocinio a tales resultados.

Para poder inferir sobre las propiedades cualitativas de la solución de la ecuación diferencial, se utilizan los campos de direcciones o también conocidos como campos de pendientes; de igual manera, esto permite poder identificar patrones de comportamiento o clasificando los puntos de equilibrio los cuales son puntos que hace que la ecuación diferencial ordinaria se anula por completo.

2.1.1. Ejemplo

$$\frac{dx}{dt} = x(x - 1) \tag{1}$$

$$\frac{dx}{x(x - 1)} = dt$$

$$\int \frac{dx}{x(x - 1)} = \int dt$$

$$\int \left(\frac{-1}{x} + \frac{1}{x - 1} \right) dx = \int dt$$

$$-\ln |x| + \ln |x - 1| = t + k$$

$$\ln \left| \frac{x - 1}{x} \right| = t + k$$

$$\left| \frac{x - 1}{x} \right| = e^{(t+k)}$$

$$\left| 1 - \frac{1}{x} \right| = e^{(t+k)}$$

$$x(t) = \frac{1}{1 - e^{-t-k}} \quad \text{para } t \in (-\infty, -k)$$

$$x(t) = \frac{1}{1 + e^{t+k}} \quad \text{para } t \in (-k, +\infty)$$

$$x(t) = \frac{1}{1 + e^{-t-k}} \quad \text{para } t \in \mathbb{R}$$

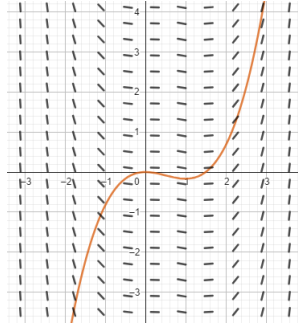


Figura 1: Campo pendiente de la ecuacion 1

Donde en la imagen se puede observar las curvas de soluciones y el campo de direcciones de la ecuación diferencial, cuando $x(t) = 1$, $x(t) = 0$ serían los puntos equilibrio. Sin embargo, otra forma de conocer la solución es por medio del análisis cualitativo estudiando las isoclinas y las nuclinas.

Sea $\frac{dx}{dt} = x(x-1)$.

Se evalúa cuando $x(x-1) < 0$, $x(x-1) > 0$ para el estudio de las isclinas y se evalúa $x(x-1) = 0$ para el estudio de las nuclinas.

Veamos qué sucede cuando $x(x-1) < 0$:

$$x > 0 \quad \text{o} \quad x - 1 < 0 \implies x < 1.$$

Acá se puede decir que cuando $0 < x < 1$ las soluciones decrecen.

Veamos qué sucede cuando $x(x-1) = 0$:

$$x = 0 \quad \text{o} \quad x - 1 = 0 \implies x = 1.$$

aquí las soluciones se mantendrán constantes es decir que las pendientes serán iguales a cero

Veamos qué sucede cuando $x(x-1) > 0$:

$$x > 0 \quad \text{o} \quad x - 1 > 0 \implies x > 1 \quad \text{o} \quad x < 0 \quad \text{o} \quad x - 1 < 0 \implies x < 1.$$

Acá se tiene que cuando $x \in (-\infty, 0) \cup (1, +\infty)$, se dice que las soluciones crecen. En $x \in (-\infty, 0)$ crecen hacia el valor de equilibrio $x(t) = 0$ y en $x \in (1, +\infty)$ crecen desde el valor de equilibrio $x(t) = 1$ hacia el infinito.

Hasta ahora solo se ha visto cuando se tiene una función desconocida junto con su derivada, si se pensará las posibilidades de tener múltiples funciones

desconocidas y derivadas, se tendría lo que se conoce como un sistema de ecuaciones diferencias. Un buen ejemplo que estudiaremos será el modelo SEIR, un modelo epidemiológico en donde se observa el paso de los individuos de un estado susceptible (S), a los expuestos (E), luego a los infectados (I), para una final recuperación sin riesgo a ser susceptible nuevamente (R).

2.2. Modelos biológicos

La biomatemática es una disciplina interdisciplinaria que fusiona conceptos y técnicas de matemáticas con principios biológicos para comprender y modelar fenómenos en biología y medicina. Su objetivo principal es traducir problemas biológicos y médicos en términos matemáticos. Esto permite el análisis cuantitativo, la simulación y la predicción de comportamientos de sistemas biológicos complejos. La biomatemática se aplica en diversos campos como la ecología, la evolución, la genética, la epidemiología y la neurociencia.

Los modelos biológicos, por otro lado, son representaciones simplificadas y estructuradas matemáticamente de sistemas y procesos biológicos en la naturaleza. Estos modelos buscan describir y entender el comportamiento de organismos, poblaciones, comunidades y fenómenos biológicos mediante la formulación de ecuaciones y reglas matemáticas.

En este vasto campo de la biomatemática, donde la complejidad biológica se encuentra con la precisión matemática, exploramos una variedad de modelos que capturan las sutilezas de la vida. Desde la dinámica de poblaciones hasta la propagación de enfermedades, y desde las interacciones ecológicas hasta la evolución genética, estos modelos matemáticos se convierten en herramientas poderosas que nos permiten comprender, predecir y optimizar fenómenos biológicos.

Así, la conexión entre los diversos tipos de modelos biológicos revela un fascinante tapiz de conocimiento, donde la matemática y la biología convergen para iluminar los misterios de la vida.

2.3. Métodos numéricos

El análisis numérico, una disciplina matemática, se dedica al desarrollo y análisis de algoritmos y métodos numéricos diseñados para resolver problemas matemáticos en los cuales las soluciones exactas son difíciles de obtener analíticamente. Su enfoque principal radica en proporcionar soluciones aproximadas o numéricas a problemas que involucran ecuaciones y fenómenos continuos.

