

*Asignatura: Ecuaciones Diferenciales Ordinarias.*  
*Plantilla para el informe final. Curso 2023, eds.*

## **ANÁLISIS DEL MODELO PARA LA EVALUACIÓN ECONÓMICA**

Rafael Acosta Márquez

Grupo C211  
Ciencia de la Computación  
Facultad de Matemática y Computación  
Universidad de La Habana. Cuba

Eisler F. Valles Rodríguez

Grupo C211  
Ciencia de la Computación  
Facultad de Matemática y Computación  
Universidad de La Habana. Cuba

Jorge Pichardo Cabrera

Grupo C212  
Ciencia de la Computación  
Facultad de Matemática y Computación  
Universidad de La Habana. Cuba

Orlando Rafael de la Torre Leal

Grupo C211  
Ciencia de la Computación  
Facultad de Matemática y Computación  
Universidad de La Habana. Cuba

Ernesto Alejandro Bárcenas Trujillo

Grupo C211  
Ciencia de la Computación  
Facultad de Matemática y Computación  
Universidad de La Habana. Cuba

## RESUMEN

En este trabajo se realizó un análisis experimental de los resultados fundamentales del artículo Modelo para la evaluación Económica, se llevaron a cabo comprobaciones de los cálculos mediante la programación de un RK4, se demostró la estabilidad del sistema, se realizaron y mostró el diagrama de fase lo cual corroboró los resultados acerca de la estabilidad.

## 1. INTRODUCCIÓN

El presente artículo, escrito por Roberto Pradas Velasco, Fernando Antoñanzas Villar, Javier Mar, fue publicado en la revista Gaceta Sanitaria en el año 2009. Dicha revista contaba con un factor de impacto de 1.172 en el año 2009 y tuvo un factor de impacto de 2.479 en el año 2022, lo que indica su relevancia en el ámbito académico. El artículo trata sobre la utilización conjunta de árboles de decisión y modelos epidemiológicos basados en ecuaciones diferenciales como un método apropiado para la evaluación económica de medidas profilácticas ante enfermedades infecciosas. Estos modelos permiten combinar el comportamiento dinámico de la enfermedad con el consumo de recursos sanitarios. Para ilustrar este tipo de modelos se ajusta un sistema dinámico de ecuaciones diferenciales al comportamiento epidémico de la gripe en España, con el fin de proyectar el impacto epidemiológico de la vacunación antigripal. Nosotros recreamos los experimentos realizados para hallar las soluciones al sistema en los distintos instantes de tiempo  $t \in [1, 52]$

### 1.1. Estructura del trabajo

El artículo está estructurado de la siguiente manera: en primer lugar se tiene un resumen de dicho artículo, procede una introducción donde se expone la problemática a analizar. Luego viene la sección Material y Métodos en la cual se muestran los datos que se tienen sobre el problema y los métodos que se utilizaron en la resolución del mismo. Vendría después la sección de los Resultados donde, valga la redundancia, se exponen los resultados de utilizar los métodos para resolver el problema, esto es relevado por la sección de la Discusión, donde se analizan dichos resultados y se sacan conclusiones. Por último está la bibliografía.

## 2. RESULTADOS FUNDAMENTALES

Dado que el objetivo de el paper analizado es presentar de forma guiada la construcción de un modelo dinámico, cuyo funcionamiento y resultados se ilustrarán mediante una aplicación a la evaluación económica de la vacunación antigripal en España, en este artículo simularemos los pasos mostrados para analizar el comportamiento de una hipotética epidemia gripal, para ello dividiremos la población en las siguientes categorías: susceptibles (Aquellos individuos que están en condiciones de ser contagiados), infectivos (aquellos que infectan o pueden infectar a los susceptibles) y por último los resistentes (los que presentan resistencia al agente infeccioso al recuperarse de la enfermedad ya sea por inmunización natural o al quedar inmunizados por la vacuna).

