

# **Estudio numérico de un modelo de propagación de enfermedades infecciosas**



**Inés Baldellou Brosed**  
Trabajo de fin de grado de Matemáticas  
Universidad de Zaragoza

Directores del trabajo: Francisco José Gaspar Lorenz  
Carmen Rodrigo Cardiel  
12 de septiembre de 2022



# Summary

In the present work we are going to see how to use mathematics for the study of infectious diseases. First, we will define what these diseases are and how they have been controlled throughout history to prevent their rapid spread. We will explain some of the different models that have been obtained all over history to try to model these diseases and be able to control them before their expansion among the population, such as the SIR and SEIR model. For both models we will give a system of equations that depends on time and then we will extend it to two variables, space and time. We will define the finite difference approximation method for the resolution of the equations mentioned above and we will apply this method together with the ghost node technique to obtain an approximate solution of both models. Using the Matlab program, some codes have been programmed that approximately solve the models proposed in the work. Finally, an example of the application of said code (with the SIR and SEIR model) to a problem of the spread of an infectious disease in an English boarding school where this disease was present in 1978.



# Índice general

<b>Summary</b>	<b>III</b>
<b>1. Introducción</b>	<b>1</b>
1.1. Evolución histórica de las enfermedades infecciosas. . . . .	1
1.2. La importancia de las matemáticas en el estudio de enfermedades infecciosas. . . . .	1
<b>2. Modelos matemáticos</b>	<b>3</b>
2.1. El modelo SIR. . . . .	3
2.2. Estudio del modelo. . . . .	5
2.2.1. Ampliación del modelo SIR. . . . .	9
2.3. Otros modelos importantes. . . . .	10
2.3.1. El modelo SEIR. . . . .	10
2.4. Modelos SIR y SEIR con movilidad de individuos. . . . .	12
<b>3. Aproximación numérica de los modelos mediante el método de diferencias finitas</b>	<b>15</b>
3.1. Método de diferencias finitas. . . . .	15
3.1.1. Técnica del nodo fantasma. . . . .	17
3.1.2. Método IMEX. . . . .	17
3.1.3. Aplicación de diferencias finitas al modelo SIR con nacimientos y muertes y al modelo SEIR. . . . .	19
<b>4. Ejemplo de aplicación a un caso real</b>	<b>25</b>
<b>A. Programación numérica en Matlab</b>	<b>27</b>
A.0.1. El modelo SIR. . . . .	27
A.0.2. El modelo SEIR. . . . .	29
A.0.3. Ejemplo en una variable. . . . .	31
A.0.4. Ejemplo en dos variables. . . . .	32
<b>Bibliografía</b>	<b>35</b>



# Capítulo 1

## Introducción

### 1.1. Evolución histórica de las enfermedades infecciosas.

El contenido de esta sección está tomado de [1] y [2].

Desde la antigüedad, el ser humano se ha visto afectado por diferentes enfermedades. Las enfermedades infecciosas son causadas por diferentes organismos como bacterias, virus, hongos o parásitos. Estos organismos viven tanto dentro como fuera del cuerpo humano.

Los primeros datos que se conocen acerca de estas enfermedades, entonces denominadas pestes, se encuentran en la Biblia. En ésta, además, aparecen ya varias prácticas para prevenir el contagio como son el lavado de alimentos y manos o incluso el aislamiento de las personas que contraían la enfermedad. A finales del siglo XVIII, Dr. Edward Jenner descubre la vacuna para la viruela. Más adelante, a mediados del siglo XIX, Dr. Louis Pasteur descubriría la vacuna contra la rabia. Otras enfermedades que hemos conocido a lo largo del tiempo son: diferentes gripes, poliomielitis, sarampión, paperas, rubeola, y la más reciente, COVID-19.

No es hasta el siglo XX cuando llegaron los grandes avances médicos como la creación de antibióticos, la vacunación de la población, el control de plagas en los alimentos y la potabilización del agua en los países menos desarrollados. Con estos avances se creía que las enfermedades infecciosas serían erradicadas, pero no fue así. Los microorganismos se han ido adaptando y con ello han ido surgiendo nuevas enfermedades infecciosas. A ello hay que sumarle las invasiones humanas o animales a otros ecosistemas, el calentamiento global, la degradación del medio ambiente, la gran cantidad de vuelos que unen los diferentes continentes. . .

Aún a día de hoy tenemos alguna enfermedad infecciosa latente como es el COVID-19, con la que se ha observado que con una correcta higiene de manos y el uso de mascarillas puede ralentizarse su propagación.

Con el fin de desarrollar protocolos de actuación adecuados a las diferentes enfermedades, surge el concepto de epidemiología. Este término hace referencia a la ciencia que estudia la evolución de una epidemia con el paso del tiempo para poder predecir su comportamiento, creando planes de prevención como la vacunación o la cuarentena.

### 1.2. La importancia de las matemáticas en el estudio de enfermedades infecciosas.

Uno de los modelos epidemiológicos de mayor relevancia es el modelo SIR, propuesto por W. O. Kermack y A. G. McKendrick en 1927. Este modelo está formado por ecuaciones diferenciales y sirve a la comunidad sanitaria para poder predecir el comportamiento de las enfermedades provocadas por agen-

tes infecciosos, con lo que dicho modelo se extiende también a otros modelos como SEIR, SIS, SIRS, SEIS... donde en cada uno de ellos cambia la forma de tener en cuenta a los individuos.

Un resultado de gran relevancia es el conocido teorema del umbral, según el cual al introducir individuos infecciosos en una población susceptible esto puede causar una epidemia solo si la densidad de la población susceptible supera un cierto valor crítico. Si se supera dicho valor, el brote sobrevive, de lo contrario desaparece. La comunidad científica no se dió cuenta del impacto del modelo Kermack-McKendrick hasta finales de la década de 1970, cuando Anderson y May lo utilizaron para estudiar estrategias de control de enfermedades infecciosas.

Después de la Segunda Guerra Mundial, fue necesario mejorar la comprensión de los procesos probabilísticos a partir de los cuales se realizaron nuevos avances en epidemiología. En la década de 1990, hubo un mayor interés en comprender la dinámica de enfermedades como el VIH/SIDA. A fines de la década de 1990, los físicos se interesaron en el estudio de redes complejas y se dieron cuenta de que una perspectiva de red es esencial para comprender la dinámica de enfermedades como la citada anteriormente.

## Capítulo 2

# Modelos matemáticos

El contenido de este capítulo está tomado de [2], [3], [4, pág. 121 y sig.], [5, pág. 18 y sig.], [6], y [10].

Los modelos matemáticos diseñados para describir fenómenos epidemiológicos se dividen en dos tipos: deterministas y estocásticos. Los deterministas, se dividen a su vez en continuos o discretos. Los modelos continuos están descritos por un sistema de ecuaciones diferenciales tanto parciales como ordinarias caracterizados por supuestos sobre los grupos de población (susceptibles, infectados, etc.) que tiene una comunidad, sin embargo, los modelos discretos asumen que el tiempo es un valor discreto (mes, día, etc.).

En el modelo determinista, es posible controlar todos los factores del estudio del fenómeno de intervención y predecir con precisión su resultado con métodos computacionales. En un modelo estocástico no es posible controlar todos los factores concurrentes, de manera que los resultados no son únicos.

En este capítulo vamos a introducir algunos de los principales modelos matemáticos deterministas usados para simular y predecir el comportamiento de enfermedades infecciosas. Entre otros, trataremos el modelo SIR y SEIR, y comentaremos algunos aspectos importantes sobre otros modelos.

### 2.1. El modelo SIR.

El modelo SIR, como se ha comentado anteriormente, fue desarrollado en 1927 por W.O.Kermack y A.G.MckKendrick. Es de los modelos más básicos y explica la evolución de las enfermedades infecciosas. Está basado en 3 ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales y no posee una solución explícita. Sin embargo, haciendo uso de diferentes resultados, podemos obtener información sobre la solución del mismo.

