

Modelización de epidemias

Luis Ferragut Canals
Grupo SINUMC²

<http://hdl.handle.net/10366/166876>

Enero-Junio, 2020

Índice

1. Introducción	4
2. El modelo <i>SIR</i>	4
2.1. Descripción del modelo <i>SIR</i>	4
2.2. Escalamiento y adimensionalización:	6
2.3. Trayectorias en el plano I-S	7
2.4. Ejemplo real	8
2.5. Asimilación de datos	12
3. Modelos de epidemia con distribución espacial	17
3.1. Soluciones del tipo frente de onda	19
3.2. Un Método de Diferencias Finitas	23

3.3. Un Método de Elementos Finitos	30
---	----

Índice de figuras

1. Evolución de Susceptibles, Infectados y Recuperados	7
2. Trayectorias en el plano $I - S$	8
3. Modelo Covid19 en España	10
4. Resultados del ajuste en las Islas Baleares hasta el día 15-04-2020	11
5. Detalle de los resultados del ajuste en las Islas Baleares hasta el día 15-04-2020	12
6. Resultados en las Islas Baleares con asimilación de datos . . .	16
7. Detalle de los Resultados en las Islas Baleares con asimilación de datos	17
8. $\sigma(\lambda)$	22
9. Solución despues de 40 dias	26
10. Onda Infectados	27
11. Onda Susceptibles	27
12. Onda Recuperados	28
13. Evolución de la onda de Infectados en espacio y tiempo . . .	28
14. Densidad de población inicial	29
15. Evolución de la onda de Infectados con densidad variable . .	29
16. Mallado de la Isla de Mallorca	31
17. Densidad de población en la Isla de Mallorca	32
18. Población de Infectados al cabo de 1 día en la Isla de Mallorca	33

19.	Población de Infectados a los 10 días en la Isla de Mallorca . .	33
20.	Población de Infectados a los 60 días en la Isla de Mallorca . .	34
21.	Población de Infectados a los 120 días en la Isla de Mallorca . .	34
22.	Densidad de población en la Isla de Gran Canaria	35
23.	Población de Infectados al cabo de 1 día en la Isla de Gran Canaria	36
24.	Población de Infectados a los 10 días en la Isla de Gran Canaria	36
25.	Población de Infectados a los 30 días en la Isla de Gran Canaria	37

1. Introducción

En estas notas se describirán algunos modelos matemáticos de epidemias. Se describirá primero el modelo básico conocido como *SIR* en el que se considera la población dividida en tres grupos, a saber, el grupo *S*, de población susceptible de ser infectada, el grupo *I* de población infectada y el grupo *R* de población recuperada o que no son ya susceptibles de ser infectados. Este modelo no tiene en cuenta la distribución espacial de la población y en él se considera los tres grupos de población mezclados de manera homogénea. A continuación se extenderá este modelo a un modelo distribuido que tiene en cuenta la distribución espacial de la población.

Para una bibliografía básica se puede consultar ([1]), ([2]) y ([3]).

2. El modelo *SIR*

Uno de los modelos básicos de transmisión de una epidemia es el llamado *SIR* a partir del cual se han derivado otros muchos (ver [1] sección 10.2). En este modelo se considera la población dividida en tres grupos, a saber, el grupo *S*, de población susceptible de ser infectada, el grupo *I* de población infectada y el grupo *R* de población que no es ya susceptibles de ser infectada, bien porque se ha recuperado y quedado inmunizada bien porque se ha muerto. La población total $N = S + I + R$ se considera constante por lo que no se tienen en cuenta los nacimientos.

2.1. Descripción del modelo *SIR*

En el modelo *SIR* la variación de cada una de las poblaciones *S*, *I* y *R* responde a una dinámica del tipo

$$S \rightarrow I \rightarrow R$$

donde

- *S*: Población susceptible de infectarse.

- I : Población infectada.
- R : Población recuperada inmunizada o muerta.
- $N = S + I + R$ es constante, población total constante.

y se rige por las ecuaciones siguientes

$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS \quad (2.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta IS - \gamma I \quad (2.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (2.3)$$

donde t representa el tiempo y, β y γ son dos parámetros del modelo. β es la tasa de contactos entre población sana e infectada y γ es la tasa de recuperaciones o muertes entre la población infectada o de otra manera $\frac{\log(2)}{\gamma}$ es el tiempo de vida media como infectado, entendiendo que un individuo deja de ser infectado cuando se cura y queda inmunizado o bien porque lamentablemente fallece. Observese que la ecuación (2.3) está desacoplada de las anteriores por lo que se puede resolver el sistema formado por las ecuaciones (2.1), (2.2) y luego resolver (2.3) independientemente. El modelo matemático anterior se completa con las condiciones iniciales tales como

$$S(0) = S_0 > 0 \quad I(0) = I_0 > 0 \quad R(0) = 0$$

Veamos qué condiciones dan lugar a una epidemia. De la ecuación (2.2) se deduce para el instante inicial

$$\frac{dI}{dt}|_{t=0} = I_0(\beta S_0 - \gamma) \begin{cases} > 0 \text{ si } S_0 > \frac{\gamma}{\beta} \\ < 0 \text{ si } S_0 < \frac{\gamma}{\beta} \end{cases}$$

como para todo valor del tiempo $t \geq 0$, según (2.1), tenemos $\frac{dS}{dt} < 0$ resulta $S \leq S_0$, si $S_0 < \frac{\gamma}{\beta}$,

$$\frac{dI}{dt} = I(\beta S - \gamma) \leq 0 \quad \forall t \geq 0$$

y por lo tanto $I_0 \geq I(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ y la infección se extingue. En caso contrario si $S_0 > \frac{\gamma}{\beta}$, inicialmente I crece y la infección se propaga.

El valor

$$R_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma}$$

es conocido como la tasa básica reproductiva de la infección, es decir, el número de infecciones producidas por una persona infectada. Claramente si $R_0 > 1$, tenemos propagación de la infección y tenemos epidemia.

2.2. Escalamiento y adimensionalización:

Introduciendo la escala de tiempo T y las nuevas variables

- $t^* = t/T$
- $S^* = S/S_0$
- $I^* = I/S_0$
- $R^* = R/S_0$

sustituyendo en (2.1), (2.2) y (2.3), eligiendo la escala de tiempo $T = \frac{1}{\beta S_0}$ y omitiendo para simplificar la notación los asteriscos

$$\frac{dS}{dt} = -IS \quad (2.4)$$

$$\frac{dI}{dt} = IS - \lambda I \quad (2.5)$$

$$\frac{dR}{dt} = \lambda I \quad (2.6)$$

donde $\lambda = \frac{\gamma}{\beta S_0}$. El inverso de λ es $R_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma}$ la tasa reproductiva básica. Las condiciones iniciales para el problema adimensionalizado serán

$$S(0) = S_0 = 1 - \epsilon, \quad I(0) = I_0 = \epsilon > 0, \quad R(0) = 0$$

En la figura (1) se presentan los resultados correspondientes a una población de 3000000 con un infectado inicial. El valor de la tasa reproductiva básica $R_0 = 3$.

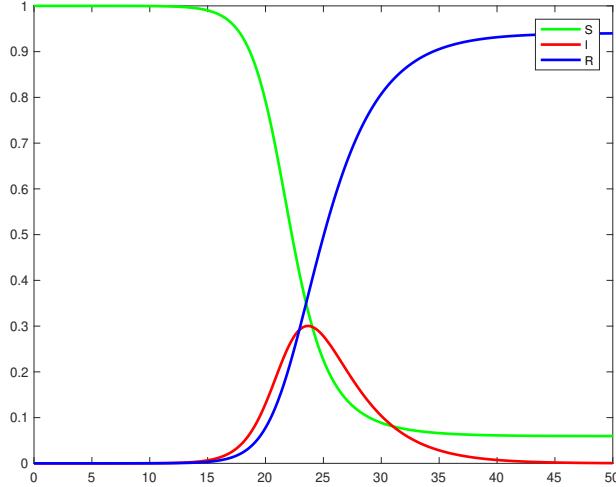


Figura 1: Evolución de Susceptibles, Infectados y Recuperados

2.3. Trayectorias en el plano I-S

Las trayectorias en el plano $I - S$ se pueden calcular fácilmente integrando la ecuación

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{\lambda}{S} \quad (2.7)$$

que es de variables separadas. Integrando se obtiene

$$I + S - \lambda \log(S) = A$$

donde A es una constante de integración. Sustituyendo los valores iniciales, obtenemos el valor de A y resulta

$$I = 1 - S + \lambda \log\left(\frac{S}{S_0}\right)$$

En la figura (2) se representan las trayectorias para diferentes valores de S_0 .