En el contexto específico de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO), el análisis numérico desempeña un papel crucial debido a la dificultad o imposibilidad de encontrar soluciones analíticas para muchas de estas ecuaciones. Las EDO modelan una amplia variedad de fenómenos en campos como la física,

la ingeniería y otras disciplinas, incluyendo el crecimiento de poblaciones, el movimiento de partículas y la transferencia de calor.

La discretización, un concepto fundamental en métodos numéricos, sirve como punto de partida esencial. En este proceso, ya sea en el tiempo o el espacio, se representa el dominio continuo mediante un conjunto discreto de puntos. Este enfoque facilita la aplicación de algoritmos y aproximaciones para obtener soluciones numéricas eficientes.

Entre los algoritmos más destacados se encuentra el método de Taylor. Este método se basa en la expansión de una función en una serie de Taylor alrededor de un punto dado. En el contexto de ecuaciones diferenciales, el método de Taylor permite aproximar soluciones mediante la truncación de la serie de Taylor en un término específico. Aunque este método ofrece una aproximación precisa, su eficacia está vinculada a la inclusión de más términos, lo cual puede aumentar la complejidad tanto computacionalmente como aritmeticamente debido al cálculo de sus derivadas es decir que cuanto más detallado sea el modelo con términos específicos, mayor será la carga de cómputo, lo que puede resultar en tiempos de ejecución más largos y requerir recursos computacionales más avanzados, esta serie es descrita de la siguiente forma [6], [12].

$$x(t+h) = x(t) + hx'(t) + \frac{h^2}{2}x''(t) + \frac{h^3}{3}x'''(t)\dots \quad (2)$$

Al explorar diversas estrategias para la aproximación numérica de ecuaciones diferenciales, después de haber discutido la sofisticación del método de Taylor de orden tres, ahora nos adentramos en una alternativa más práctica y computacionalmente eficiente conocida como el método de Runge-Kutta de segundo orden (RK2).¹ Este método, aunque sacrifica la precisión de los términos de orden superior, ofrece una solución más sencilla y fácil de implementar cuya ecuación para aproximar esta definida de la siguiente forma.

$$x(t+h) = x + w_1hf + w_2hf(t + \alpha h, x + \beta hf) + O(h^3) \quad (3)$$

donde w_1, w_2, α, β son parametros y h es el tamaño del paso en el tiempo, y $O(h^3)$ es el error de truncamiento en cada paso, como ya habíamos mirado en el método de Taylor anteriormente podemos reescribir la ecuación 3 haciendo uso de la ecuación 2 lo que finalmente tenemos,

$$x(t+h) = x + w_1hf + w_2h[f + \alpha hf_t + \beta hff_x]$$

no obstante dichos parametros deben satisfacer ciertas condiciones.

$$\begin{aligned} w_1 + w_2 &= 1 \\ w_2\alpha &= \frac{1}{2} \\ w_2\beta &= \frac{1}{2} \end{aligned}$$

el metodo de Runge- Kutta tiene errores de tuncamiento tanto global como local donde los mas destacados son:

¹Esta descripción y discusión fue tomada de [6, Cap. 8].

- El error global se acumula a lo largo de toda la solución.
- El error de truncamiento acumulado es de segundo orden $O(h^2)$ mientras el error de truncamiento en cada paso es de tercer orden $O(h^3)$

Aunque el método de Runge-Kutta de segundo orden (RK2) es efectivo, se busca mejorar la precisión en la aproximación de la solución mediante el uso del método de Runge-Kutta de cuarto orden (RK4). Este metodo es uno de los mas usados dentro del analisis numerico debido a su sencillez en el algortimo donde sea la ecuacion diferencial de primer orden con una condicion inicial $y'(x) = f(x, y)$, $y(x_0) = y_0$ para aproximar la solucion numericamente recurrimos al metodo (RK4) cuya deficion esta dada.

$$x(t+h) = x(t) + \frac{1}{6}(F_1 + 2F_2 + 2F_3 + F_4) \quad (4)$$

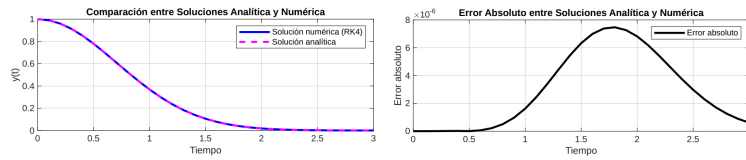
Donde

$$\begin{aligned} F_1 &= hf(t, x) \\ F_2 &= hf(t + \frac{1}{2}h, x + \frac{1}{2}hf(t, x)) \\ F_3 &= hf(t + \frac{1}{2}h, x + \frac{1}{2}(hf(t + \frac{1}{2}h, x + \frac{1}{2}hf(t, x)))) \\ F_4 &= hf(t + h, x + (hf(t + \frac{1}{2}h, x + \frac{1}{2}(hf(t + \frac{1}{2}h, x + \frac{1}{2}hf(t, x)))))) \end{aligned}$$

Este método, denominado RK4, logra emular la precisión del método de Taylor de orden cuatro al asociar cuidadosamente sus coeficientes con los del método de Taylor, resultando en un error local de orden $O(h^5)$. A pesar de ser un método explícito, su error global se mantiene en $O(h^4)$, lo que demuestra su eficacia. Además, para cada paso de la simulación, se requieren cuatro nuevas evaluaciones de la función f [2, 11].