El modelo SIR recibe dicho nombre dado que está formado por tres tipos de individuos que a su vez determinan el número de personas que componen una población:

- $S(t)$ : Hace referencia a los individuos susceptibles. Son individuos sanos que al tener contacto con el virus o bacteria pueden resultar infectados.
- $I(t)$ : Hace referencia a los individuos infectados. Son individuos que han contraído la enfermedad, y a su vez pueden infectar a los individuos susceptibles.
- $R(t)$ : Hace referencia a los individuos recuperados. Son individuos que se han recuperado de la enfermedad y han adquirido inmunidad.

El modelo SIR, además, asume diferentes hipótesis que la población debe cumplir para poder aplicarse:

1. El paso entre susceptibles, infectados y recuperados es único, esto es, un individuo solo puede dejar de ser susceptible para pasar a infectado y solo abandona el grupo de infectado cuando pasa a considerarse individuo recuperado. La enfermedad se transmite por contacto entre los diferentes individuos.
2. La población es un número constante, no tenemos en cuenta nacimientos ni muertes que se producen a lo largo del desarrollo de la enfermedad. Por tanto, el número total de individuos es:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (2.1)$$

3. Los individuos que se recuperan, adquieren inmunidad frente a la enfermedad.
4. La tasa de infección la denotamos por  $\beta$ , que hace referencia al paso de los individuos de susceptibles a infectados.
5. La tasa de recuperación la denotamos por  $\rho$ , que hace referencia al paso de los individuos de infectados a recuperados.

Un esquema para comprender con mayor claridad el modelo viene dado en la Figura 2.11:



Figura 2.1: Esquema del modelo SIR.

De acuerdo con lo anterior, se plantean las ecuaciones del modelo:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt}(t) &= -\beta S(t) I(t), \\ \frac{dI}{dt}(t) &= \beta S(t) I(t) - \rho I(t), \\ \frac{dR}{dt}(t) &= \rho I(t), \end{aligned} \quad (2.2)$$

con condiciones iniciales:

$$\begin{cases} S(0) = S_0 > 0, \\ I(0) = I_0 > 0, \\ R(0) = R_0 = 0, \end{cases}$$

siendo  $\beta > 0$ ,  $\rho > 0$ , y  $N = S_0 + I_0 + R_0$  el número total de individuos obtenido al sumar el número de individuos de cada clase. Además, dado que esta suma es constante (no estamos considerando nacimientos en la población), entonces podemos deducir que  $\frac{dN}{dt} = \frac{S' + I' + R'}{dt} = 0$ .

Un ejemplo de propagación de una enfermedad simulada con el modelo SIR viene dado en la Figura 2.2:

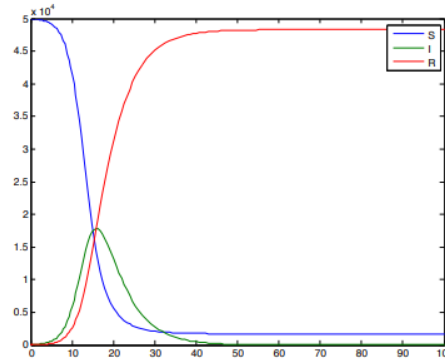


Figura 2.2: Ejemplo del modelo SIR.

Ejemplo sacado de [3], con los siguientes datos:  $\beta = 0,7/50000$ ,  $\rho = \frac{1}{5}$ ,  $S(0) = 49995$ ,  $I(0) = 5$ ,  $R(0) = 0$ .

## 2.2. Estudio del modelo.

Consideraremos, sin pérdida de generalidad, que  $S(t) + I(t) + R(t) = cte$ . Ahora bien, el inverso de la tasa de recuperación se puede interpretar como el tiempo de duración de una enfermedad. Haciendo uso de la tercera ecuación del modelo,  $\frac{dR}{dt}(t) = \rho I(t)$ , y tomando  $h \rightarrow 0$ , tenemos:

$$\rho I(t) = R'(t) \approx \frac{R(t+h) - R(t)}{h}. \quad (2.3)$$

Definimos  $h = \frac{1}{\rho}$ , y despejamos en la ecuación anterior:

$$R\left(t + \frac{1}{\rho}\right) = R(t) + I(t). \quad (2.4)$$

El número de individuos que se recuperan en el momento  $t + \frac{1}{\rho}$  es la suma de los que se habían recuperado en el tiempo  $t$  junto con los individuos que estaban infectados en el tiempo  $t$ . Luego  $\frac{1}{\rho}$  es el tiempo medio que tardan en recuperarse los individuos infectados.

Vamos a ver que el modelo tiene solución única definida  $\forall t \geq 0$ . Lo primero a tener en cuenta es:

- $S(t) > 0$ , ya que sino el modelo no tendría sentido. El número de individuos susceptibles irá disminuyendo conforme avance la enfermedad entre la población. Para que esto suceda con mayor rapidez se tomarán diferentes medidas de contención según la enfermedad a la que se enfrente la población.
- $R(t) > 0$ , esto se produce a la vez que aumenta el número de infectados.
- El número de infectados aumentará o disminuirá según sea la relación que tengan la tasa de infección  $\beta$  y la tasa de recuperación  $\rho$ .

Comenzamos demostrando la existencia y unicidad de solución local del sistema. Para ello, consideramos el siguiente problema:

$$\begin{cases} y' = f(t, y), y \in \mathbb{R}^n \\ y(t_0) = y_0 \end{cases} \quad (2.5)$$

con  $f : U \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  y  $U$  abierto de  $\mathbb{R}^{n+1}$ .

A continuación, se muestra una recopilación de distintos resultados que nos ayudaran a obtener solución al problema. Las demostraciones están en [11, pág. 109 y sig.].

**Teorema 2.1.** [Teorema de existencia]: Si  $f$  es una función continua en  $U$ , entonces para cualquier  $(t_0, y_0) \in U$ ,  $\exists \varepsilon > 0$  tal que (2.5) posee una solución definida en un intervalo de la forma  $[t_0 - \varepsilon, t_0 + \varepsilon]$ .

En nuestro caso, vamos a considerar  $y = (S, I, R)$ , y  $f = (-\beta SI, \beta SI - \rho I, \rho I)$ . Tenemos que  $f$  es continua en  $\mathbb{R}^4$ , luego existe solución local.

**Teorema 2.2.** [Teorema de unicidad]: Si  $f$  es una función continua, con derivada parcial respecto a  $y$  continua en  $U$ , entonces para cualquier  $(t_0, y_0) \in U$ ,  $\exists \varepsilon > 0$  tal que (2.5) tiene una única solución definida en un intervalo de la forma  $[t_0 - \varepsilon, t_0 + \varepsilon]$ .

En nuestro problema, calculamos la matriz jacobiana de  $f = (-\beta SI, \beta SI - \rho I, \rho I)$ , obteniendo:

$$\begin{pmatrix} -\beta I & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \rho & 0 \\ 0 & \rho & 0 \end{pmatrix} \quad (2.6)$$

Como los elementos de la matriz jacobiana son todos continuos en  $\mathbb{R}$ , por el Teorema 2.2 existe solución única del modelo en un cierto intervalo  $[0, T]$ .

**Teorema 2.3.** Sea  $f : [0, T] \rightarrow \mathbb{R}$  función continua, entonces se tiene  $f([0, T]) = [m, M]$ , con  $m < M$ .

**Corolario 2.4.** Sea  $f : [0, T] \rightarrow \mathbb{R}$  función continua y  $T, m, M \in \mathbb{R}$ , tales que  $T > 0$  y  $m < M$  y  $f([0, T]) = [m, M]$ . Entonces, se cumple:

$$m \cdot T \leq \int_{t=0}^{t=T} f(t) dt \leq M \cdot T \quad (2.7)$$

**Teorema 2.5.** Sea el problema inicial:

$$\begin{cases} y'(t) = a(t)y(t) \\ y(0) = y_0 > 0 \end{cases} \quad (2.8)$$

con  $a \in C([0, T])$ . Entonces se cumple que  $y(t) > 0 \forall t \in [0, T]$ .

**Observación 2.6.** Estamos suponiendo que  $a(t)$  es continua en  $[0, T]$ , ya que si no lo fuese, el resultado anterior (2.8), podría no cumplirse. Por ejemplo:

$$\begin{cases} y'(t) = \frac{1}{t-1}y(t) \\ y(0) = 1 \end{cases}$$

tiene solución y es  $y(t) = -t + 1$ , y ocurre que  $y(t) < 0, \forall t > 1$ , dado que  $a$  no es continua en  $t = 1$ .