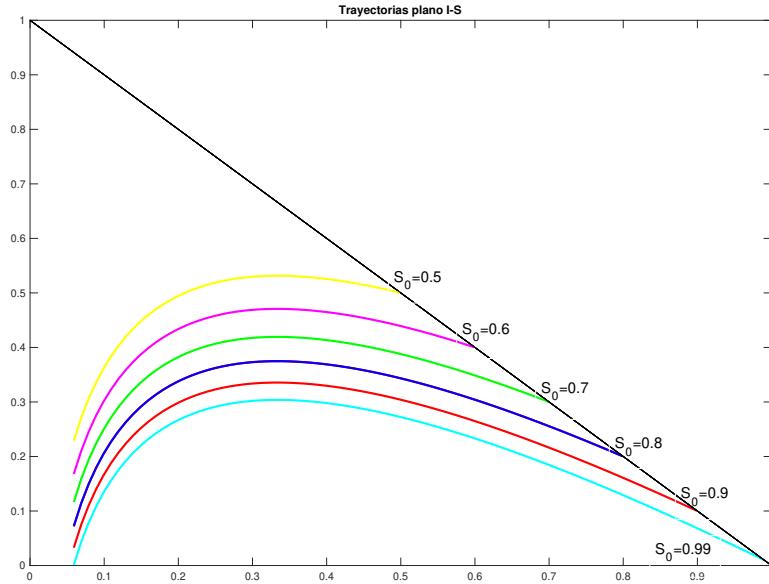


Figura 2: Trayectorias en el plano $I - S$

El valor máximo de infectados I_{max} se obtiene para el valor de $S = S_{max}$ tal que $\frac{dI}{dS} = 0$, por tanto $S_{max} = \lambda = \frac{1}{R_0}$ y el valor máximo de infectados será

$$I_{max} = 1 - \frac{1}{R_0}(1 + \log(S_0 R_0)) \quad (2.8)$$

Por ejemplo si $R_0 = 3$ y $S_0 = 0.999 \approx 1$,

$$I_{max} = 1 - \frac{1}{R_0}(1 + \log(S_0 R_0)) \approx 1 - \frac{1}{3}(1 + \log(3)) = 0.300$$

2.4. Ejemplo real

En la siguiente figura (3) se ha intentado ajustar a datos reales el modelo *SIR*. Sobre una población de 3000000 de habitantes se indica en negro

datos estimados a partir de los datos de infectados activos en España suponiendo que estos guardan una determinada proporción con los datos reales de infectados (y que son desconocidos pues incluyen a todas las personas asintomáticas y a los que teniendo síntomas no han sido diagnosticados). El término de infectados activos se refiere a los infectados totales menos el número de recuperados menos el número de fallecidos. Se han considerado datos a partir del día 11 de la infección. En rojo se representan la evolución de infectados, en verde la población susceptible de ser infectada y en azul los recuperados o muertos. Para entender la evolución de recuperados hay que considerar que figuran los inmunizados que provienen de los infectados asintomáticos o no diagnosticados y que por lo tanto no figuran en las estadísticas oficiales. Los valores correspondientes para el ajuste que se ha obtenido en la figura son

$$N = 3000000, I_0 = 102, \beta = 1.9615e - 7, \gamma = 0.2626, R_0 = 2.24.$$

El valor máximo de infectados obtenido a partir de (2.8) y teniendo en cuenta el escalamiento es $I_{max} = 580420$ lo que representa un 19.36 % de la población total N . Para el cálculo y facilitar el ajuste se ha elegido un escala de tiempo $T = 1.7$ días y el factor de proporcionalidad entre el número de infectados detectados y los reales se ha tomado igual a 10. Los cálculos se han realizado con el modelo adimensionalizado y escalado pero en la figura se representan los valores dimensionales. Así el eje de abcisas representa días y el de ordenadas número de personas. El último día con datos es el día 38. Según el modelo según se aprecia en la figura se alcanza el pico máximo el día 39.

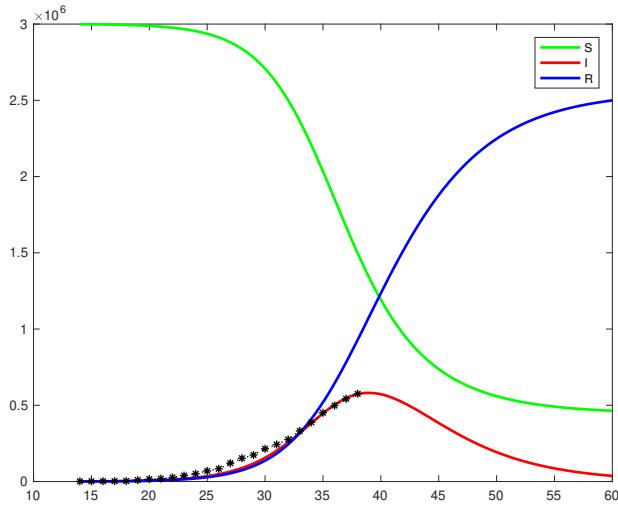


Figura 3: Modelo Covid19 en España

Finalmente el pico máximo no se alcanzó el día previsto por el modelo sino que fue aproximadamente una semana más tarde, además en la práctica la situación permanece en una zona relativamente plana. Se puede pensar que esta discordancia se puede deber a dos motivos: Primero porque en esos días los efectos del confinamiento social se hacen sentir en los resultados y las condiciones iniciales no son las adecuadas y segundo porque los criterios de contabilización de infectados han ido cambiando en algunas comunidades.

Aplicar el modelo a todos los datos de España no tiene mucho sentido pues en cada zona, la evolución es distinta. Además los criterios de contabilización de infectados difiere en cada comunidad. El siguiente ejemplo corresponde a la evolución de la epidemia en la comunidad de las Islas Baleares. En la figura (4) se presentan estos resultados después de realizar un ajuste por mínimos cuadrados de la evolución de infectados dada por el modelo a los datos observados de infectados corregidos mediante un factor de proporcionalidad F . Los datos experimentales se toman desde el día en que se superan 100 personas infectadas. Se han ajustado tres parámetros, concretamente, el número reproductivo básico inicial R_0 , la escala de tiempo T y el factor de corrección F . Se ha utilizado la función de matlab “fminunc” que permite optimizar mediante un método de Quasi-Newton calculando el gradiente

de la función utilizando diferencias finitas. A partir de unos valores iniciales $Ro = 2.0$, $T = 2.0$, $F = 200$, se obtiene convergencia en 21 iteraciones dando los valores óptimos para los parámetros $Ro = 1.61$, $T = 2.00$ y $F = 124.85$. En la figura (5) se da un detalle de estos resultados.