2.3.1. Ejemplo

Sea la ecuacion diferencial $y'(t) = -2ty$ con condicion inicial $y(0) = 1$.



(a) Grafica de la ecuación diferencial con su aproximación

(b) Error de aproximación

Donde la aproximación es casi exacta a la solcuión de la ecuación. Dadas las diferencias que existen dentro de la sulución numérica y la solución analítica nos damos cuenta que las tolerancias en un determinado paso del tiempo estan dadas de la forma:

$$|ELT_k| \leq \max(\text{RelTol} \cdot |y_k|, \text{AbsTol}(k))$$

Tiempo	y_analitica	y_solution	error_abs
0	1	1	0
0.1	0.99005	0.99005	4.1583e-10
0.2	0.96079	0.96079	3.9167e-09
0.3	0.91393	0.91393	1.1253e-08
0.4	0.85214	0.85214	1.6499e-08
0.5	0.7788	0.7788	2.5277e-09
0.6	0.69768	0.69768	6.1107e-08
0.7	0.61263	0.61263	2.1581e-07
0.8	0.52729	0.52729	5.065e-07
0.9	0.44486	0.44486	9.7047e-07
1	0.36788	0.36788	1.6253e-06
1.1	0.2982	0.2982	2.4593e-06
1.2	0.23693	0.23693	3.4284e-06
1.3	0.18452	0.18452	4.4589e-06
1.4	0.14086	0.14086	5.4586e-06
1.5	0.1054	0.10541	6.3311e-06
1.6	0.077305	0.077312	6.9917e-06
1.7	0.055576	0.055584	7.3804e-06
1.8	0.039164	0.039171	7.4702e-06
1.9	0.027052	0.027059	7.2686e-06
2	0.018316	0.018322	6.8134e-06
2.1	0.012155	0.012161	6.1637e-06
2.2	0.0079071	0.0079124	5.2895e-06
2.3	0.0050418	0.0050463	4.5608e-06
2.4	0.0031511	0.0031549	3.7396e-06
2.5	0.0019305	0.0019334	2.9738e-06
2.6	0.0011592	0.0011615	2.2955e-06
2.7	0.00068233	0.00068405	1.7214e-06
2.8	0.00039367	0.00039492	1.2548e-06
2.9	0.00022263	0.00022352	8.8973e-07
3	0.00012341	0.00012402	6.1398e-07

Donde ELT es el error local de truncamiento, RelTol es la tolerancia relativa y el AbsTol es la tolerancia absoluta lo que significa que el margen de error del método es variado según los datos, lo que corresponde a que ningún método numérico es exacto, estas tolerancias estan dadas de la siguiente forma:

$$\begin{aligned}\text{AbsTol} &= 10^{-6} \\ \text{RelTol} &= 10^{-6}\end{aligned}$$

esto implica que al tener tolerancias pequeñas vamos a obtener una aproximación a la solución de la ecuación diferencial mucho más precisa o exacta, concluyendo asi la validez de la gráfica 2a.

3. El modelo SEIR

3.1. Enfermedades y epidemiología

Los virus, bacterias y otros organismos han sido agentes omnipresentes a lo largo de la historia, dando lugar a diversas manifestaciones patológicas. El reciente caso del COVID-19, así como los avances significativos en la búsqueda de una vacuna para el VIH, ejemplifican los esfuerzos continuos de la humanidad para combatir estas amenazas biológicas. Según la Cámara Argentina de Especialidades Medicinales (CAEME), los virus se caracterizan como material genético empaquetado dentro de una cubierta proteica. Estos entes biológicos dependen de otras estructuras celulares para su reproducción, lo que implica que no pueden subsistir de manera independiente, a menos que residan dentro de organismos vivos como humanos, plantas o animales.

Algunos virus, conocidos como bacteriófagos o fagos, desempeñan un papel singular al infectar y destruir bacterias específicas. Estos organismos son

cruciales en la regulación de la microbiota, y su acción puede ser tanto perjudicial como beneficiosa. Por otro lado, las bacterias son organismos unicelulares que obtienen nutrientes del entorno en el que habitan. Aunque ciertas bacterias pueden causar enfermedades, como caries, infecciones del tracto urinario u otitis, también desempeñan funciones beneficiosas. Contribuyen al funcionamiento óptimo del sistema digestivo, participando en el procesamiento de alimentos y previniendo la entrada de bacterias nocivas. Además, algunas bacterias son esenciales para la producción de medicamentos y vacunas, destacando su papel en la preservación de la salud humana [3].

En el contexto de la epidemiología y las enfermedades infecciosas, la interacción dinámica entre organismos patógenos y huéspedes es esencial. La epidemiología estudia la distribución y determinantes de las enfermedades en las poblaciones humanas, analizando factores como la transmisión, prevención y control. Comprender la biología de los agentes infecciosos, ya sean virus o bacterias, es fundamental para abordar eficazmente la propagación de enfermedades. La investigación continua en epidemiología contribuye a desarrollar estrategias de prevención, manejo y tratamiento, siendo esencial para la salud pública y la mitigación de brotes infecciosos. [1, 10]

Las matemáticas han desempeñado un papel crucial en este esfuerzo, proporcionando herramientas y modelos para comprender la propagación de enfermedades, predecir su curso y diseñar estrategias efectivas de intervención, como por ejemplo

- Modelos Epidemiológicos

- Modelo SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado): Este es uno de los modelos epidemiológicos más conocidos. Divide la población en tres compartimentos: susceptibles, infectados y recuperados. Las ecuaciones diferenciales que rigen este modelo proporcionan una representación matemática de cómo las personas se mueven entre estos compartimentos a lo largo del tiempo.
- Modelo SEIR (Susceptible-Expuesto-Infectado-Recuperado): Una extensión del modelo SIR que incluye un compartimento adicional para individuos expuestos antes de volverse infecciosos. Este modelo refleja con mayor precisión el curso de enfermedades con períodos de incubación.
- Modelo SIS (Susceptible-Infectado-Recuperado): Este es uno de los primeros modelos epidemiológicos usado para predecir el comportamiento de la malaria y entre otras epidemias. Las ecuaciones diferenciales proporcionan una representación matemática de cómo los individuos se mueven a lo largo del tiempo

- Modelos Estocásticos: Toman en cuenta la variabilidad aleatoria en la transmisión de enfermedades y son útiles cuando el número de individuos es pequeño.