**Teorema 2.7.** Sea el problema de valores iniciales:

$$\begin{cases} y'(t) = a(t)y(t) + b(t) \\ y(0) = y_0 \geq 0 \end{cases} \quad (2.9)$$

con  $a, b \in C([0, T])$ ,  $b \geq 0$ , entonces se cumple  $y(t) > 0 \forall t \in [0, T]$ .

**Observación 2.8.** Si  $b(t) < 0$ , puede ocurrir que  $y(t) < 0$  para algún  $t$ . Por ejemplo, para el siguiente problema:

$$\begin{cases} y'(t) = y(t) - 5 \\ y(0) = 1 \end{cases}$$

tiene solución  $y(t) = 5 - 4e^t$ , y entonces se tiene que  $y(t) < 0 \forall t > \ln(\frac{5}{4})$ .

Una vez enunciados los teoremas anteriores, volvemos a nuestro modelo para calcular su solución.

- $S(t) > 0 \forall t > 0$ , e  $I(t) > 0 \forall t \in [0, T]$ , suponiendo que  $S_0 > 0$ . Por (2.2) tenemos:

$$S'(t) = a(t)S(t)$$

siendo  $a(t) = -\beta I(t)$  función continua en  $[0, T]$ . Usando (Teorema 2.5) tenemos  $S(t) > 0 \forall t \in [0, T]$ .

- $I(t) > 0 \forall t \in [0, T]$ , suponiendo que  $I_0 > 0$ . Por (2.2), tenemos:

$$I'(t) = a(t)I(t)$$

siendo  $a(t) = \beta S(t) - \rho$  función continua en  $[0, T]$ . Usando (Teorema 2.5) tenemos  $I(t) > 0 \forall t \in [0, T]$ .

- $R(t) > 0, \forall t \in (0, T]$ , suponiendo que  $R_0 > 0$ . Observar que  $\frac{dR}{dt} = \rho I > 0$ , dado que  $\rho > 0$  por hipótesis, y acabamos de ver que  $I(t) > 0$ , esto implica que  $R(t) > 0 \forall t \in (0, T]$ .

Luego acabamos de probar que  $S(t), I(t), R(t) > 0 \forall t \in (0, T]$ . Y con ello acabamos de ver que las soluciones están acotadas en el intervalo  $[0, T]$ . De aquí se deduce que:

$$0 < S(t) < N \quad \forall t > 0 \quad (2.10)$$

$$0 < I(t) < N \quad \forall t > 0 \quad (2.11)$$

$$0 < R(t) < N \quad \forall t > 0 \quad (2.12)$$

Entonces por (2.10) y (2.11), y usando la primera ecuación del modelo SIR, tenemos que  $\frac{dS}{dt} \leq 0$ , es decir,  $S(t)$  es estrictamente decreciente (el número de individuos susceptibles disminuye siempre que haya infectados), con lo que tenemos:  $0 < S(t) < S_0 < N, \forall t > 0$ .

Si usamos (2.12) y la tercera ecuación del modelo SIR, tenemos que  $\frac{dR}{dt} > 0$ , esto es, los individuos recuperados aumentarán mientras siga existiendo población infectada, con lo que tenemos:  $0 < R_0 < R(t) < N \forall t > 0$ .

Por último, para  $I(t)$ , tenemos:

- $I'(t) > 0 \Leftrightarrow \beta S(t) - \rho > 0 \Leftrightarrow S(t) > \frac{\rho}{\beta}$ , es decir, el número de infectados aumentará con el paso del tiempo.
- $I'(t) < 0 \Leftrightarrow \beta S(t) - \rho < 0 \Leftrightarrow S(t) < \frac{\rho}{\beta}$ , es decir, el número de infectados disminuirá con el paso del tiempo.

Como estamos ante una epidemia no endémica (dado que el modelo SIR no contempla natalidad ni mortalidad), la enfermedad a la que se enfrenta la población acabará desapareciendo con el tiempo, esto es,  $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$ . A su vez, podemos observar que tiene que existir  $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty$  y  $\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty$ . Comenzamos demostrando que:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty$$

considerando  $S_\infty = \inf_{t \in [0, +\infty)} S(t)$ , cuyo ínfimo existe por estar  $S$  acotada inferiormente en  $[0, +\infty)$ . Usando la definición de ínfimo:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists \tilde{t} > 0 : S_\infty \leq S(\tilde{t}) \leq S_\infty + \varepsilon$$

Como hemos visto que  $S(t)$  es decreciente:

$$\forall t > \tilde{t}, S_\infty \leq S(t) \leq S(\tilde{t}) \leq S_\infty + \varepsilon \quad (2.13)$$

y restando  $S_\infty$ , obtenemos:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists \tilde{t} > 0 : 0 \leq |S(\tilde{t}) - S_\infty| \leq \varepsilon, \forall t > \tilde{t} \Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty$$

Veamos que:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty$$

Procedemos de igual forma que en el caso anterior. Usando la definición de ínfimo:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists \tilde{t} > 0 : R_\infty \leq R(\tilde{t}) \leq R_\infty + \varepsilon$$

Como hemos visto que  $R(t)$  es creciente:

$$\forall t > \tilde{t}, R_\infty \leq R(t) \leq R(\tilde{t}) \leq R_\infty + \varepsilon \quad (2.14)$$

y restando  $R_\infty$ , obtenemos:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists \tilde{t} > 0 : 0 \leq |R(\tilde{t}) - R_\infty| \leq \varepsilon, \forall t > \tilde{t} \Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty.$$

Finalmente, veamos que  $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$ .

Como  $I(t) = N - S(t) - R(t)$ , aplicando límites:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = \lim_{t \rightarrow \infty} N - S(t) - R(t) = N - S_\infty - R_\infty$$

Entonces,  $I_\infty = N - S_\infty - R_\infty$ . Luego,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0 \Leftrightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} R'(t) = 0$$

dado que  $R'(t) = \rho I(t)$ .

*Dem:* Procedemos por reducción al absurdo.

Supongamos que se cumple  $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I_\infty$ , con  $I_\infty \in (0, N]$ .

Entonces:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R'(t) = \lim_{t \rightarrow \infty} \rho I(t) = \rho I_\infty \Rightarrow \forall \varepsilon > 0, \exists \tilde{t} > 0 : |R(\tilde{t}) - \rho I_\infty| < \varepsilon \quad \forall t > \tilde{t}$$

Si ahora tomamos  $\varepsilon = \frac{\rho I_\infty}{2}$ :

$$-\frac{\rho I_\infty}{2} < R'(t) - \rho I_\infty < \frac{\rho I_\infty}{2} \quad \forall t > \tilde{t} \Rightarrow R'(t) > \frac{\rho I_\infty}{2} \quad \forall t > \tilde{t}$$

Integramos:

$$\forall t > \tilde{t} : R'(t) > \frac{\rho I_\infty}{2} t + M \rightarrow \infty, \text{ si } t \rightarrow \infty$$

lo que contradice que  $R(t)$  esté acotada, luego tenemos que  $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$  ■

Ahora bien, para ver la estabilidad del modelo en el punto  $(S_\infty, 0, 1 - S_\infty)$ , vamos a considerar la matriz descrita anteriormente en (2.6). Calculamos el polinomio característico de la matriz:

$$p(\lambda) = |J - \lambda I| = \begin{vmatrix} -\beta I - \lambda & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \rho - \lambda & 0 \\ 0 & \rho & -\lambda \end{vmatrix} = -\lambda \begin{vmatrix} -\beta I - \lambda & -\beta S \\ \beta I & \beta S - \rho - \lambda \end{vmatrix},$$

y evaluando en dicho punto, se tiene:

$$p(\lambda) = \lambda^2(\beta S_\infty - r - \lambda).$$

Para conocer los puntos de equilibrio, basta con igualar la ecuación anterior a 0, de forma que:

$$p(\lambda) = 0 \Leftrightarrow \lambda^2(\beta S_\infty - r - \lambda) = 0 \Leftrightarrow \begin{cases} \lambda = 0 \\ 0 \\ \lambda = \beta S_\infty - \rho \end{cases}$$

Entonces:

- Si  $\beta S_\infty - \rho < 0$ , tendremos un punto estable, esto es, el número de individuos infectados decrece conforme pasa el tiempo.
- Si  $\beta S_\infty - \rho > 0$ , tendremos punto inestable, esto es, irá aumentando el número de individuos infectados hasta que el valor propio  $\beta S_\infty - \rho > 0$  vuelva a ser negativo.