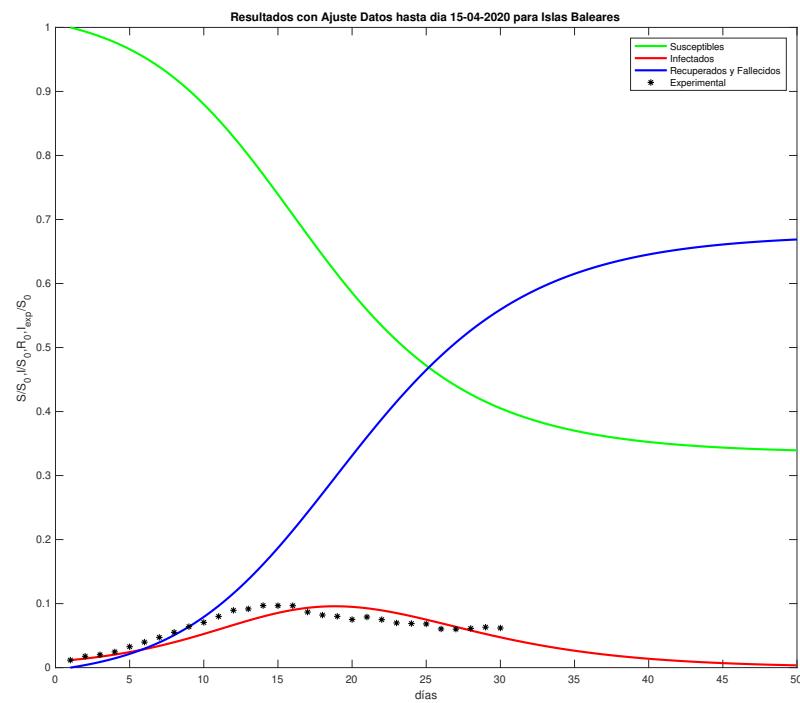


Figura 4: Resultados del ajuste en las Islas Baleares hasta el día 15-04-2020

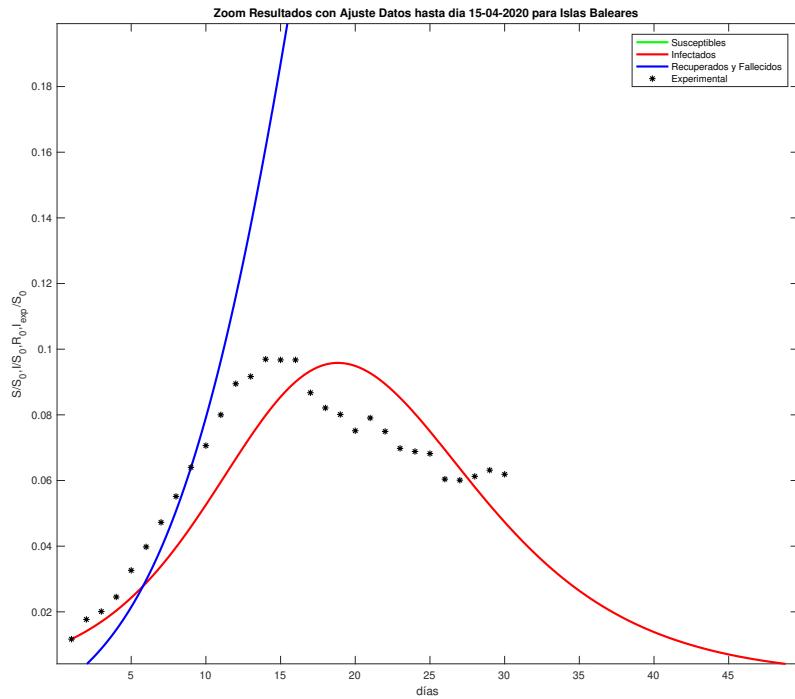


Figura 5: Detalle de los resultados del ajuste en las Islas Baleares hasta el día 15-04-2020

2.5. Asimilación de datos

En esta subsección se introduce un procedimiento de asimilación de datos al modelo SIR anteriormente descrito. Para ello se ha utilizado el Algoritmo de Kalman Conjuntista y Determinista (“Deterministic Ensemble Kalman Filter”, DEnKF), véase [4].

Algoritmo de Kalman Conjuntista Determinista: Sean $X_0^a = [X_{1,0}^a, \dots, X_{m,0}^a]$ un conjunto de m estados iniciales y su valor medio mediante

$$x^f = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m X_i \quad (2.9)$$

y su matriz de covarianza

$$C^f = \frac{1}{m-1} \sum_{i=1}^m (X_i - x^f)(X_i - x^f)^t \quad (2.10)$$

En el siguiente algoritmo k representa los pasos en los que se toman medidas y R es la matriz de covarianza del error en las medidas. H es la matriz que relaciona las observaciones con los estados. K es la llamada ganancia de Kalman.

Para $k = 1, 2, \dots$

1. Predicción:

$$\begin{aligned} X_{i,k}^f &= M_{k-1} X_{i,k-1}^a \quad i = 1, \dots, m \quad \text{predicción} \\ x_k^f &= \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m X_{i,k}^f \quad \text{valor medio} \\ A_{i,k}^f &= X_{i,k}^f - x_k^f \quad \text{desviaciones} \end{aligned}$$

2. Se calcula la matriz de covarianza del error “a priori”: Primeramente escribimos

$$A_k^f = [A_{1,k}^f, \dots, A_{m,k}^f]$$

y se calcula

$$C_k^f = \frac{1}{m-1} A_k^f (A_k^f)^t$$

3. Se calcula la ganancia de Kalman

$$K_k = C_k^f H_k^t (H_k C_k^f H_k^t + R_k)^{-1}$$

4. Se calcula el valor “a posteriori” para la media y para las desviaciones mediante

$$\begin{aligned} x_k^a &= x_k^f + K_k (d_k - H_k x_k^f) \\ A_k^a &= A_k^f - \frac{1}{2} K_k H_k A_k^f \end{aligned}$$

5. Se calculan los nuevos valores de estado

$$X_k^a = A_k^a + [x_k^a, \dots, x_k^a]$$

Ejemplo: Se ha aplicado el algoritmo de asimilación de datos DEnKF a los datos de la evolución de la epidemia en las Islas Baleares. Se ha utilizado el modelo re-escalado aunque sin adimensionalizar. Es decir, sustituyendo en (2.1)-(2.2)-(2.3), S por S/N , I por I/N , R por R/N y β por $N\beta$

$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS \quad (2.11)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta IS - \gamma I \quad (2.12)$$

$$\frac{dR}{dt} = 1 - S - I \quad (2.13)$$

El sistema de ecuaciones diferenciales queda reducido a las dos primeras ecuaciones del modelo correspondientes a Susceptibles S e Infectados I puesto que los recuperados más fallecidos R se obtiene directamente de los anteriores al considerar la población total N constante. Como variables de estado se toman pues S e I . A estos dos variables de estado añadimos los parámetros β y γ con el fin de utilizar el algoritmo para ajustar estos dos parámetros en el proceso de asimilación de datos. Los datos observados son los valores de infectados I que se observan cada día (afectados del correspondiente factor del corrección). De modo que el conjunto de m estados viene definido por

$X(1, s)$, $s = 1, \dots, m$ S , población de susceptibles

$X(2, s)$, $s = 1, \dots, m$ I , población de infectados

$X(3, s)$, $s = 1, \dots, m$ parámetro β

$X(4, s)$, $s = 1, \dots, m$ parámetro γ

Inicialmente se generan los m estados a partir del valor I_0 utilizando una distribución gaussiana de desviación típica σ_1 . La distribución inicial de recuperados se hace igual a $X(2, s) = 1 - X(1, s)$ $s = 1, \dots, m$. Igualmente se genera un conjunto de m valores para β y para γ a partir de una distribución gaussiana de desviación típica σ_3 y σ_4 . Los valores utilizados en el ejemplo de las islas Baleares son

- La matriz (1×1) de Covarianza del error en la medidas $R = [10^{-4}]$. La matriz H es $H = [0, 1, 0, 0]$
- Desviaciones típicas de la distribución normal para la población de estados iniciales:

$$\sigma_1 = 1.e - 2, \text{ desviación típica distribución normal, } I_0$$

$$\sigma_3 = 2.e - 2, \text{ desviación típica distribución normal, } \beta$$

$$\sigma_4 = 2.e - 2, \text{ desviación típica distribución normal, } \gamma$$

- Valores medios de la distribución normal para la población de estados iniciales: $I_0 = 111/N = 9.25e - 5$ donde $N = 1200000$ es la población de las Islas Baleares. Los valores medios iniciales para los parámetros β y γ se toman del ajuste previo mediante el método descrito en la subsección anterior utilizando los datos de los últimos 10 días. $\beta = 0.2637$ y $\gamma = 0.1943$
- El factor de corrección sobre infectados activos es 100

Los resultados obtenidos con datos asimilados hasta el día 63 después del primer día en que se contabilizaron más de 100 casos se muestran en la figura (6). En la figura (7) se muestra un detalle de la misma

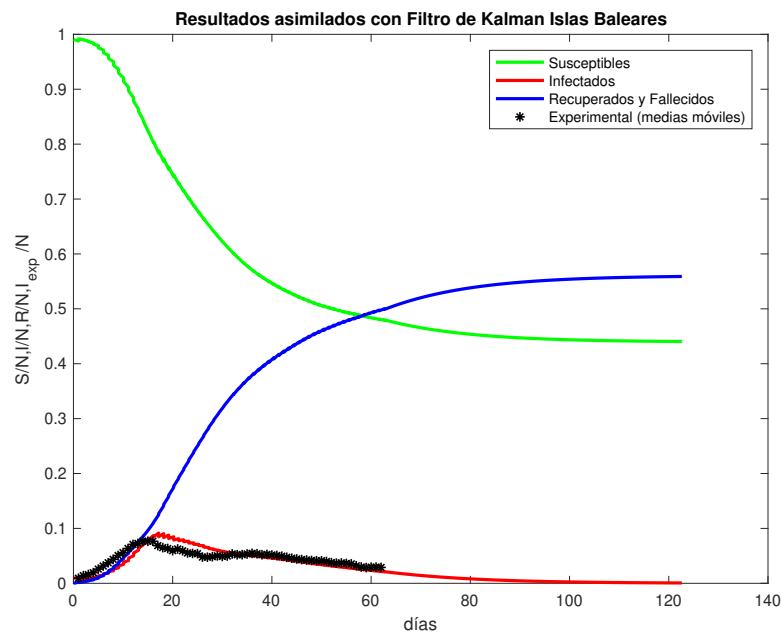


Figura 6: Resultados en las Islas Baleares con asimilación de datos

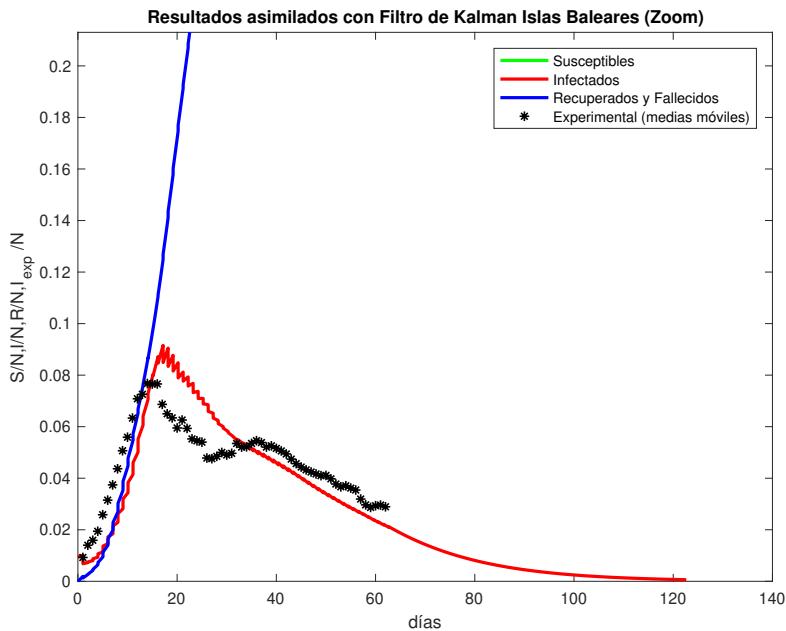


Figura 7: Detalle de los Resultados en las Islas Baleares con asimilación de datos