Basados en esto se plantea el siguiente sistema no lineal de ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta * I(t) * S(t) - V(t) \\ I'(t) = -\beta * I(t) * S(t) - \gamma * I(t); \text{ siendo } N = S(t) + I(t) + R(t) \\ R'(t) = \gamma * I(t) + V(t) \end{cases} \quad (1)$$

Donde  $N$  es el tamaño de la población considerada, en este caso  $N = 100'000$ ,  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  representan el número de susceptibles, infectivos y resistentes en cada instante de tiempo  $t$ .  $\beta$  es el coeficiente de transmisión y  $\gamma$  el coeficiente de retiro natural el cual es un indicador del ritmo con el cual los contagiados dejan de ser infectivos, además de esto se tienen las derivadas de primer orden respecto a  $t$   $S'(t)$ ,  $R'(t)$  e  $I'(t)$  Para resolver este sistema es necesario los valores iniciales de cada una de las categorías en las cuales

se dividió la población inicialmente además de los valores de los coeficientes de retiro y de transmisión, en este caso se toman valores que concuerden con datos ya observados como lo son el coeficiente de retiro natural  $\gamma = 3,47$  y el coeficiente de transmisión  $\beta = \frac{\gamma}{96'015} = \frac{3,47}{96'015}$  donde 96'015 es el número de susceptibles en el auge de la onda epidémica, que se ha obtenido reduciendo proporcionalmente la cifra en la población española para ajustar el comportamiento del modelo a un colectivo de 100'000 individuos. Se ha escogido este tamaño poblacional (N) por ser un valor empleado con frecuencia en las fuentes de información epidemiológica, y además porque facilita la interpretación y el cálculo de los indicadores económicos del estudio.

Según la distribución por clases de la población en la primera semana del período epidemiológico estudiado (semana 0), los valores iniciales para la resolución del sistema de ecuaciones diferenciales son los siguientes:

$$\begin{cases} S(0) = 99986 \\ I(0) = 14 \\ R(0) = 0 \end{cases} \quad (2)$$

El número de infectivos en la primera semana,  $I(0) = 14$ , es un valor promedio basado en series históricas de la enfermedad, cedidas por el Centro Nacional de Epidemiología.

La forma de la función de vacunación  $V(t)$  se ha definido considerando el impacto de la vacunación en la reducción del número de susceptibles. Se ha tenido en cuenta el número de individuos que han sido vacunados de manera efectiva, es decir, aquellos que han experimentado los efectos positivos de la vacuna según su eficacia. La vacunación se ha incorporado gradualmente utilizando una función definida por intervalos con el siguiente formato:

$$V(t) = \begin{cases} 0 & \text{si } 0 \leq t \leq 9 \\ V & \text{si } 9 < t \leq 18 \\ 0 & \text{si } 18 < t \leq 51 \end{cases} \quad (3)$$

Donde  $V$  representa el número de vacunados semanalmente, aquí tomamos el tiempo medido en semanas y el período epidemiológico de estudio es el año epidemiológico de la gripe (52 semanas). Recaltar aquí que en el intervalo donde  $V(t)$  no es nula no coincide con el asociado a la campaña de vacunación (octubre y noviembre), sino que está diferido 2 semanas, que es el tiempo medio que tarda la vacuna en producir la inmunidad del individuo vacunado. La cantidad de individuos vacunados cada semana se calcula como:

$$V = \frac{Nv\varepsilon}{9}$$

donde  $v$  y  $\varepsilon$  son el índice per cápita de vacunación (cobertura vacunal) e índice per cápita de la eficacia de la vacuna respectivamente. Realmente la vacunación actúa haciendo que parte de los individuos que eran susceptibles pasen a ser resistentes, y con ello se reduce la posibilidad de contagio al decaer el número de contactos entre susceptibles e infectivos, esto se refleja en la figura 4

## 2.1. Métodos y algoritmos utilizados

Para corroborar los resultados mostrados en este paper, se usó el método de Runge-Kutta de 4to orden (RK4) teniendo en cuenta la siguiente tabla de parámetros iniciales:

Estos resultados se muestran en la figura 1 y figura 2 donde se simula el comportamiento tanto si se realiza la vacunación como si no, llegando a los mismos resultados vistos en el paper analizado