Luego tenemos un único punto estable,  $\beta S_\infty - \rho < 0$ . Una vez fijada esta condición, definimos el **ratio de reproducción de la enfermedad** y lo denotamos como  $R_0$ . Este parámetro va a depender del punto de equilibrio donde la población es libre de infección, en este caso será:  $\beta S_\infty - \rho < 0 \Leftrightarrow R_0 = \frac{\beta S}{\rho} < 1$ .

### 2.2.1. Ampliación del modelo SIR.

En esta sección, vamos a ampliar el modelo, y para ello vamos a considerar los nacimientos y las muertes en las poblaciones. A este modelo se le llama modelo SIR endémico. Planteamos el sistema de ecuaciones:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt}(t) &= B(t) - dS(t) - \beta S(t)I(t), \\ \frac{dI}{dt}(t) &= \beta S(t) I(t) - (\rho + d)I(t), \\ \frac{dR}{dt}(t) &= \rho I(t) - dR(t), \end{aligned} \tag{2.15}$$

con  $d > 0$  tasa de muerte natural o a causa de la enfermedad, y  $B(t) = dN$  tasa promedio de nacimientos. El esquema queda representado en la Figura 2.3:

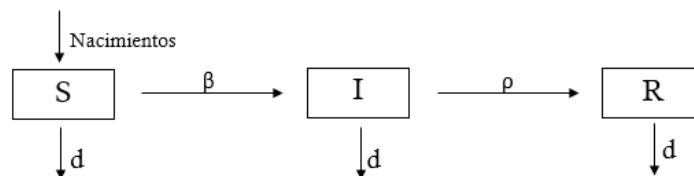


Figura 2.3: Modelo SIR ampliado.

Los puntos de equilibrio en este modelo se calculan de igual forma que en el modelo SIR básico. En este caso obtenemos 2 puntos de equilibrio, que son:

- La población es libre de enfermedad.

$$(S_\infty, I_\infty, R_\infty) = (N, 0, 0).$$

- La enfermedad persiste, denominado punto de equilibrio endémico. Para este punto hay que resolver el sistema de ecuaciones obtenido al igualar a 0 las ecuaciones que definen el modelo:

$$(S_{fin}, I_{fin}, R_{fin}) = \left( \frac{d + \rho}{\beta}, \frac{d(\beta N - \rho - d)}{\beta(d + \rho)}, \frac{\rho(\beta N - \rho - d)}{\beta(d + \rho)} \right),$$

donde N representa la población total.

Para ver la estabilidad de ambos puntos, procedemos calculando el polinomio característico y la matriz jacobiana, que es de la forma:

$$\begin{pmatrix} -\beta I - d & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \rho - d & 0 \\ 0 & \rho & -d \end{pmatrix}, \quad (2.16)$$

Sustituimos el primer punto en la matriz y tenemos que los valores propios son :  $\lambda_1 = -d$  y  $\lambda_2 = \beta N - \rho - d$ . Para considerar el punto estable, ambos deben ser  $< 0$ .

El primer valor propio lo cumple, ya que  $d > 0$ . Para el segundo caso, tenemos  $\beta N - \rho - d < 0 \Leftrightarrow R_0 = \frac{\beta N}{\rho + d} < 1$ . Para analizar este segundo caso, sustituimos la ecuación de  $R_0$  en dicho punto y luego en la matriz, obteniendo los siguientes valores propios:

$$\lambda_1 = -d,$$

$$\lambda_2 = \frac{-R_0 d}{2N} \pm \sqrt{\left(-\rho + d - \frac{d\rho R_0}{N} - \frac{-d^2 R_0}{N}\right) + \frac{R_0^2 d^2}{4}}$$

Luego el modelo será estable si la parte real de ambos valores propios es negativa.

## 2.3. Otros modelos importantes.

Como se ha comentado anteriormente, también trabajaremos con el modelo SEIR, que explicaremos en esta sección. Además de este modelo, existen otros más como son por ejemplo:

- SI: No contempla nacimientos ni muertes y la población susceptible se infecta y mueren por la enfermedad o de forma natural.
- SIS: Contempla nacimientos y muertes a lo largo del tiempo, existiendo así una renovación de los individuos susceptibles a la enfermedad.
- SIRS: Extensión del modelo SIR, pero ahora los individuos infectados pierden la inmunidad y pasan a ser susceptibles de nuevo.
- SEIS: Aparecen los individuos expuestos E, que se corresponde al periodo donde los individuos estan desarrollando la enfermedad pero no pueden contagiarla. Además los enfermos no obtendrán inmunidad, pues pasarán a ser susceptibles.

### 2.3.1. El modelo SEIR.

Este modelo es similar al SIR, pero añade una nueva clase de individuos, los denominados expuestos ( $E(t)$ ). Este modelo surge por la necesidad de intentar explicar aquellas enfermedades en las que un individuo susceptible tardaba un tiempo determinado en ser individuo infectado (el denominado periodo de incubación, donde además el individuo no puede transmitir la enfermedad).

Para este modelo consideraremos las siguientes hipótesis:

1. Este modelo representa la evolución de una enfermedad en una población de tamaño  $N$ , la cual se expresa como la suma de las 4 divisiones que tiene ahora la población:

$$N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t) \quad (2.17)$$

2. En este caso  $N$  no es constante, dado que estamos contemplando nacimientos y muertes.
3. Los individuos no nacen inmunizados, por lo que son de clase susceptible.
4. Los individuos adquieren la inmunidad, una vez superada la enfermedad. O en su defecto fallecen a causa de ella, o de forma natural.

5. Llamaremos  $\varepsilon$  a la tasa de incubación de la enfermedad.

El esquema del modelo se corresponde con la Figura 2.4 :

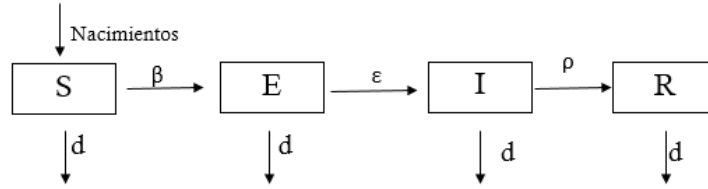


Figura 2.4: Esquema modelo SEIR.

De acuerdo con las hipótesis y el esquema, planteamos las ecuaciones del modelo:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt}(t) &= B(t) - dS(t) - \beta S(t)I(t), \\
 \frac{dE}{dt}(t) &= \beta S(t)I(t) - (\varepsilon + d)E(t), \\
 \frac{dI}{dt}(t) &= \varepsilon E(t) - (\rho + d)I(t), \\
 \frac{dR}{dt}(t) &= \rho I(t) - dR(t),
 \end{aligned}
 \tag{2.18}$$

siendo  $\varepsilon \geq 0$ , y  $B(t)$  la tasa promedio de nacimientos, con las siguientes condiciones iniciales:

$$\begin{cases}
 S(0) = S_0 > 0, \\
 E(0) = E_0 = 0, \\
 I(0) = I_0 > 0, \\
 R(0) = R_0 = 0.
 \end{cases}$$