3. Modelos de epidemia con distribución espacial

Ver secciones 13.3 y 13.4 de ([2]). En esta sección consideraremos un modelo de epidemia que tiene en cuenta la distribución espacial, es decir, donde las poblaciones consideradas dependen no solo del tiempo sino también de su situación geográfica. El punto de partida será el modelo *SIR* de la sección anterior en el que consideramos que la población de infectados *I* es susceptible de distribuirse espacialmente mediante un mecanismo de difusión.

Igual que en el modelo *SIR* la variación de cada una de las poblaciones *S, I* y *R* responde a una dinámica del tipo

$$S \rightarrow I \rightarrow R$$

Aquí las variables S , I y R representan una densidades de población (número de personas por unidad de superficie), para $t \geq 0$ y $x \in \mathbb{R}^2$

- $S = S(x, t)$: Población susceptible de infectarse.
- $I = I(x, t)$: Población infectada.
- $R = R(x, t)$: Población recuperada inmunizada o muerta.
- $N = S + I + R$ es constante, población total constante.

y se rige por las ecuaciones siguientes

$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS \quad (3.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta IS - \gamma I + \nabla(D\nabla I) \quad (3.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3.3)$$

donde aparece un nuevo parámetro D que es un coeficiente que determina la difusión de la población de infectados I . D puede depender de la posición x y en modelos no lineales de la propia I . Si D es una constante, entonces el término de difusión es simplemente $D\Delta I$. Las condiciones iniciales ahora pueden depender de la posición,

$$S(0) = S_0(x) > 0 \quad I(0) = I_0(x) > 0 \quad R(0) = 0$$

El modelo con difusión de las dos poblaciones S e I esta descrito en la sección 13.1 de ([2]).

Si el coeficiente de difusión D es constante se pueden adimensionalizar las ecuaciones de la siguiente manera: Introduciendo la escala de tiempo T , la escala de longitud L , una densidad de referencia S_{ref} , por ejemplo la densidad media y las nuevas variables

- $t^* = t/T$

- $S^* = S/S_{ref}$

- $I^* = I/S_{ref}$

- $R^* = R/S_{ref}$

Tomando la escala de tiempo $T = \frac{1}{\beta S_{ref}}$ y la escala de longitud $L = \sqrt{\frac{D}{\beta S_{ref}}}$, y el parámetro $\lambda = \frac{\gamma}{\beta S_{ref}}$ resulta (omitiendo los arteriscos para simplificar la notación)

$$\frac{dS}{dt} = -IS \quad (3.4)$$

$$\frac{dI}{dt} = IS - \lambda I + \Delta I \quad (3.5)$$

$$\frac{dR}{dt} = \lambda I \quad (3.6)$$

3.1. Soluciones del tipo frente de onda

En esta sección se estudian soluciones del tipo frente de onda para el modelo distribuido en una dimensión espacial. Se sigue la sección 10.4 de ([2]). Suponemos densidad de población constante, y tomamos $S_{ref} = S_0$. Las ecuaciones en una dimensión espacial son

$$\frac{dS}{dt} = -IS \quad (3.7)$$

$$\frac{dI}{dt} = IS - \lambda I + \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} \quad (3.8)$$

$$\frac{dR}{dt} = \lambda I \quad (3.9)$$

Limitándonos a las dos primeras ecuaciones (3.7) y (3.8) Vamos a buscar soluciones del tipo frente de onda, es decir,

$$S(x, t) = S(z), \quad I(x, t) = I(z), \quad z = x - ct$$

donde c es la velocidad del frente de onda que hay que determinar. Esto representa un onda viajera constante que se mueve en la dirección positiva del eje x . Sustituyendo z en (3.7) y (3.8) obtenemos el sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias

$$cS' - IS = 0 \quad (3.10)$$

$$I'' + cI' + I(S - \lambda) = 0 \quad (3.11)$$

Buscamos una solución de modo que $S'(z) \rightarrow 0$ cuando $z \rightarrow \infty$ y se requiere que I sea siempre no negativo, tal que

$$I(-\infty) = I(\infty) = 0$$

y

$$0 \leq S(-\infty) < S(\infty) = 1$$

Linealizando la ecuación (3.11) alrededor del punto $I = 0$, $S = 1$ resulta

$$I'' + cI' + (1 - \lambda)I \approx 0$$

para integrar ponemos la ecuación en forma de sistema de primer orden

$$I_1 = I$$

$$I_2 = I'$$

es decir

$$I'_1 = I_2$$

$$I'_2 = -cI_2 + (\lambda - 1)I_1$$

o en forma matricial

$$\begin{pmatrix} I'_1 \\ I'_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ \lambda - 1 & -c \end{pmatrix} \begin{pmatrix} I_1 \\ I_2 \end{pmatrix}$$

Calculando los valores propios de la matriz del sistema

$$\det \begin{pmatrix} -k & 1 \\ \lambda - 1 & -c - k \end{pmatrix} = 0$$

es decir, las soluciones de

$$k^2 + ck - \lambda + 1 = 0$$

que son

$$k_{1,2} = \frac{-c \pm \sqrt{c^2 - 4(1 - \lambda)}}{2}$$

y la solución general es

$$I(z) = A \exp(k_1 z) + B \exp(k_2 z)$$

Como se requiere $I(z) \rightarrow 0$ con $I(z) \geq 0$ no puede oscilar en un entorno de $I = 0$, pues de otro modo $I(z) < 0$ para algún valos de z . Por ello si una solución de tipo frente de onda existe, la velocidad de la onda c y λ deben ser tales que k_1 y k_2 sean reales, es decir

$$c \geq 2\sqrt{1 - \lambda} \text{ y } \lambda < 1$$

Si $\lambda > 1$ no tenemos soluciones de tipo frente de onda, de modo que esta es una condición para que tengamos propagación de la epidemia,

$$\lambda = \frac{\gamma}{\beta S_0} < 1$$

que es la misma condición que obteniamos en el modelo compartimental.
 $c = 2\sqrt{1 - \lambda}$ es la velocidad mínima del frente de onda.

Podemos calcular la fracción de susceptibles que no han sido infectados despues del paso de la onda. De la ecuación (3.10), $I = cS'/S$ sustituyendo en (3.11) obtenemos

$$I'' + cI' + cS' - c\lambda \frac{S'}{S} = 0$$

integrando

$$I' + cI + cS - c\lambda \log(S) = constante$$

obtenemos la constante con la condición de contorno $z \rightarrow \infty$, $S = 1$, $I = 0$, $I' = 0$ de donde la constante es c . Ahora para $z \rightarrow -\infty$ denotamos $\sigma = S(-\infty)$, $I'(-\infty) = 0$, $I(-\infty) = 0$, resulta