- **Análisis de Datos y Pronósticos:** El análisis matemático de datos epidemiológicos proporciona información sobre la evolución de una epidemia y permite la identificación de tendencias.

Ejemplos históricos de la aplicación de modelos matemáticos incluyen la predicción del curso del virus del Ébola, la planificación de estrategias de vacunación para la influenza y la modelización de la propagación del VIH. En el contexto del COVID-19, se han desarrollado numerosos modelos matemáticos para prever la propagación del virus y evaluar la efectividad de diferentes medidas de control.

Estos modelos ayudan a los epidemiólogos y responsables de salud pública a tomar decisiones informadas para gestionar epidemias y minimizar su impacto en la sociedad. La intersección entre matemáticas y salud pública sigue siendo esencial para abordar los desafíos de las enfermedades infecciosas emergentes y mejorar la preparación para futuras epidemias. [8, 7]

3.2. Descripción matemática del modelo

El modelo SEIR es un modelo epidemiológico principalmente estudiado para describir la dinámica de una enfermedad infecciosa. Por lo mismo, el modelo puede ser utilizado para predecir la propagación de la enfermedad, tomar medidas de control y planificar el uso de los recursos por parte del personal de salud.

El modelo se basa en cuatro compartimientos dados por: S (Susceptibles) individuos que tienen la misma probabilidad de contraer el virus, E (Expuestos) individuos que han tenido contacto con una persona infectada, pero aún no son infecciosos, I (Infectados) individuos que son infecciosos y pueden transmitir la enfermedad a otros y R (Recuperados) individuos que han superado la enfermedad y son inmunes a ella, esta dinámica es descrita por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales no lineales.

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -\beta S(t)I(t) \\ \dot{E} &= \beta S(t)I(t) - \alpha E(t) \\ \dot{I} &= \alpha E(t) - \gamma I(t) \\ \dot{R} &= \gamma I(t)\end{aligned}\tag{5}$$

Donde las constantes β , α y γ son respectivamente la tasa de transmisión de la enfermedad, que es la velocidad en la que los susceptibles se enferman, la tasa de infección, que representa la velocidad en la que los individuos desarrollan la infección, y la tasa de recuperación, la velocidad en la que los individuos se recuperan.

Como el modelo está homogenizando la población, se dice que $S + E + I + R = 1$, lo que representa el total de la población fija en cada una de sus etapas ya que en el mismo modelo no se tienen en cuenta los nacimientos y muertes.

Para una mejor comprensión del modelo epidemiológico SEIR es importante identificar cada una de las componentes del sistema, el cual cuenta con cuatro partes, las cuales son visualizadas en la Fig. 2.

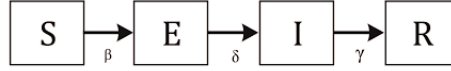


Figura 2: Compartimiento del modelo SEIR

La primera ecuación $\dot{S} = -\beta S(t)I(t)$ describe el cambio de individuos susceptibles con respecto al tiempo, este cambio se da forma negativa debido a que la población susceptible se encuentra disminuyéndose a medida que se infectan.

La segunda ecuación $\dot{E} = \beta S(t)I(t) - \alpha E(t)$, esta ecuación describe el cambio de individuos con respecto al tiempo, este cambio es positivo porque el número de individuos expuestos aumenta a medida que los individuos susceptibles se infectan. La cantidad de individuos expuestos que pasan a ser individuos infectados es proporcional al producto de números de individuos susceptibles e infectados, esta proporcionalidad es descrita por la constante de la tasa de infección.

La tercera ecuación $\dot{I} = \alpha E(t) - \gamma I(t)$ describe el cambio de individuos infectados con el tiempo. El cambio es negativo porque el número de individuos infectados disminuye a medida que la población se recupera, esta cantidad es proporcional a la cantidad de individuos expuestos y esta proporcionalidad es descrita por la tasa de recuperación.

La cuarta ecuación $\dot{R} = \gamma I(t)$ describe el cambio de individuos recuperados con el tiempo. El cambio es positivo porque el número de individuos recuperados aumenta a medida que los individuos infectados se recuperan esta disminución esta dada por la constante de proporcionalidad que es la tasa de recuperación.