Los puntos de equilibrio en este modelo se calculan de igual forma que en los modelos anteriores. Igual que en el SIR ampliado, aquí tenemos dos puntos de equilibrio, uno en el que la población es libre de la enfermedad, y otro en el que dicha enfermedad persiste, denominado punto de equilibrio endémico. El primer punto, sería:

$$(S_\infty, E_\infty, I_\infty, R_\infty) = (N, 0, 0, 0).$$

Para el segundo punto hay que resolver el sistema de ecuaciones obtenido al igualar a 0 las ecuaciones que definen el modelo:

$$\begin{aligned}
 S_{fin} &= \frac{(\varepsilon + d)(\rho + d)}{\beta \varepsilon}, \\
 E_{fin} &= \frac{-d[d(d + \rho) + \varepsilon(\rho - \beta N + d)]}{\beta \varepsilon(\varepsilon + d)}, \\
 I_{fin} &= \frac{-d[d(d + \rho) + \varepsilon(\rho - \beta N + d)]}{\beta(d + \rho)(\varepsilon + d)}, \\
 R_{fin} &= \frac{-d[d(d + \rho) + \varepsilon(\rho - \beta N + d)]}{\beta(d + \rho)(\varepsilon + d)}.
 \end{aligned}$$

Para ver la estabilidad de ambos puntos, procedemos como anteriormente, así conocemos la matriz jacobiana:

$$\begin{pmatrix} -\beta I - d & 0 & -\beta S & 0 \\ \beta I & -(\varepsilon + d) & \beta S & 0 \\ 0 & \varepsilon & -(\rho + d) & 0 \\ 0 & 0 & \rho & -d \end{pmatrix}. \quad (2.19)$$

Sustituimos el primer punto en la matriz y tenemos que los valores propios son:

$$\lambda_1 = -d, \\ \lambda_2 = \frac{1}{2} \left( -\varepsilon - \rho \pm \sqrt{\varepsilon^2 - 2\varepsilon\rho + \rho^2 + 4\beta} - 2d \right).$$

Tenemos que  $\lambda_1$  siempre será  $< 0$ , entonces la estabilidad la determina el segundo valor propio. Vamos a usar para ello la aproximación:  $\frac{\varepsilon}{d + \varepsilon} \approx 1$ , ya que la tasa de fallecimientos  $d$  es notablemente menor que el inverso del tiempo de incubación  $\varepsilon$ , es decir, podemos aproximar  $\frac{\varepsilon}{d} \approx 10000$ . Ahora definimos el ratio de reproducción:

$$R_0 = \frac{N\beta\varepsilon}{(d + \rho)(d + \varepsilon)}.$$

Así, el primer punto de equilibrio será estable si:  $R_0 < 1$ . Para la estabilidad del punto de equilibrio endémico, si sustituimos el punto en la jacobiana, obtenemos los valores:

$$\lambda_1 = -d, \\ \lambda_2 = -(\varepsilon + \rho), \\ \lambda_3 = \frac{-\rho d(\varepsilon + R_0) \pm \sqrt{(R_0 d(\varepsilon + \rho))^2 - 4\varepsilon\rho d(\varepsilon + \rho)(R_0 - 1)}}{2(\varepsilon + \rho)}.$$

Entonces, el punto de equilibrio endémico será estable si la parte real de los valores propios es  $< 0$ .

## 2.4. Modelos SIR y SEIR con movilidad de individuos.

En esta sección ampliamos el modelo SIR (con nacimientos y muertes) y el modelo SEIR de forma que vamos a pasar de considerar solo la variable tiempo a considerar a su vez la variable espacio. Con la introducción de esta nueva variable debemos tener en cuenta que la movilidad espacial de la enfermedad dependerá de unos coeficientes de difusión aleatorios para los individuos susceptibles, expuestos, infectados y recuperados,  $D_S$ ,  $D_E$ ,  $D_I$  y  $D_R$  respectivamente.

Para ambos modelos vamos a asumir que la posición espacial estará acotada y será unidimensional, es decir, en  $[0, L]$ ,  $L > 0$ . Así, las 4 clases de individuos pasarán a depender del espacio  $x$ , y del tiempo  $t$ .

El sistema expuesto anteriormente en (2.15), lo consideramos ahora de la siguiente forma:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt}(t, x) &= B(t, x) - dS(t, x) - \beta S(t, x)I(t, x) + D_S S_{xx}(t, x), \\ \frac{dI}{dt}(t, x) &= \beta S(t, x)I(t, x) - (\rho + d)I(t, x) + D_I I_{xx}(t, x), \\ \frac{dR}{dt}(t, x) &= \rho I(t, x) - dR(t, x) + D_R R_{xx}(t, x). \end{aligned} \quad (2.20)$$

con condiciones de tipo Neumann:

$$S_x(t, 0) = S_x(t, L) = I_x(t, 0) = I_x(t, L) = R_x(t, 0) = R_x(t, L) = 0,$$

y condiciones iniciales:

$$\begin{cases} S(0, x) = S_0 > 0, \\ I(0, x) = I_0 > 0, \\ R(0, x) = 0. \end{cases}$$

Por otro lado, para el modelo SEIR, el sistema de ecuaciones (2.18), en lo que resta será de la forma:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt}(t,x) &= B(t,x) - dS(t,x) - \beta S(t,x)I(t,x) + D_S S_{xx}(t,x), \\
 \frac{dE}{dt}(t,x) &= \beta S(t,x)I(t,x) - (\varepsilon + d)E(t,x) + D_E E_{xx}(t,x), \\
 \frac{dI}{dt}(t,x) &= \varepsilon E(t,x) - (\rho + d)I(t,x) + D_I I_{xx}(t,x), \\
 \frac{dR}{dt}(t,x) &= \rho I(t,x) - dR(t,x) + D_R R_{xx}(t,x).
 \end{aligned}
 \tag{2.21}$$

con condiciones de tipo Neumann:

$$S_x(t,0) = S_x(t,L) = E_x(t,0) = E_x(t,L) = I_x(t,0) = I_x(t,L) = R_x(t,0) = R_x(t,L) = 0$$

y condiciones iniciales:

$$\begin{cases}
 S(0,x) = S_0 > 0, \\
 E(0,x) = 0, \\
 I(0,x) = I_0 > 0, \\
 R(0,x) = 0.
 \end{cases}$$



## Capítulo 3

# Aproximación numérica de los modelos mediante el método de diferencias finitas

### 3.1. Método de diferencias finitas.

Para el desarrollo de este capítulo nos vamos a basar en los apuntes de clase, [7], y [8, pág. 81 y sig.].

Este capítulo trata sobre la aplicación y el estudio del método de diferencias finitas para aproximar ecuaciones en derivadas parciales que dependen del tiempo y del espacio.

El método de diferencias finitas es un método que permite la resolución aproximada de ecuaciones diferenciales en derivadas parciales definidas en un recinto finito. Para ello será necesario construir una malla lo suficientemente grande para discretizar el plano, y obtendremos la solución aproximada en los nodos de esta misma malla. Mediante este método resolveremos ecuaciones como las planteadas en el modelo SIR con nacimientos y muertes y el modelo SEIR.

Para ilustrar la aplicación del método, vamos a considerar la ecuación del calor, es decir:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial u}{\partial t} - \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} = f(x, t) \\ u(0, t) = 0, \quad u(1, t) = 0 \\ u(x, 0) = g(x), \quad 0 \leq x \leq 1 \end{array} \right.$$

En primer lugar vamos a considerar el siguiente mallado:

- Dado  $n \geq 1$ ,  $n \in \mathbb{N}$ , definimos el paso de discretización en espacio como  $h = \frac{1}{n+1}$ . Los nodos en la discretización espacial son dados por  $x_i = ih$ ,  $i = 0, 1, \dots, n+1$ .
- Dado  $m \geq 1$ ,  $m \in \mathbb{N}$ , definimos el paso de discretización en tiempo como  $k = \frac{T}{m+1}$ , y tomamos  $t_j = kj$ ,  $j = 0, 1, \dots, m+1$ .

Usamos el método de Euler implícito, es decir a partir de la solución conocida en el tiempo  $j$ , vamos a poder calcular la solución en el tiempo  $j + 1$ , como se observa en la Figura 3.1:

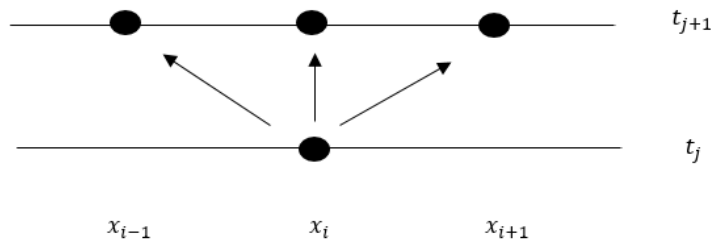


Figura 3.1: Representación esquemática del método de Euler implícito.