$$\sigma - \lambda \log(\sigma) = 1$$

ecuación que no depende de la velocidad de la onda c . La escribimos de la forma

$$\frac{\sigma - 1}{\log(\sigma)} = \lambda \quad (3.12)$$

En la figura (8) representamos $y = \sigma(\lambda)$ y $y = \lambda$,

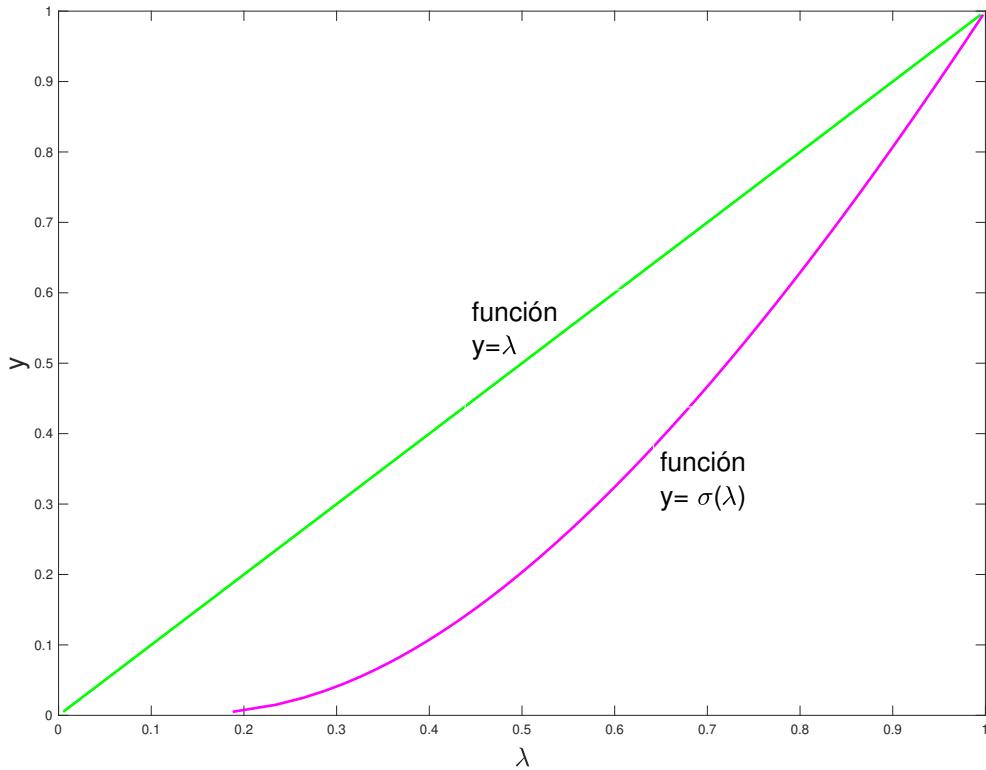


Figura 8: $\sigma(\lambda)$

y observamos que $0 < \sigma < \lambda < 1$. Tenemos por ejemplo que para $\lambda = 0.4$, $\sigma = 0.1$, y si $\lambda = 0.6$, $\sigma = 0.3$. Cuanto más pequeño sea el valor de λ un mayor número de susceptibles habrán sido infectados. El valor crítico $\lambda = 1$ indica que si $\lambda > 1$, es decir $\frac{\gamma}{\beta S_0} < 1$ quiere decir que el número de personas que se recuperan (y quedan inmunizadas) o fallecen es mayor que el número de

personas que se infectan y la epidemia no se puede propagar. De otra manera, si la densidad de población inicial S_0 es tal que $S_0 < \gamma/\beta$ la epidemia no se va a propagar. Si $\lambda < 1$ entonces se puede formar una onda de propagación de la epidemia y la velocidad mínima del frente de onda será $c = 2\sqrt{1 - \lambda}$, o bien en función de los parámetros dimensionales (recordemos que para una velocidad adimensional c^* tenemos $c = c^*L/T$) de donde,

$$c = 2\frac{L}{T}\sqrt{1 - \lambda} = 2\sqrt{D(\beta S_0 - \gamma)} \quad (3.13)$$

siendo en la expresión anterior c la velocidad dimensional de la onda.

3.2. Un Método de Diferencias Finitas

En esta subsección se explica un método de diferencias finitas para resolver el sistema de ecuaciones (3.4), (3.5) y (3.6). Es un sistema no lineal debido al término fuente SI en la ecuación (3.5) que determina la población de personas infectadas. El método numérico consiste en el Método de Diferencias Finitas centrales para aproximar el término de difusión y un método de Euler semiimplícito para la integración en el tiempo. Los términos lineales se tratan implícitamente y el término no lineal en forma explícita. El esquema es el siguiente:

Por una parte dado un intervalo $[0, H]$ de la recta real dividido en J subintervalos iguales de longitud h y sea $x_j = jh$ de modo que $x_J = Jh = H$. Por otra parte dado intervalo de tiempo $[0, K]$, se introduce un paso de tiempo k y sea $t_k = nk$ con $t_N = Nk = K$. Designamos mediante I_j^n, S_j^n, R_j^n la aproximaciones de $I(x_j, t_n)$, $S(x_j, t_n)$, $R(x_j, t_n)$ en el punto (x_j, t_k) respectivamente.

El esquema de integración es el siguiente,

- Dadas las condiciones iniciales:

$$I_j^0 = I^0(x_j), \quad j = 1, \dots, J$$

$$S_j^0 = S^0(x_j), \quad j = 1, \dots, J$$

$$R_j^0 = 0, \quad j = 1, \dots, J$$

y las condiciones de contorno

$$I_0^n = 0, \quad I_J^n = 0, \quad n = 1, \dots, N$$

- Una vez obtenido

$$I_j^n, \quad S_j^n, \quad R_j^n \quad j = 1, \dots, J$$

calculamos $I_j^{n+1}, \quad S_j^{n+1}, \quad R_j^{n+1} \quad j = 1, \dots, J$ resolviendo consecutivamente los tres bloques de ecuaciones

$$\frac{I_j^{n+1} - I_j^n}{k} + \lambda I_j^{n+1} + \frac{-I_{j-1}^{n+1} + 2I_j^{n+1} - I_{j+1}^{n+1}}{h^2} = I_j^n S_j^n \quad j = 1, \dots, J-1 \quad (3.14)$$

$$\frac{S_j^{n+1} - S_j^n}{k} + S_j^{n+1} I_j^{n+1} = 0 \quad j = 1, \dots, J-1 \quad (3.15)$$

$$\frac{R_j^{n+1} - R_j^n}{k} = \lambda I_j^{n+1} \quad j = 1, \dots, J-1 \quad (3.16)$$

El primer bloque es un sistema lineal de $J-1$ ecuaciones con $J-1$ incógnitas cuyo matriz es triadiagonal. El segundo y tercer bloque se resuelven explícitamente, pues todas las ecuaciones están desacopladas.

Ejemplo con densidad constante: Se ha resuelto un ejemplo con los siguientes datos:

- Densidad de referencia $S_{ref} = 100$ hab/km². En este ejemplo tomaremos una densidad inicial de población de susceptibles constante e igual a S_{ref} , es decir, $S_0(x) = S_{ref}$.
- $\beta = 0.01$ dia⁻¹
- $\gamma = 0.5$ dia⁻¹

- $D = 1 \text{ km}^2/\text{dia}$
- Escala de Tiempo, $T = 1 \text{ dias}$
- Escala de longitud, $L = 1 \text{ km}$
- $Ro = \frac{\beta S_{ref}}{\gamma} = 2$
- $\lambda = \frac{1}{Ro} = 0.5 \text{ dia}^{-1}$

Los correspondientes datos numéricos son

- Intervalo espacial $[0, J] = [0, 200]$
- Intervalo temporal $[0, K] = [0, 120]$
- Número de pasos de tiempo, $N = 1200$, paso de tiempo $k = 0.1$
- Longitud del subintervalo espacial, $h = 0.2$

En las siguientes figuras se representa la solución correspondiente al desarrollo de una onda de propagación de una epidemia a partir de un una población de infectados centrada en la posición $x = 100 \text{ km}$ y distribuida según la distribución gaussiana:

$$I(x, 0) = 0.01 \exp\left(\frac{-(x - 100)^2}{0.005}\right)$$

A partir de esta distribución de infectados se generan dos ondas, una en la dirección de las x positivas y otra en la dirección de las x negativas. La velocidad de las dos ondas viene dada por la expresión (3.13), $c = 2\frac{L}{T}\sqrt{1 - \lambda} = \sqrt{2} \approx 1.41 \text{ km/día}$. En la figura (9) solo se representa la onda en la dirección de x positiva. En la figura (10) se puede estimar el valor de la velocidad del frente de onda. En la figura se representan la sucesiva posición de la onda cada 100 días. El valor de personas no infectadas después de la epidemia viene dada por $\sigma = S(-\infty)$ dado por la ecuación (3.12), obteniéndose $\sigma \approx 0.21$ tal

como se observa en las figuras (9) y (11). La figura (12) representa la evolución de personas recuperadas (y fallecidas) y en la figura (13) se representa una visión tridimensional de la evolución de infectados en función del tiempo y de la posición.