3.3. Implementación del código

En este código, se ha definido un modelo SEIR y se han utilizado diferentes solucionadores ODE de MATLAB, como ode45, ode23, ode78 y ode89, para obtener soluciones numéricas. Cada solucionador proporciona resultados que se visualizan en gráficos separados para una mejor comparación (ver por ejemplo la Fig. 3).

```

1 function seir_simulation()
2
3     beta = 0.95;
4     alpha = 0.0137;
5     gamma = 0.003;
6     I0 = 0.5;
7     E0 = 0.03;
8     R0 = 0.01;
9     S0 = 1 - I0 - E0 - R0;
10    tspan = [0 60];
11

```

```

12     [t, y_23] = ode23(@(t, y) seir_equations(t, y,
13         beta, alpha, gamma), tspan, [S0; E0; I0; R0]);
14     figure;
15     plot(t, y_23);
16     legend('Susceptibles', 'Expuestos', 'Infectados',
17         'Recuperados');
18     xlabel('Tiempo');
19     ylabel('Número de individuos');
20     title('Modelo SEIR resuelto con ODE23 ');
21
22     [t, y_78] = ode78(@(t, y) seir_equations(t, y,
23         beta, alpha, gamma), tspan, [S0; E0; I0; R0]);
24     figure;
25     plot(t, y_78);
26     legend('Susceptibles', 'Expuestos', 'Infectados',
27         'Recuperados');
28     xlabel('Tiempo');
29     ylabel('Número de individuos');
30     title('Modelo SEIR resuelto con ODE78 ');
31
32     [t, y_89] = ode89(@(t, y) seir_equations(t, y,
33         beta, alpha, gamma), tspan, [S0; E0; I0; R0]);
34     figure;
35     plot(t, y_89);
36     legend('Susceptibles', 'Expuestos', 'Infectados',
37         'Recuperados');
38     xlabel('Tiempo');
39     ylabel('Número de individuos');
40     title('Modelo SEIR resuelto con ODE89 ');
41
42     [t, y_45] = ode45(@(t, y) seir_equations(t, y,
43         beta, alpha, gamma), tspan, [S0; E0; I0; R0]);
44     figure;
45     plot(t, y_45);
46     legend('Susceptibles', 'Expuestos', 'Infectados',
47         'Recuperados');
48     xlabel('Tiempo');
49     ylabel('Número de individuos');
50     title('Modelo SEIR resuelto con ODE45');
51
52 end
53 function dydt = seir_equations(t, y, beta, alpha,
54     gamma)
55     S = y(1);
56     E = y(2);
57     I = y(3);

```

```

49     R = y(4);
50
51     dSdt = (-beta * S * I);
52     dEdt = (beta * S * I) - alpha * E;
53     dIdt = alpha * E - gamma * I;
54     dRdt = gamma * I;
55
56     dydt = [dSdt; dEdt; dIdt; dRdt];
57 end

```

En el siguiente código, se comparan los distintos solucionadores ODE de matlab. Cada solucionador proporciona resultados diferentes, pero con diferencias pequeñas. Estas diferencias son visualizadas en gráficos por separado para una mejor comprensión (ver Fig. 7).

```

1  function comparar_solucionadores()
2      beta = 0.095;
3      alpha = 0.137;
4      gamma = 0.5;
5      IO = 0.3;
6      EO = 0;
7      RO = 0;
8      SO = 1 - IO - EO - RO;
9      tspan = [0 60];
10     [t_45, y_45] = ode45(@(t, y) seir_equations(t, y,
11         beta, alpha, gamma), tspan, [SO; EO; IO; RO]);
12     [t_23, y_23] = ode23(@(t, y) seir_equations(t, y,
13         beta, alpha, gamma), tspan, [SO; EO; IO; RO]);
14     [t_78, y_78] = ode78(@(t, y) seir_equations(t, y,
15         beta, alpha, gamma), tspan, [SO; EO; IO; RO]);
16     [t_89, y_89] = ode89(@(t, y) seir_equations(t, y,
17         beta, alpha, gamma), tspan, [SO; EO; IO; RO]);
18     figure;
19     subplot(3, 1, 1);
20     plot(t_45, y_45 - interp1(t_23, y_23, t_45));
21     title('Diferencia entre ode45 y ode23');
22     legend('S', 'E', 'I', 'R');
23     subplot(3, 1, 2);
24     plot(t_23, y_23 - interp1(t_78, y_78, t_23));
25     title('Diferencia entre ode23 y ode78');
26     legend('S', 'E', 'I', 'R');
27     subplot(3, 1, 3);
28     plot(t_78, y_78 - interp1(t_89, y_89, t_78));
29     title('Diferencia entre ode78 y ode89');
30     legend('S', 'E', 'I', 'R');
31     xlabel('Tiempo');

```

```

28     ylabel('Diferencia');
29 end
30
31 function dydt = seir_equations(t, y, beta, alpha,
    gamma)
32     S = y(1);
33     E = y(2);
34     I = y(3);
35     R = y(4);
36
37     dSdt = -beta * S * I;
38     dEdt = beta * S * I - alpha * E;
39     dIdt = alpha * E - gamma * I;
40     dRdt = gamma * I;
41
42     dydt = [dSdt; dEdt; dIdt; dRdt];
43 end

```

4. Análisis de resultados

En esta sección explicaremos brevemente las diferencias entre algunos paquetes que ofrece el programa de MATLAB para resolver sistemas de ecuaciones diferenciales usando el modelo SEIR como ejemplo, teniendo en cuenta que es un modelo epidemiológico no ahondaremos en una explicación biológica ya que se busca es comparar las tolerancias de los paquetes.

4.1. Diferencias entre los paquetes de MATLAB

Dentro de la diversidad de paquetes en MATLAB destacamos principalmente los ODE que son paquetes que nos ayudan a resolver Ecuaciones Diferenciales Ordinarias. Entre ellos están *ODE45*, *ODE23*, *ODE78*, *ODE89* que son métodos numéricos dentro de la familia de ecuaciones de Runge-Kutta. [9]

ODE45	Es el método de Runge-Kutta de 4 y 5 orden
ODE23	Es el método de Runge-Kutta de 2 y 3 orden
ODE78	Es el método de Runge-Kutta de 7 y 8 orden
ODE89	Es el método de Runge-Kutta de 8 y 9 orden

Cuadro 1: Solvers de MATLAB para problemas no rígidos [4]

Estas diferencias de paquetes están dadas debido a las diferentes exactitudes que tiene los diferentes órdenes del método de Runge-Kutta, y a las tolerancias de errores que maneja cada orden.