Cuadro 1: Valores iniciales usados en la simulación

Párametro	Valor
Índice per cápita de cobertura vacunal, $v$	0,20
Número total de individuos, $N$	100'000
Coefficiente de transmisión, $\beta$	$3,614 \times 10^{-5}$
Coefficiente de retiro natural, $\gamma$	3.47
Índice per capita de eficacia de la vacuna, $\varepsilon$	0.67
Susceptibles iniciales	99'986
Infectivos iniciales	14
Resistentes iniciales	0

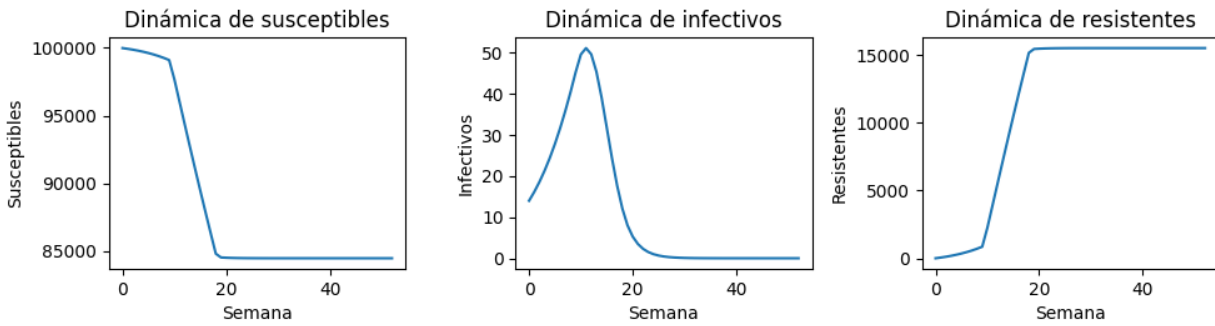


Figura 1: Gráficas en función del tiempo si se realiza la vacunación

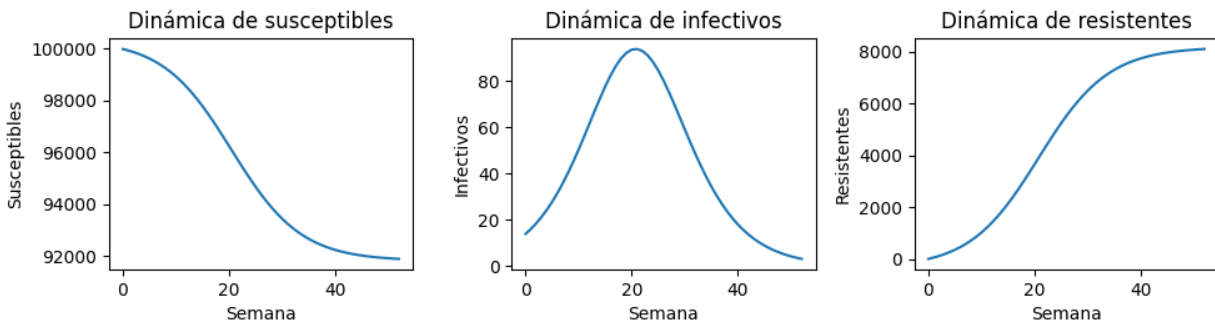


Figura 2: Gráficas en función del tiempo si no se realiza la vacunación

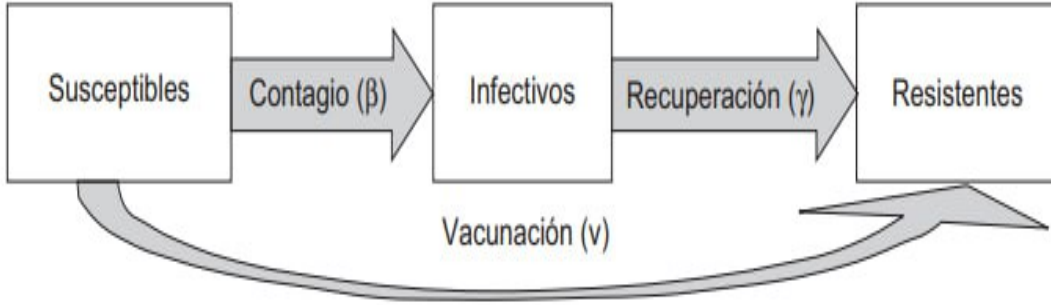


Figura 3: Dinámica epidémica de la enfermedad.