Vamos a denotar nuestra variable en espacio y tiempo como  $u_i^j \approx u(x_i, t_j)$ . Usaremos las fórmulas de aproximación de la derivada segunda:

$$u_{xx}(x_i, t_{j+1}) \approx \frac{u_{i-1}^{j+1} - 2u_i^{j+1} + u_{i+1}^{j+1}}{h^2},$$

y la aproximación de la derivada primera:

$$u_t(x_i, t_{j+1}) \approx \frac{u_i^{j+1} - u_i^j}{k}.$$

Luego tenemos el siguiente sistema a resolver:

$$\begin{cases} \frac{u_i^{j+1} - u_i^j}{k} - \frac{u_{i-1}^{j+1} - 2u_i^{j+1} + u_{i+1}^{j+1}}{h^2} = f(x_i, t_{j+1} + k) \\ u_i^0 = g(x_i), i = 1, 2, \dots, n \\ u_0^{j+1} = 0, u_n^{j+1} = 0, j \geq 0 \end{cases} \quad (3.1)$$

Para simplificar los cálculos, tomamos  $r = \frac{k}{h^2}$ , así:

$$-ru_{i-1}^{j+1} + (1 + 2r)u_i^{j+1} - ru_{i+1}^{j+1} = u_i^j + kf(x_i, t_{j+1} + k). \quad (3.2)$$

En forma matricial,  $Ax = b$  sería:

$$\begin{bmatrix} 1+2r & -r & 0 & \cdots & 0 \\ -r & 1+2r & -r & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \ddots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & -r & 1+2r & -r \\ 0 & 0 & 0 & -r & 1+2r \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1^{j+1} \\ u_2^{j+1} \\ \vdots \\ u_n^{j+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} u_1^j \\ u_2^j \\ \vdots \\ u_n^j \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} f(x_1, t_{j+1} + k) \\ f(x_2, t_{j+1} + k) \\ \vdots \\ f(x_n, t_{j+1} + k) \end{bmatrix}$$

### Consistencia

En esta sección vamos a ver la consistencia del método. En primer lugar, veamos el error que se comete al cambiar la solución numérica por la solución exacta.

$$\tau_i^{j+1} = \frac{u(x_i, t_j + k) - u(x_i, t_j)}{k} - \frac{u(x_i - h, t_j + k) - 2u(x_i, t_j + k) + u(x_i + h, t_j + k)}{h^2} - f(x_i, t_j + k)$$

y usando el desarrollo de Taylor en torno a  $(x_i, t_j + k)$ , se tiene:

$$= \frac{\partial u}{\partial t}(x_i, t_j + k) + O(k) - \frac{\partial^2 u}{\partial x^2}(x_i, t_j + k) + O(h^2) - f(x_i, t_j + k) = O(k) + O(h^2)$$

Así pues,  $|\tau_i^{j+1}| \leq c(k + h^2)$ . Por tanto, el método es consistente de orden 1 en tiempo y de orden 2 en espacio.

## Estabilidad

Consideramos:  $M^j = \max_{1 \leq i \leq n} |u_i^j|$ , y  $F^j = \max_{1 \leq i \leq n} |f(x_i, t_j)|$ , luego  $\exists i^*$  tal que  $M^{j+1} = su_{i^*}^{j+1}$ , siendo  $s = \pm 1$ , así pues  $su_{i^*}^{j+1} \leq su_{i^*+1}^{j+1}$ ,  $su_{i^*}^{j+1} \leq su_{i^*-1}^{j+1}$ . Ahora por (3.2),

$$-sru_{i^*-1}^{j+1} + s(1 + 2r)u_{i^*}^{j+1} - sru_{i^*+1}^{j+1} = su_{i^*}^j + skf(x_i, t_j + k)$$

Luego:

$$\begin{aligned} M^{j+1} = su_{i^*}^{j+1} &= su_{i^*}^j + skf(x_{i^*}, t_j + k) + rs(u_{i^*-1}^{j+1} - u_{i^*+1}^{j+1} - 2u_{i^*}^{j+1}) \leq \\ &su_{i^*}^j + skf(x_{i^*}, t_j + k) \leq M^j + kF^{j+1} \end{aligned}$$

Así,  $M^{j+1} \leq M^j + kF^{j+1}$

$$\text{Notar que } \begin{cases} M^1 \leq M^0 + kF^1 \\ M^2 \leq M^1 + kF^2 \leq M^0 + kF^0 + kF^1 \\ \vdots \end{cases}$$

Se sigue:

$$M^j \leq M^0 + k \sum_{l=0}^{j-1} F^l \leq M^0 + k \sum_{l=0}^m F^l$$

Luego:

$$\max_{0 \leq j \leq n+1} M^j \leq M^0 + k \sum_{l=0}^m \|F\|_{\infty} = M^0 + k(m+1)\|F\|_{\infty} = M^0 + T\|F\|_{\infty}, \text{ con } T \text{ constante.}$$

Finalmente, se tiene:  $\|u\|_{\infty} \leq \|u^0\|_{\infty} + T\|F\|_{\infty}$ , es decir, la estabilidad es incondicional, y se obtiene para cualquier valor de  $h$  y  $k$ .

### 3.1.1. Técnica del nodo fantasma.

En los dos modelos en los que aplicaremos diferencias finitas no se conocen los valores de los nodos de los extremos, y para el cálculo usual de los mismos se emplean el de la izquierda y el de la derecha aplicando la fórmula de la diferencia central,  $u'(x_j) = \frac{u(x_j + h) - u(x_j - h)}{2h}$ . Al ser nodos de las esquinas de nuestro mallado con  $i = 0, 1, \dots, n+1$ , vamos a necesitar añadir dos nodos ficticios,  $u_{-1}$  y  $u_{n+2}$ . Así, tomando en el sistema (3.1),  $u_{i+1} = u_{i-1}$  con  $i = 0$ , se tiene que  $u_1 = u_{-1}$ . Lo mismo ocurre con  $i = n+1$ . A esta técnica se le conoce como técnica del nodo fantasma.

### 3.1.2. Método IMEX.

El método IMEX es aquel que combina el método explícito y método implícito.

- Método explícito: Estado del sistema en un momento posterior a partir del estado del sistema en el momento actual.
- Método implícito: Encuentra una solución resolviendo una ecuación que involucra el estado actual del sistema y el posterior.

Supongamos el sistema semidiscreto siguiente:

$$w'(t) = F(t, w(t)) = F_0(t, w(t)) + F_1(t, w(t)) \quad (3.3)$$

donde  $F_0$  es un término adecuado para la integración temporal explícito, y  $F_1$  requiere un tratamiento implícito. Consideramos el siguiente método simple:

$$w_{n+1} = w_n + \tau F_0(t_n, w_n) + (1 - \theta)\tau F_1(t_n, w_n) + \theta F_1(t_{n+1}, w_{n+1}) \quad (3.4)$$

siendo  $\tau$  el error de truncamiento local y  $\theta \geq \frac{1}{2}$ . Esta ecuación es la que se conoce como método  $\theta$ -IMEX.