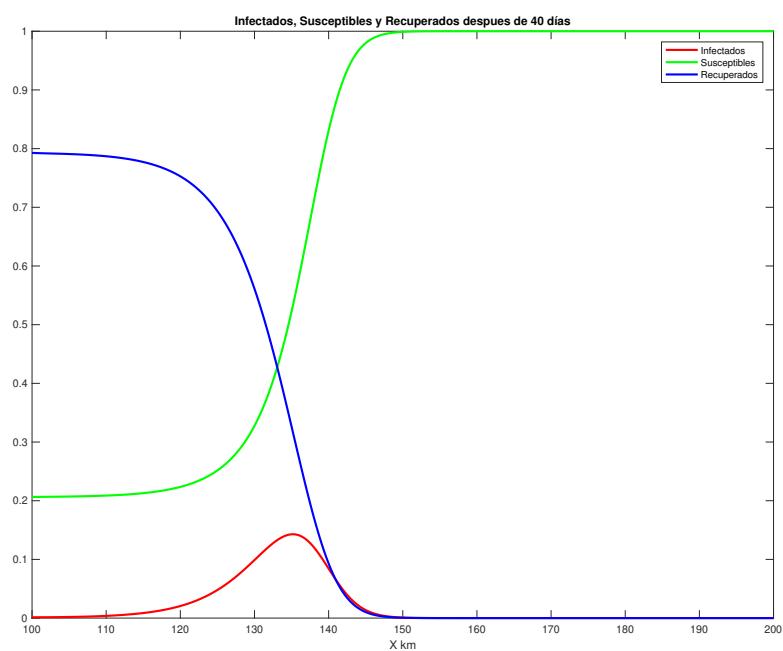


Figura 9: Solución despues de 40 días

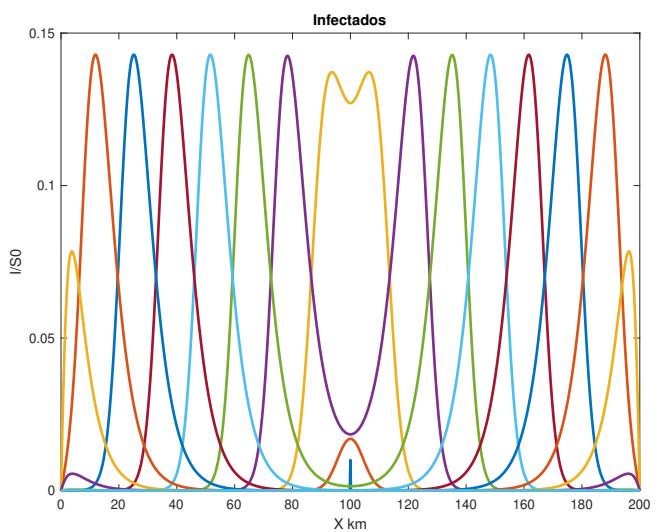


Figura 10: Onda Infectados

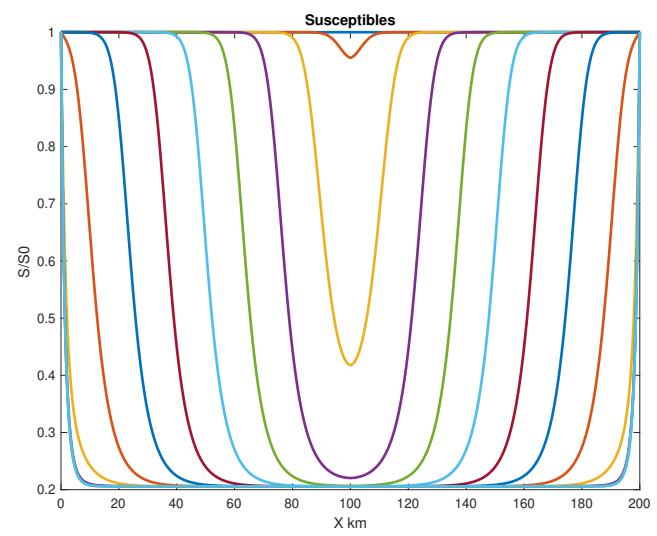


Figura 11: Onda Susceptibles

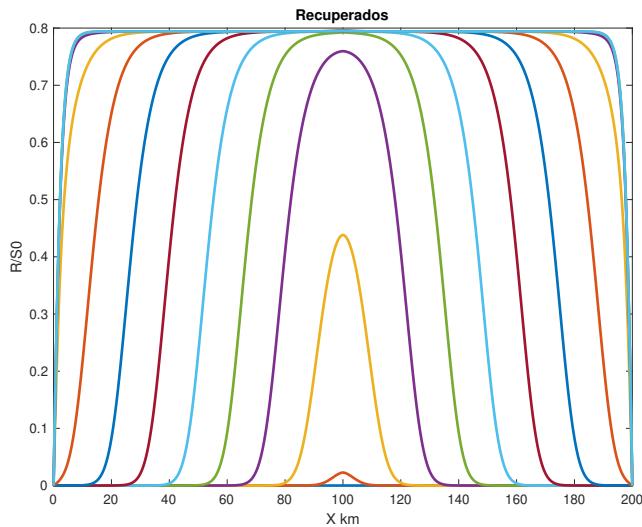


Figura 12: Onda Recuperados

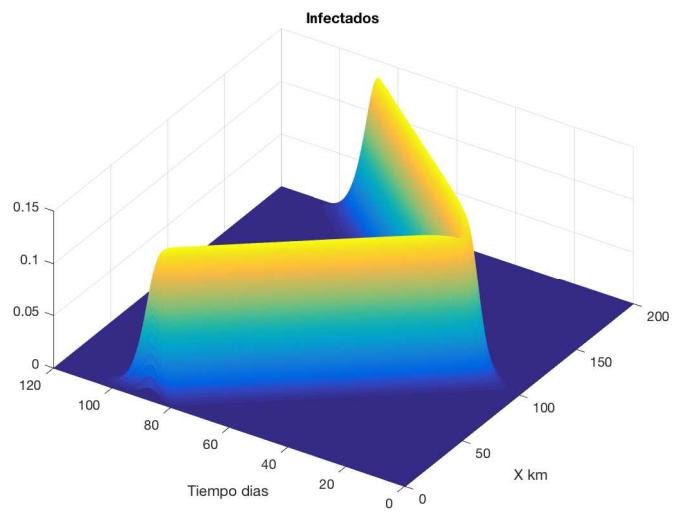


Figura 13: Evolución de la onda de Infectados en espacio y tiempo

Ejemplo con densidad variable: En este ejemplo se ha supuesto una densidad de población inicial variable con la distancia, dada por la expresión

(figura 14)

$$S_0(x) = S_{ref} + 0.5S_{ref} \left(\exp(-(x-200)^2/1000) + 0.25S_{ref} \exp(-(x-300)^2/1000) \right)$$

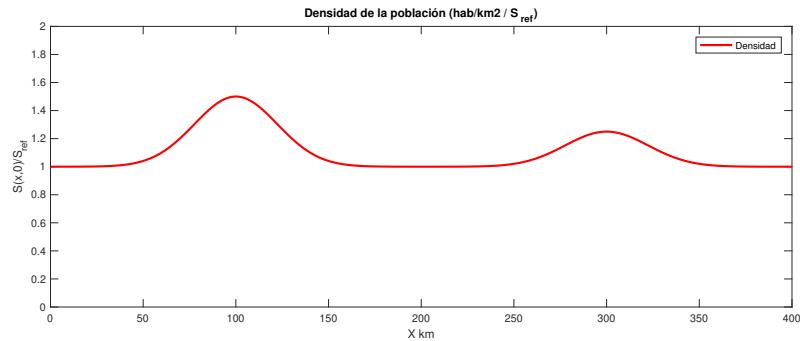


Figura 14: Densidad de población inicial

La velocidad del frente de onda depende entonces de la posición, en la figura (15) se presenta la propagación de la onda de infectados.

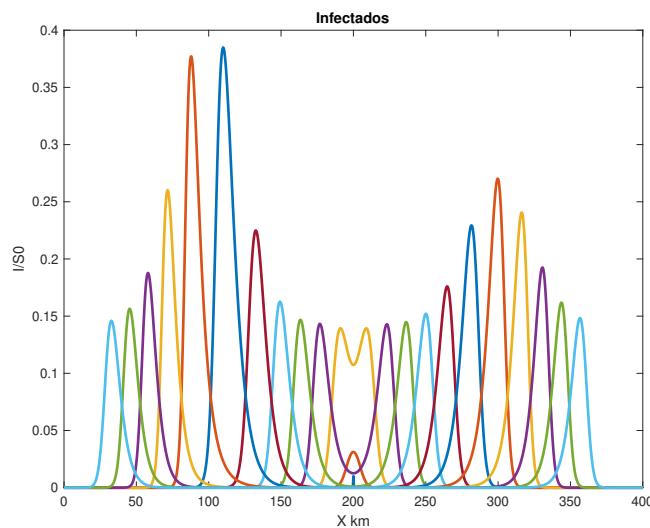


Figura 15: Evolución de la onda de Infectados con densidad variable

3.3. Un Método de Elementos Finitos

(En col. con Gabriel Winter Althaus, ULPGC)

Aquí consideramos la aplicación del Método de Elementos Finitos para resolver las ecuaciones (3.1), (3.2) y (3.3) en dimensión 2. Se utiliza un esquema de Euler semi-implícito para integrar las ecuaciones en el tiempo y discretizando éstas en un Espacio de Elementos Finitos que denotamos mediante \mathcal{V} para la aproximación espacial de las ecuaciones.