## 2.2. Linealización y Estabilidad

El sistema (1) al tratar de ser resuelto para el vector solución nulo arroja como condición necesaria y suficiente que la función  $I(t)$  sea nula y que  $t > 19$ .

Por otra parte la matriz jacobiana del sistema viene dada por la expresión:

$$\begin{pmatrix} f_S(S_0, I_0, R_0) & f_I(S_0, I_0, R_0) & f_R(S_0, I_0, R_0) \\ g_S(S_0, I_0, R_0) & g_I(S_0, I_0, R_0) & g_R(S_0, I_0, R_0) \\ h_S(S_0, I_0, R_0) & h_I(S_0, I_0, R_0) & h_R(S_0, I_0, R_0) \end{pmatrix} \quad (4)$$

Y sus valores son:

$$\begin{pmatrix} 0 & 3.05 & 0 \\ 0 & -0.41 & 0 \\ 0 & 3.47 & 0 \end{pmatrix} \quad (5)$$

Esta matriz se convierte en una matriz de coeficientes para el sistema linealizado  $X' = J * x$  donde  $X'$  es el vector compuesto por las funciones  $u'_1, u'_2, u'_3$  tal que  $u_1 = S(t) - S_0$ ,  $u_2 = I(t) - I_0$  y  $u_3 = R(t) - R_0$ ,  $X$  es la transpuesta del vector compuesto por las funciones  $u_1, u_2, u_3$  y el punto  $(S_0, I_0, R_0)$  es el punto de equilibrio analizado.

Los valores propios del Jacobiano evaluados en el punto de equilibrio son: 0, 0 y -0.4171 por lo cual podemos concluir que el punto de equilibrio en cuestión es un nodo estable ya que los ceros no aportan información y al ser el resto de los valores, en este caso uno, negativos se confirma la estabilidad de dicho nodo.