4.2. Resultados

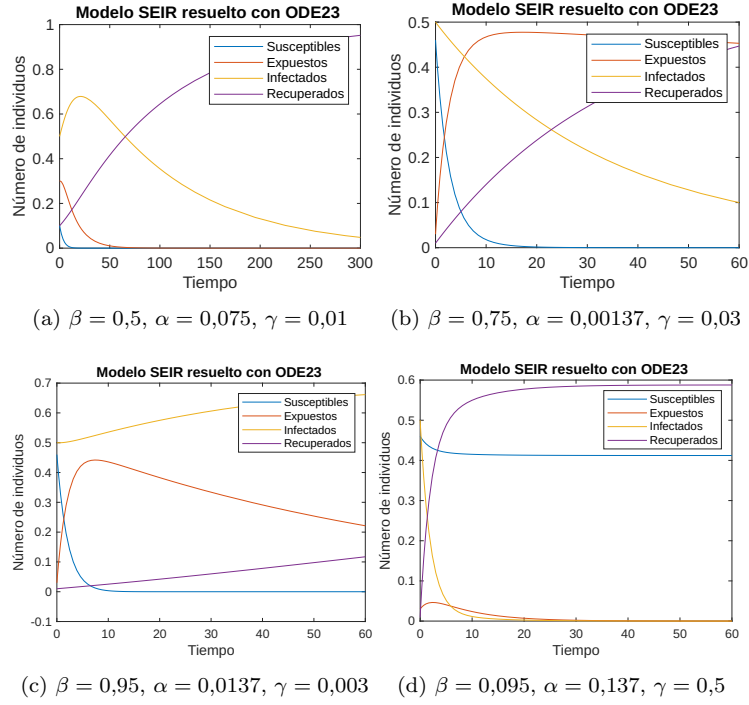


Figura 3: Modelo SEIR Resuelto ODE23 y con variaciones en los parametros, la población inicial esta descrita como $S = 1 - R - E - I$, $E = 0,3$, $I = 0,5$, $0,1$

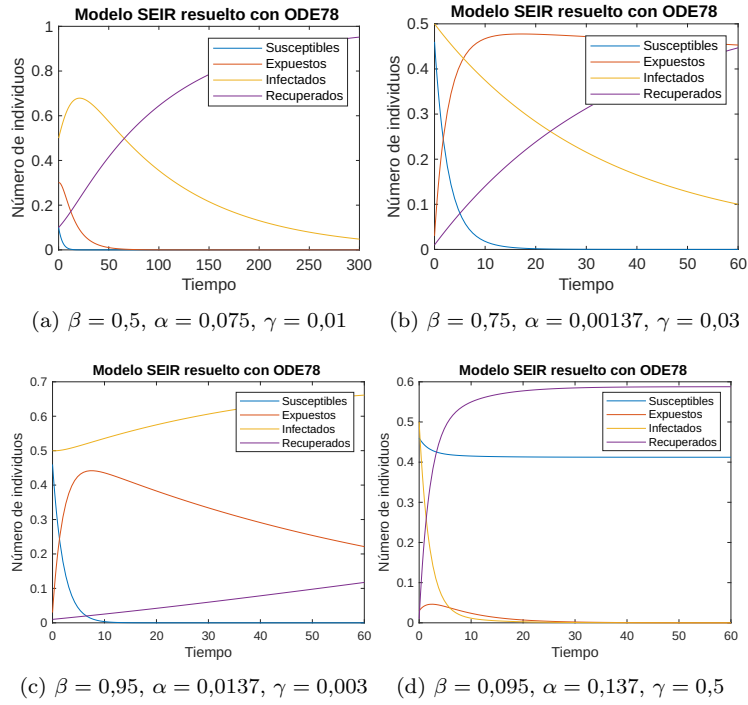


Figura 4: Modelo SEIR Resuelto con ODE78 y con variaciones en los parametros, la poblaci3n inicial esta descrita como $S = 1 - R - E - I$, $E = 0.3$, $I = 0.5$, 0.1

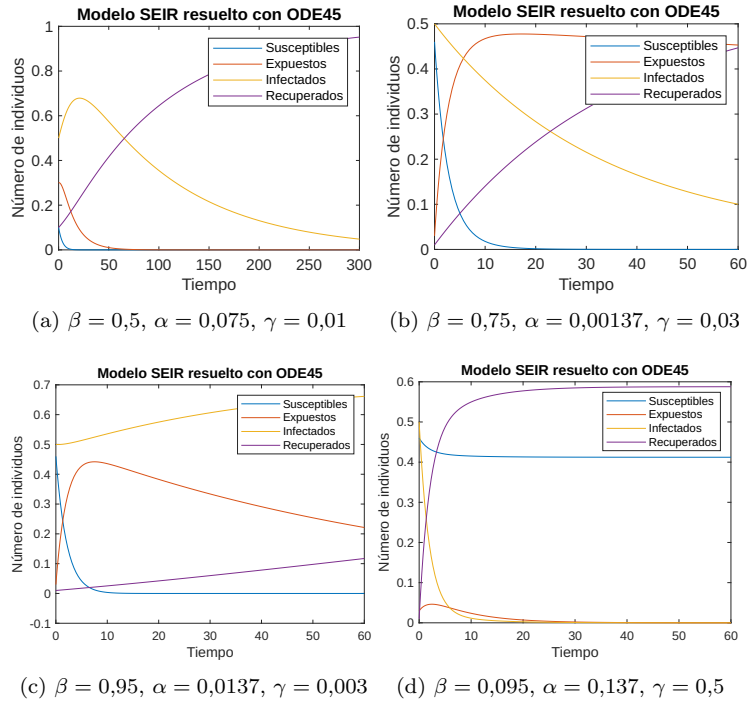


Figura 5: Modelo SEIR Resuelto ODE45 donde la población inicial esta descrita como $S = 1 - R - E - I$, $E = 0,3$, $I = 0,5$, $R = 0,1$