Se considera el intervalo de tiempo total dividido en pasos de magnitud k . En cada paso de tiempo, conocidos los valores de I^n , S^n y R^n correspondientes a la aproximación de la densidad de población de infectados, susceptibles y recuperados o fallecidos respectivamente, se calculan los valores en el paso siguiente I^{n+1} , S^{n+1} y R^{n+1} mediante el siguiente algoritmo

1. Se calcula $I^{n+1} \in \mathcal{V}$ tal que

$$\int_{\Omega} \left(\frac{1}{k} + \gamma \right) I^{n+1} V + \int_{\Omega} D \nabla I^{n+1} \nabla V = \int_{\Omega} \beta I^n S^n V + \int_{\Omega} \frac{1}{k} I^n V \quad (3.17)$$

$$\forall V \in \mathcal{V}$$

- 2.

$$S^{n+1} = \frac{S^n}{1 + k\beta I^{n+1}} \quad (3.18)$$

- 3.

$$R^{n+1} = R^n + k\gamma I^{n+1} \quad (3.19)$$

Ejemplo en la isla de Mallorca: En este ejemplo se considera la evolución de una epidemia en la isla de Mallorca a partir de dos focos iniciales de infección uno situado en la zona del Puerto de Pollensa y otro en el interior cerca de la ciudad de Inca. En la figura (16) se presenta la malla de elementos finitos. En la figura (17) se presenta la densidad de población. La resolución de la densidad de población es la correspondiente a una celda de

$1 \text{ km} \times 1 \text{ km}$. La densidad de las poblaciones se normalizan entre 0 y 1 dividiendo por el valor máximo de la densidad de población inicial. Los valores de los parámetros para este cálculo son $\beta = 0.06 \text{ día}^{-1}$, $\gamma = 0.02 \text{ día}^{-1}$ y $D = 1 \text{ km}^2/\text{día}^{-1}$. El paso de tiempo en la integración temporal es $k = 0.05$ días.

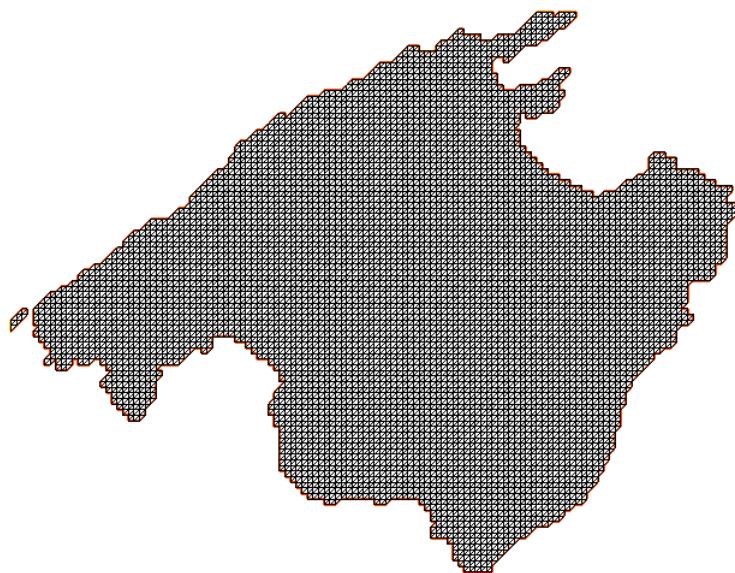


Figura 16: Mallado de la Isla de Mallorca

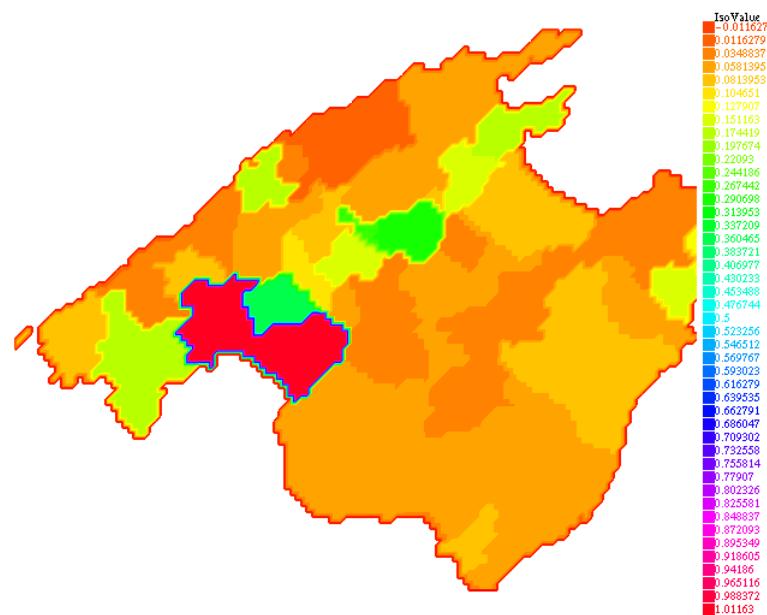


Figura 17: Densidad de población en la Isla de Mallorca

En las figuras (18), (19), (20), (21) la densidad de infectados en distintos momentos de evolución de la epidemia.