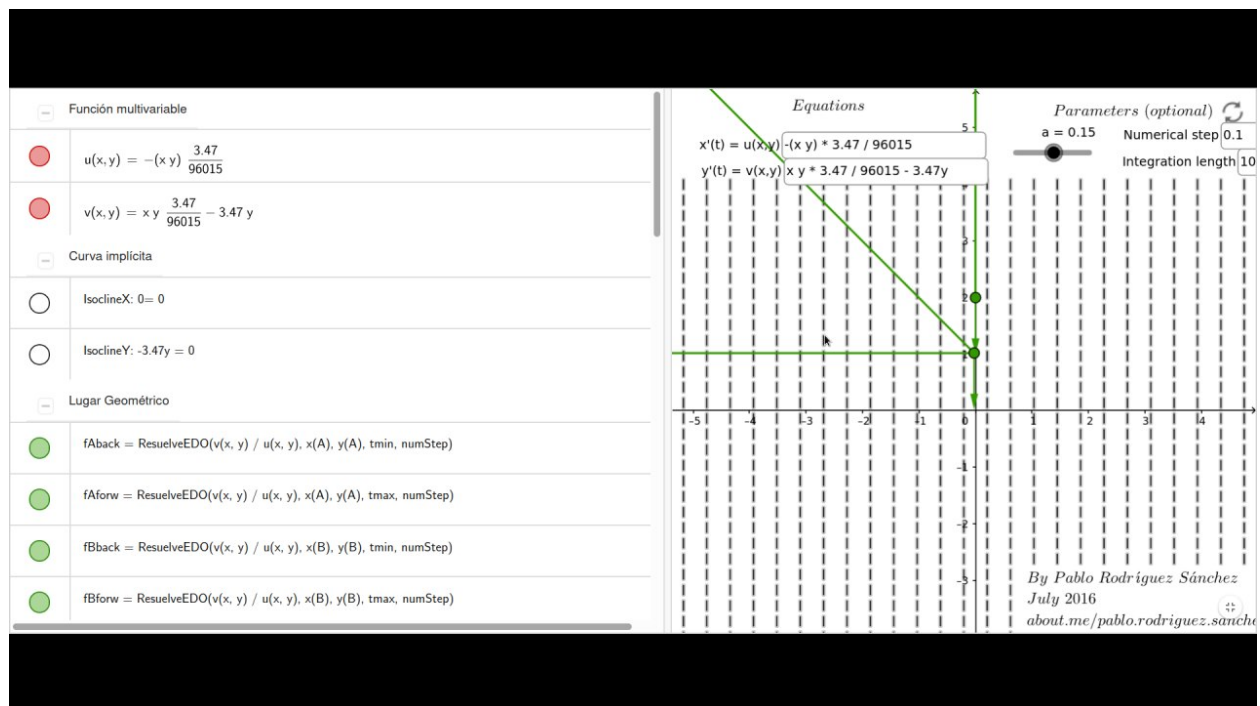


Figura 4: Diagrama de Fases

## **CONCLUSIONES**

El análisis del artículo nos permitió conocer formas de aplicación de modelos SIR para la resolución de problemas de la vida real como pueden ser las epidemias, y como a través de dichos modelos se puede hacer un esbozo a futuro del comportamiento de una epidemia teniendo en cuenta a través de árboles de decisión las distintas maneras en que se puede ver afectada una población por medidas como la vacunación. Además resulta interesante poder apreciar el impacto económico en el sistema sanitario debido a los gastos que producen el enfrentamiento de una epidemia y el proceso de vacunación. Se considera que como una forma de avance en esta línea de investigación se tendría que modificar el modelo de forma que se tenga en cuenta que los resistentes pueden volver a ser susceptibles y considerar que la vacunación tiene distintas etapas.

## **REFERENCIAS**

<https://www.gacetasanitaria.org/es-uno-coma-uno-siete-dos-tenemos-factor-articulo-S0213911110001743>  
<https://www.gacetasanitaria.org/es-gaceta-sanitaria-2022-maximo-factor-articulo-S0213911123000092> Ecuaciones Diferenciales y problemas con valores en la Frontera. *Cálculo y Modelado*. Cuarta Edición. Aut: C. Henry Edwards, David E. Penney

## A. ANEXOS

```
def tamanno_poblacion <- 100000;
def susceptibles <- 99986;
def infectivos <- 14;
def resistentes <- 0;
def susceptibles_auge_onda_epidemica <- 96015;
def coeficiente_retiro_natural <- 3.47;
def eficacia_vacuna: float <- 0.67;
def cobertura_vacunal: float <- 0.20;
def coeficiente_transmision <- coeficiente_retiro_natural
                               / susceptibles_auge_onda_epidemica;

funcion edo(t, valores):
  (dx, dy, dz) <- valores;
  dxdt <- -coeficiente_transmision*dy*dx-Vacunados(t);
  dydt <- coeficiente_transmision*dy*dx
          -coeficiente_retiro_natural*dy;
  dzdt <- coeficiente_retiro_natural*dy+Vacunados(t);
  retorna Arreglo(dxdt, dydt, dzdt);

funcion Vacunados(tiempo):
  Si tiempo >= 0 y tiempo <= 9 Entonces
    retorna 0
  Si tiempo > 9 y tiempo <= 18 Entonces
    retorna tamanno_poblacion*eficacia_vacuna*
            cobertura_vacunal/9.0
  Si tiempo>18 Entonces
    retorna 0

funcion runge_kutta4(f, x0, y0, h, n):
  ArregloSoluciones <- [(x0, y0)]
  Desde i=1 hasta n Hacer
    (xi, yi) <- ArregloSoluciones.UltimoElemento
    k1 <- h * f(xi, yi)
    k2 <- h * f(xi + h/2, yi + k1/2)
    k3 <- h * f(xi + h/2, yi + k2/2)
    k4 <- h * f(xi + h, yi + k3)
    y_next <- yi + (k1 + 2*k2 + 2*k3 + k4)/6
    x_next <- xi + h
    ArregloSoluciones.Annadir((x_next, y_next))
  Siguiente

  retorna ArregloSoluciones

Resultados = runge_kutta4(edo, 0, [99986, 14, 0], 1, 52)
```