**Consistencia y estabilidad del método:**

Para el cálculo de la consistencia del método, primero vamos a usar el error de truncación definido anteriormente, e introducimos la solución exacta de (3.3) en la ecuación que define el método  $\theta$ -IMEX, (3.4).

$$\begin{aligned} e_n &= \frac{w(t_{n+1}) - w(t_n)}{\tau} - F_0(t_n, w(t_n)) - (1 - \theta)F_1(t_n, w(t_n)) - \theta F_1(t_n, w(t_{n+1})) \\ &= \frac{w(t_{n+1}) - w(t_n)}{\tau} - F(t_n, w(t_n)) + \theta F_1(t_n, w(t_n)) - \theta F_1(t_n, w(t_{n+1})) \\ &= \frac{w(t_{n+1}) - w(t_n)}{\tau} - F(t_n, w(t_n)) + \theta F(t_n, w(t_n)) - \theta F_0(t_n, w(t_n)) - \theta F(t_{n+1}, w(t_{n+1})) + \theta F_0(t_{n+1}, w(t_{n+1})) \\ &= \frac{w(t_{n+1}) - w(t_n)}{\tau} - (1 - \theta)F(t_n, w(t_n)) - \theta F(t_{n+1}, w(t_{n+1})) + \theta(\varphi(t_{n+1}) - \varphi(t_n)) \\ &= -w'(t_n) + \frac{\tau}{2}w''(t_n) - (1 - \theta)w'(t_n) - \theta w'(t_{n+1}) + \theta\tau\varphi'(t_n) + O(\tau^2) \\ &= \left(\frac{1}{2} - \theta\right)\tau w''(t_n) + \theta\tau\varphi'(t_n) + O(\tau^2), \end{aligned}$$

siendo  $\varphi(t) = F_0(t, w(t))$ . Ahora bien, si aplicamos la definición de consistencia dada anteriormente, se tiene que el esquema tiene orden 1 si  $\theta \geq \frac{1}{2}$  y para  $\theta = \frac{1}{2}$  al método se le conoce como método de Crank Nicolson.

Consideramos la ecuación escalar compleja siguiente:

$$w'(t) = \lambda_0 w(t) + \lambda_1 w(t) \quad (3.5)$$

y tomamos  $z_j = \tau\lambda_j$ ,  $j = 0, 1$ . En aplicaciones con ecuaciones en derivadas parciales, se considera que  $\lambda_j$  representa los valores propios de las dos componentes  $F_0$  y  $F_1$ , encontrados mediante la inserción de nodos de Fourier.

Para el método IMEX no siempre es cierto que al ver que  $|1 + z_i| \leq 1$ , y  $Re(z_1) \leq 0$  para el método implícito y explícito respectivamente, obtengamos estabilidad en el sistema.

Aplicamos de nuevo el sistema de diferencias finitas (3.4) a la ecuación (3.5), y se tiene:

$$w_{n+1} = w_n + \tau\lambda_0 w_n + (1 - \theta)\tau\lambda_1 w_n + \theta\tau\lambda_1 w_{n+1} \Rightarrow w_{n+1} = \frac{1 + \tau\lambda_0 + (1 - \theta)\tau\lambda_1}{1 - \theta\tau\lambda_1} w_n$$

Sustituyendo  $z_j = \tau\lambda_j$ ,  $j = 0, 1$ , se tiene:  $w_{n+1} = R w_n$ , con  $R = R(z_0, z_1)$ . Así:

$$R = \frac{1 + z_0 + (1 - \theta)z_1}{1 - \theta z_1} \quad (3.6)$$

Por lo que para la estabilidad, basta ver que  $|R| \leq 1$ .

Consideramos el conjunto:

$$D_i = \{z_j \in \mathbb{C} : \text{IMEX estable } \forall z_j \in \mathbb{C}^-, j = 0, 1\} \quad (3.7)$$

Ahora veamos  $|R| \leq 1$ , esto es:

$$\frac{1 + z_0 + (1 - \theta)z_1}{1 - \theta z_1} \leq 1 \Leftrightarrow |1 + z_0 + (1 - \theta)z_1| \leq |1 - \theta z_1|$$

Sea  $z_1 = it$ ,  $t \in \mathbb{R}$ ,  $z_0 = x_0 + iy_0$  y sustituyéndolos en la fórmula anterior, tal que:

$$|1 + x_0 + (1 - \theta)it + iy_0| \leq |1 - \theta it| \Leftrightarrow (1 + x_0)^2 + ((1 - \theta)t + y_0)^2 \leq 1 + \theta^2 t^2 \Leftrightarrow$$

$$1 + x_0^2 + 2x_0 + (1 - \theta)^2 t^2 + y_0^2 + 2(1 - \theta)ty_0 \leq 1 + \theta^2 t^2 \Leftrightarrow$$

$$(2\theta - 1)t^2 + 2(\theta - 1)ty_0 - (x_0^2 + 2x_0 + y_0^2) \geq 0, \forall \theta > \frac{1}{2}.$$

Notar que el término que acompaña a  $t^2$  es positivo, entonces el discriminante tiene que ser  $\leq 0$ , para que se verifique la condición de estabilidad.

$$4(\theta - 1)^2 y_0^2 + 4(2\theta - 1)(x_0^2 + 2x_0 + y_0^2) \leq 0 \Leftrightarrow$$

$$4(\theta^2 - 2\theta + 1)y_0^2 + (8\theta - 4)(x_0^2 + 2x_0 + y_0^2) \leq 0 \Leftrightarrow$$

$$4\theta^2 y_0^2 + 8\theta x_0^2 - 4x_0^2 + 16\theta x_0 - 8x_0 \leq 0 \Leftrightarrow$$

$$\theta^2 y_0^2 - (x_0 + 1)^2 + 1 + 2\theta(x_0 + 1)^2 - 2\theta \leq 0 \Leftrightarrow$$

$$\theta^2 y_0^2 + (2\theta - 1)(x_0 + 1)^2 \leq 2\theta - 1$$

Luego se obtiene estabilidad en el sistema con  $\theta = 1$ , y conforme  $\theta$  disminuye, la estabilidad desaparece. Representamos gráficamente la estabilidad:

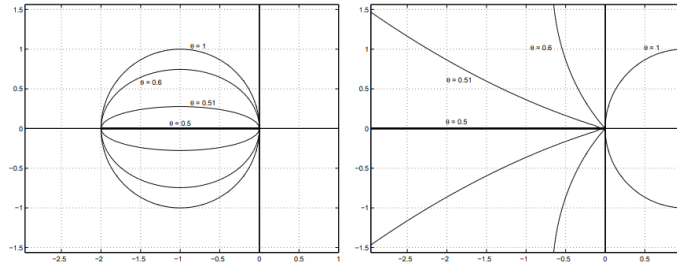


Figura 3.2: Representación de la estabilidad en  $\theta = 1$  y  $\theta < 1$ .

### 3.1.3. Aplicación de diferencias finitas al modelo SIR con nacimientos y muertes y al modelo SEIR.

#### Primera aplicación: SIR.

Una vez replanteado el modelo (2.20), vamos a aplicar diferencias finitas. Observar que ahora estamos considerando el espacio y el tiempo, luego vamos a necesitar un paso de discretización para cada componente.

Sea  $\{x_{k,h} = (jk, ih), j = 0, 1, \dots, m + 1, i = 0, 1, \dots, n + 1\}$ , con paso de malla  $k = \frac{1}{m + 1}$  y  $h = \frac{1}{n + 1}$ .

Para aplicar el método de diferencias finitas vamos a tomar cada clase de individuos por separado.

Sea

$$\begin{cases} S_i(t, x) = B(t, x) - dS(t, x) - \beta S(t, x)I(t, x) + D_S S_{xx}(t, x), & x \in (0, L), t > 0 \\ S_x(t, 0) = S_x(t, L) = 0, & t \geq 0 \end{cases} \quad (3.8)$$

Aplicamos las aproximaciones de las derivadas y así:

$$-D_S \frac{S_{i+1}^{j+1} - 2S_i^{j+1} + S_{i-1}^{j+1}}{h^2} + \frac{S_i^{j+1} - S_i^j}{k} + dS_i^{j+1} = B(t, x) - \beta S_i^j I_i^j \Leftrightarrow$$

$$-D_S \frac{k}{h^2} S_{i+1}^{j+1} + (1 + 2D_S \frac{k}{h^2} + dk) S_i^{j+1} - D_S \frac{k}{h^2} S_{i-1}^{j+1} = B(t, x)k + S_i^j - \beta k S_i^j I_i^j$$

Para las condiciones de contorno, usamos la técnica del nodo fantasma.

$$S_x(t, 0) = 0 \Rightarrow \frac{S_1 - S_{-1}}{2h} = 0 \Rightarrow S_1 = S_{-1} \Rightarrow -2D_S \frac{k}{h^2} S_1^{j+1} + (1 + 2D_S \frac{k}{h^2} + dk) S_0^{j+1} = Bk + S_0^j - \beta k S_0^j I_0^j$$