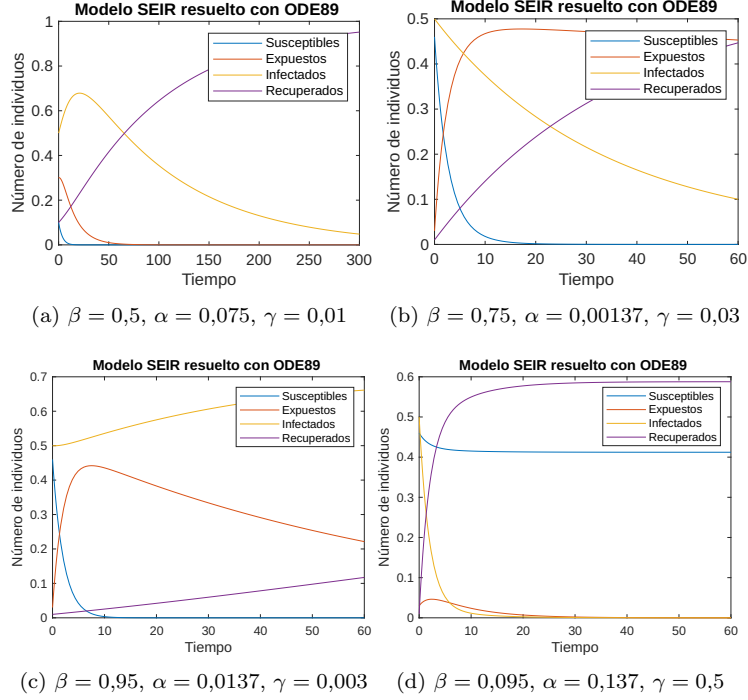


Figura 6: Modelo SEIR Resuelto ODE89 y con variaciones en los parametros, la poblaci3n inicial esta descrita como $S = 1 - R - E - I$, $E = 0,3$, $I = 0,5$, $0,1$

Los cambios en los parámetros del modelo SEIR tuvieron un impacto significativo en la evolución de la simulación. Un valor mayor de β indica una mayor probabilidad de transmisión de la enfermedad por contacto, lo que puede acelerar la propagación, ya que los individuos susceptibles tenían más probabilidades de infectarse al entrar en contacto con un individuo infectado. Un valor mayor de α sugiere que los individuos expuestos se vuelven infectados más rápidamente, lo que puede afectar la velocidad de la epidemia. Un valor mayor de γ indica una recuperación más rápida, lo que puede disminuir la duración de la infección. Con $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$, se puede interpretar que, en promedio, un individuo infectado puede transmitir la enfermedad a R_0 individuos susceptibles durante su período infeccioso, esta condición se debe considerar que R_0 superior a 1 indica la posibilidad de una propagación sostenida de la enfermedad en la población. Estos cambios dieron lugar a alteraciones notables en la dinámica temporal de las cuatro poblaciones del modelo. Estos cambios son visualizados en las Fig. 3, 4, 5 y 6.

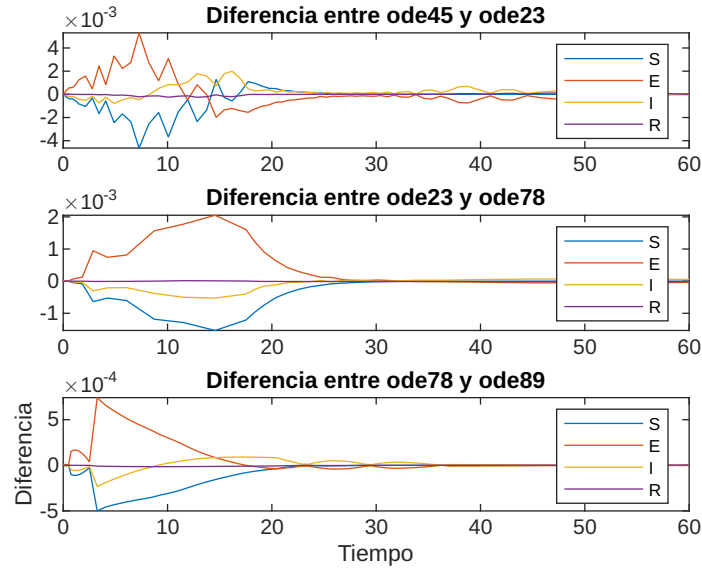


Figura 7: Errores entre los solucionadores ode23, ode45, ode78 y ode89 en matlab. Note cómo los errores son del orden de 10^{-3} y 10^{-4} , indicando que los solucionadores llegan a resultados similares.

En cuanto a las diferencias numéricas entre las soluciones obtenidas con ODE45, ODE23, ODE78 y ODE89 es coherente observar pequeñas oscilaciones y errores de truncamiento. Éstas discrepancias son comunes entre solucionadores de diferentes órdenes y métodos numéricos. ODE89, al ser de noveno orden, tiende a ser más preciso los otros solucionadores ODE23, ODE45 y ODE78 que son de tercer de cuarto y de octavo orden. [5]

La explicación de que ODE45 es un método numérico de la familia Runge-Kutta (RK) de cuarto y quinto orden mientras que ODE23 es un RK de segundo y tercer orden es precisa. Esto significa que ODE45 utiliza más términos de la serie de Taylor y, por lo tanto, es más preciso pero puede ser computacionalmente más costoso. ODE23, por otro lado, es más eficiente pero puede introducir errores ligeramente mayores.