infected people in time =1 days

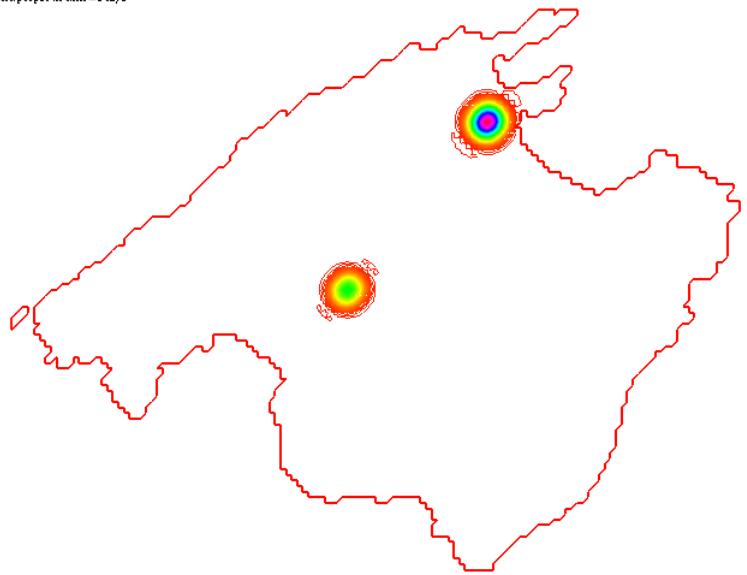


Figura 18: Población de Infectados al cabo de 1 día en la Isla de Mallorca

infected people in time =10.5 days

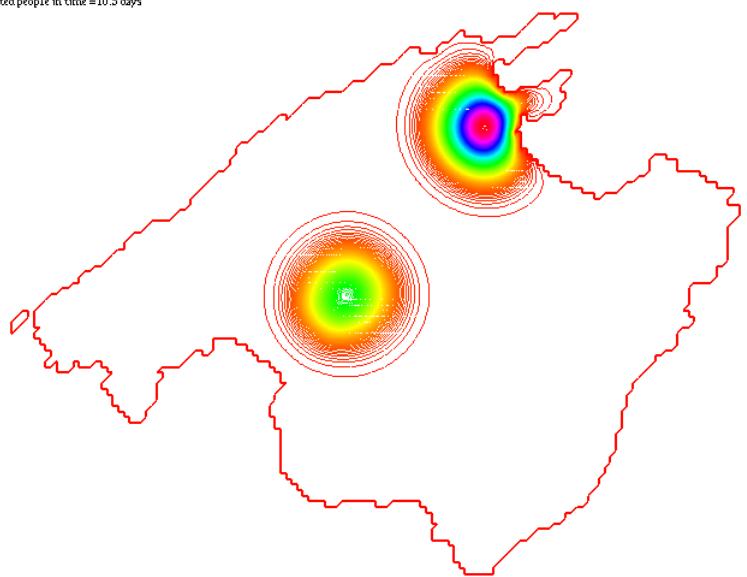


Figura 19: Población de Infectados a los 10 días en la Isla de Mallorca

infected people in time = 60.5 days

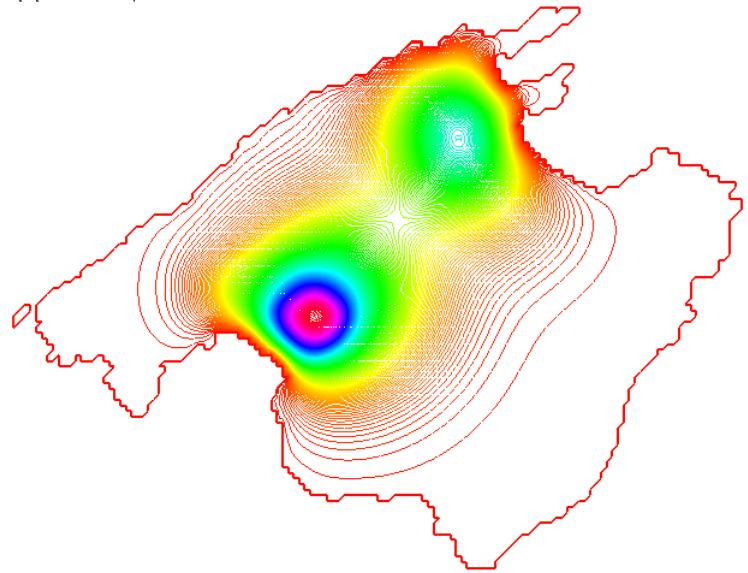


Figura 20: Población de Infectados a los 60 días en la Isla de Mallorca

infected people in time = 119.5 days

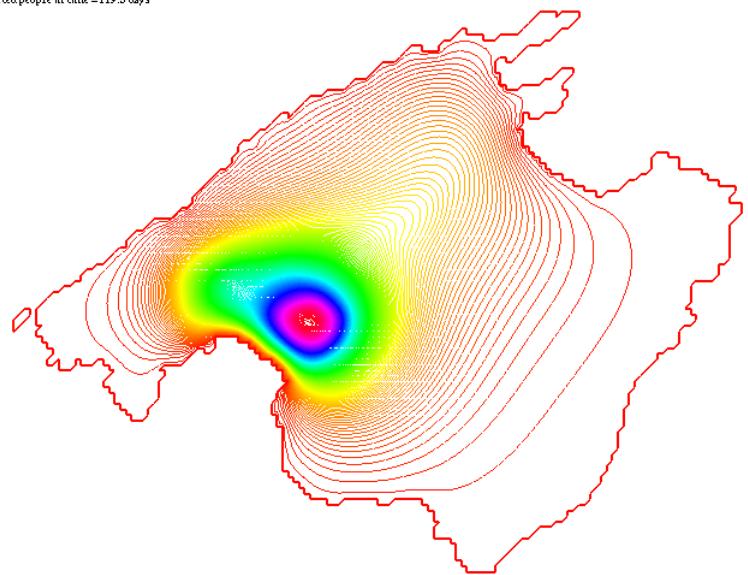


Figura 21: Población de Infectados a los 120 días en la Isla de Mallorca

Ejemplo en la isla de Gran Canaria: En este segundo ejemplo se ha considerado la propagación de una epidemia en la isla de Gran Canaria a partir de dos focos. En este caso la resolución de la densidad de población es la correspondiente a una celda de $88\text{ m} \times 88\text{ m}$. Los valores de los parámetros para este cálculo son $\beta = 0.06\text{ día}^{-1}$, $\gamma = 0.01\text{ día}^{-1}$ y $D = 1\text{ km}^2/\text{día}^{-1}$. El paso de tiempo en la integración temporal es $k = 0.05$ días.

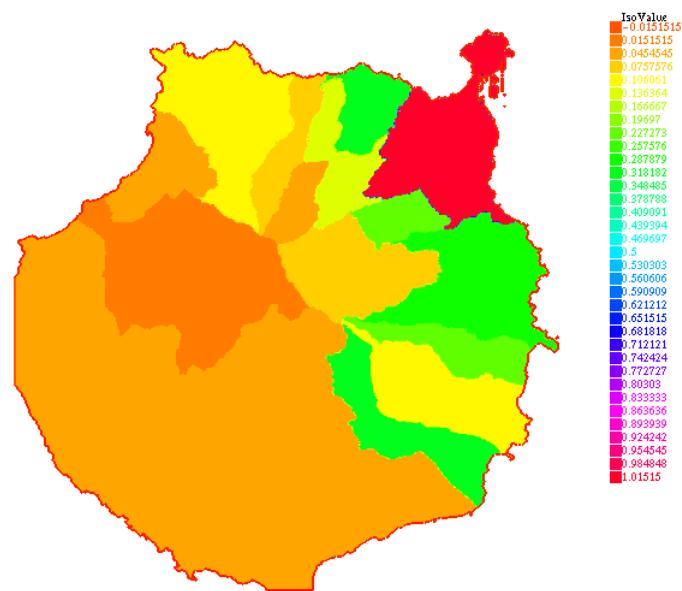


Figura 22: Densidad de población en la Isla de Gran Canaria

infected people in time = 1 days

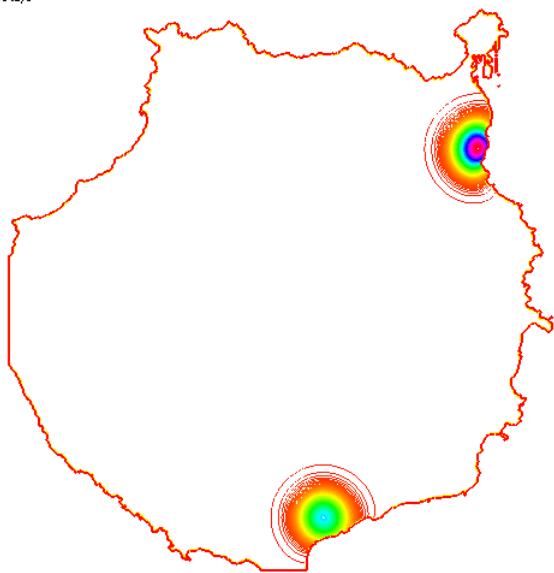


Figura 23: Población de Infectados al cabo de 1 día en la Isla de Gran Canaria

infected people in time = 10 days

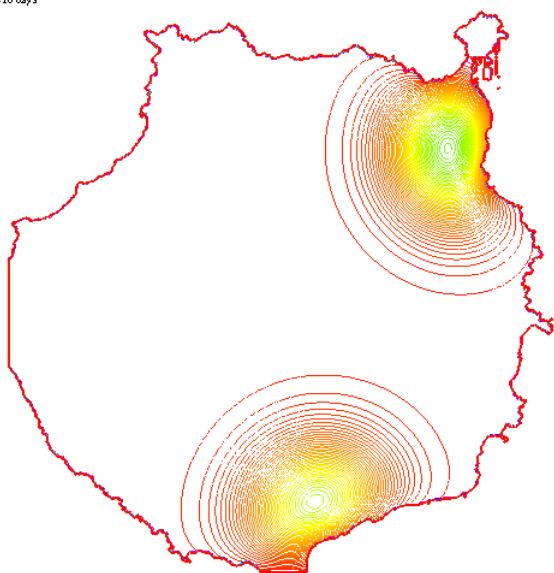


Figura 24: Población de Infectados a los 10 días en la Isla de Gran Canaria

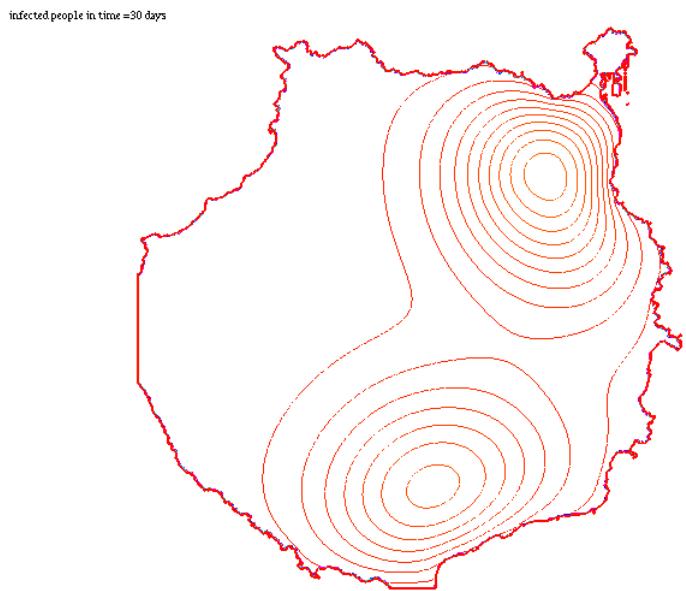


Figura 25: Población de Infectados a los 30 días en la Isla de Gran Canaria

Referencias

- [1] J.D.Murray, *Mathematical Biology I: An introduction, Third Edition*, Springer, (2002).
- [2] J.D.Murray, *Mathematical Biology II: Spatial Models and Biomedical Applications, Third Edition*, Springer, (2002)
- [3] R. Bürger, *Introducción al modelamiento en Biomatemática*, CI²MA, (2012).
- [4] SAKOV P., OKE P.R, *A deterministic formulation of the ensemble Kalman filter: an alternative to ensemble square root filters*. Tellus, 60A, pp. 321-371, 2008.