5. Conclusiones

- En este artículo se lo logró combinar métodos numéricos y modelos epidemiológicos, los cuales permitieron una exploración de complejas dinámicas de la población una vez afectada por algún virus, a través de enfoques matemáticos y computacionales. La implementación de métodos numéricos, como los diferentes paquetes de solucionadores de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias que el programa MATLAB ofrece, destacando las variaciones en la precisión y eficiencia computacional entre solucionadores de distintos órdenes.
- Los modelos epidemiológicos desempeñan un papel en la comprensión y predicción de la propagación de enfermedades infecciosas en poblaciones, en particular el modelo SEIR nos permite capturar las diferentes etapas de una epidemia proporcionando así matemáticamente la dinámica poblacional de cada uno de los compartimientos, éste es de gran utilidad ya que permite evidenciar la evolución de una enfermedad y evaluar la efectividad de diversas estrategias de intervención para diseñar medidas de control adaptadas a las características específicas de cada brote.
- Dentro del análisis de los solucionadores numéricos se evidenció la precisión computacional que tiene cada paquete y su eficacia numérica, donde cada solucionador utiliza órdenes diferentes del método de Runge-Kutta, lo que demuestra la exactitud que tiene cada uno de estos paquetes y sus diferentes tolerancias.
- Se sugiere para trabajo futuro una exploración más detallada del modelo, considerando la aplicación práctica en epidemias reales, como el COVID-19 o virus como el VIH. La integración de bases de datos reales permitiría una comparación más exhaustiva entre diferentes enfermedades, utilizando los solucionadores numéricos para analizar su precisión y tolerancias en contextos específicos. La inclusión de modelos que incorporen la variable de vacunación es esencial para comprender su impacto en la dinámica de la enfermedad y proporcionar una evaluación más completa. Este enfoque no solo contribuirá a la validación del modelo en escenarios del mundo real, sino que también facilitará la toma de decisiones informadas, especialmente en relación con medidas como la cuarentena y estrategias de control epidemiológico. La consideración de datos reales y modelos más complejos mejorará la capacidad de estos enfoques para abordar desafíos significativos en la salud pública.

Referencias

- [1] Robert Beaglehole, Ruth Bonita, Tord Kjellström et al. *Epidemiología básica*. OPS, 1994.
- [2] Richard L Burden et al. “Análisis numérico”. En: (2017).

- [3] Caeme. *Virus y bacterias: qué son y en qué se diferencian*; CAEME. Oct. de 2023. URL: <https://www.caeme.org.ar/virus-y-bacterias-que-son-y-en-que-se-diferencian/#:~:text=Las%20bacterias%20tienen%20la%20capacidad,para%20transmitir%20su%20informaci%C3%B3n%20gen%C3%A9tica..>
- [4] *Elegir un solver de ODE - MATLAB y Simulink - MathWorks España*. URL: https://es.mathworks.com/help/matlab/math/choose-an-ode-solver.html?s_tid=srchtitle_site_search_8_ODE%2527s.
- [5] Guillermo Fernández Ordóñez et al. “Técnicas y estrategias de interpolación para la resolución de problemas formulados en términos de EDOs de 2º orden en el ámbito de la Ingeniería Industrial”. En: (2022). URL: <https://uvadoc.uva.es/bitstream/handle/10324/55857/TFG-I-2394.pdf?sequence=1>.
- [6] David Kincaid y Ward Cheney. *Análisis numérico las matemáticas del cálculo científico*. Inf. téc. 1994.
- [7] Maia Martcheva. *An introduction to Mathematical Epidemiology*. Ene. de 2015. DOI: 10.1007/978-1-4899-7612-3. URL: <https://doi.org/10.1007/978-1-4899-7612-3>.
- [8] Marcela Alejandra Cid Martínez. “Bacterias versus virus”. En: *Kuxulkab'* 26.56 (2020), págs. 41-50.
- [9] *MATLAB - el lenguaje del cálculo técnico*. URL: <https://la.mathworks.com/products/matlab.html>.
- [10] Alejandra Moreno-Altamirano, Sergio López-Moreno y Alexánder Corcho-Berdugo. “Principales medidas en epidemiología”. En: *Salud pública de México* 42.4 (2000), págs. 337-348.
- [11] Luis Ojeda y Contenido. *ANÁLISIS NUMÉRICO BÁSICO Un enfoque algorítmico con el soporte de MATLAB*. 2011. URL: <https://www.dspace.espol.edu.ec/xmlui/bitstream/handle/123456789/20886/ANALISIS%20NUMERICO%20BASICO.pdf?sequence=1&isAllowed=y>.
- [12] Luis Rodriguez. *ANALISIS NUMERICO BASICO*. 2016. URL: https://www.fcnm.espol.edu.ec/sites/fcnm.espol.edu.ec/files/ANALISIS_NUMERICO_BASICO_V4P4.pdf.
- [13] Murray R Spiegel y Henry Rivera Garcia. *Ecuaciones diferenciales aplicadas*. Inf. téc. Prentice Hall, 1983.
- [14] Yu Takeuchi, Arturo Ramírez Montufar y Carlos J. Ruiz Salguero. *Ecuaciones diferenciales*. Ene. de 1994.