Por último, para los individuos recuperados:

Sea

$$\begin{cases} R_t(t, x) = \rho I(t, x) - dR(t, x) + D_R I_{xx}(t, x), & x \in (0, L), t > 0 \\ R_x(t, 0) = R_x(t, L) = 0, & t \geq 0 \end{cases} \quad (3.10)$$

Aplicamos la aproximación de la derivada segunda a la ecuación del problema y diferencia central y así:

$$\begin{aligned} -D_R \frac{R_{i+1}^{j+1} - 2R_i^{j+1} + R_{i-1}^{j+1}}{h^2} + \frac{R_i^{j+1} - R_i^j}{k} + dI_i^{j+1} &= \rho I_i^j \Leftrightarrow \\ -D_R \frac{k}{h^2} I_{i+1}^{j+1} + (1 + 2D_R \frac{k}{h^2} + dk)R_i^{j+1} - D_R \frac{k}{h^2} R_{i-1}^{j+1} &= R_i^j + \rho k I_i^j \end{aligned}$$

Para las condiciones iniciales, usamos la técnica del nodo fantasma.

$$R_x(t, 0) = 0 \Rightarrow \frac{R_1 - R_{-1}}{2h} = 0 \Rightarrow R_1 = R_{-1} \Rightarrow -2D_R \frac{k}{h^2} R_1^{j+1} + (1 + 2D_R \frac{k}{h^2} + dk)R_0^{j+1} = R_0^j + \rho k I_0^j$$

$$R_x(t, L) = 0 \Rightarrow \frac{R_{n+2} - R_n}{2h} = 0 \Rightarrow R_n = R_{n+2} \Rightarrow -2D_R \frac{k}{h^2} R_n^{j+1} + (1 + 2D_R \frac{k}{h^2} + dk)R_{n+1}^{j+1} = R_{n+1}^j + \rho k I_{n+1}^j$$

El sistema matricial resultante sería:

$$\begin{pmatrix} (1 + 2D_R \frac{k}{h^2} + dk) & -2D_R \frac{k}{h^2} & & & & & \\ -D_R \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_R \frac{k}{h^2} + dk) & -D_R \frac{k}{h^2} & & & & \\ & & \ddots & \ddots & \ddots & & \\ & & & -D_R \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_R \frac{k}{h^2} + dk) & -D_R \frac{k}{h^2} & \\ & & & & -2D_R \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_R \frac{k}{h^2} + dk) & \end{pmatrix} \begin{bmatrix} R_0^{j+1} \\ R_1^{j+1} \\ \vdots \\ R_n^{j+1} \\ R_{n+1}^{j+1} \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} R_0^j + \rho k I_0^j \\ R_1^j + \rho k I_1^j \\ \vdots \\ R_n^j + \rho k I_n^j \\ R_{n+1}^j + \rho k I_{n+1}^j \end{pmatrix}$$

Implementamos las ecuaciones en un programa de Matlab (adjuntado en A.0.1), para simular numéricamente como varía el modelo a lo largo del tiempo. Vamos a considerar una función continua que represente los individuos susceptibles y no contemplaremos nacimientos. Vamos a considerar la tasa de muerte  $d = 0,01$ , los coeficientes de difusión  $D_S = D_I = D_E = 0,01$ , el ratio de recuperación  $\rho = 0,03$ , y la tasa de transmisión  $\beta = 0,03$ . Conforme avanzan los días, podemos observar como van cambiando las gráficas:

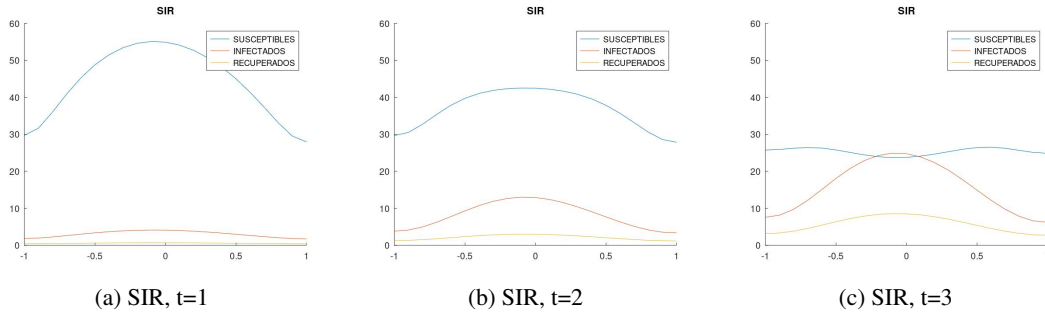


Figura 3.3: Avance de la enfermedad en los primeros días.

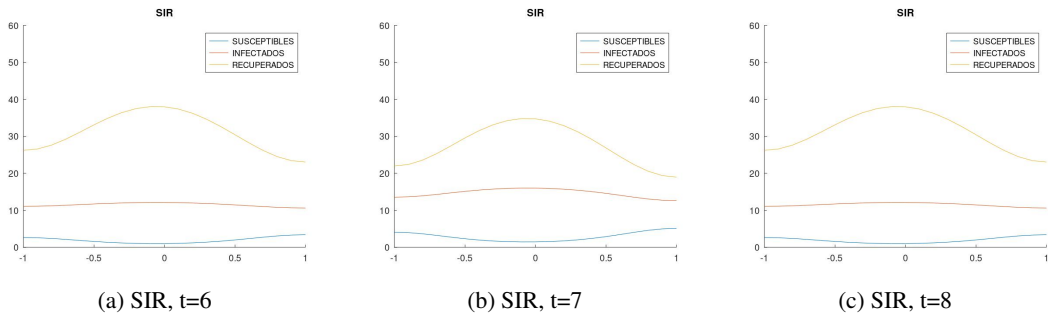


Figura 3.4: Avance de la enfermedad en los últimos días.

Cabe destacar que en el tercer día, el número de infectados ya supera el número de susceptibles en algún punto de la población. Esto implica que en cuestión de los días siguientes la población se acabe infectando por completo, como se observa en las tres últimas gráficas. Notar que el número de infectados va disminuyendo a la vez que lo hacen también los susceptibles, y esto hace que el número de recuperados aumente.

### Segunda aplicación: SEIR.

Las ecuaciones correspondientes a los individuos susceptibles y los recuperados tienen la misma forma matricial que las calculadas en el modelo SIR, por tanto, solo tenemos que calcular el caso de expuestos e infectados. Para los expuestos: Sea

$$\begin{cases} E_t(t, x) = \beta S(t, x)I(t, x) - (\varepsilon + d)E(t, x) + D_E E_{xx}(t, x), & x \in (0, L), t > 0 \\ E_x(t, 0) = E_x(t, L) = 0, & t \geq 0 \end{cases} \quad (3.11)$$

Aplicamos las fórmulas de aproximaciones, y así:

$$\begin{aligned} -D_E \frac{E_{i+1}^{j+1} - 2E_i^{j+1} + E_{i-1}^{j+1}}{h^2} + \frac{E_i^{j+1} - E_i^j}{k} + (\varepsilon + d)E_i^{j+1} &= \beta S_i^j I_i^j + \Leftrightarrow \\ -D_E \frac{k}{h^2} E_{i+1}^{j+1} + (1 + 2D_E \frac{k}{h^2} + k(d + \varepsilon))E_i^{j+1} - D_E \frac{k}{h^2} E_{i-1}^{j+1} &= E_i^j + \beta k S_i^j I_i^j \end{aligned}$$

Para las condiciones de contorno, usamos la técnica del nodo fantasma.

$$E_x(t, 0) = 0 \Rightarrow \frac{E_1 - E_{-1}}{2h} = 0 \Rightarrow E_1 = E_{-1} \Rightarrow -2D_E \frac{k}{h^2} E_1^{j+1} + (1 + 2D_E \frac{k}{h^2} + (d + \varepsilon)k)E_0^{j+1} = E_0^j + \beta k S_0^j I_0^j$$

$$E_x(t, L) = 0 \Rightarrow \frac{E_{n+2} - E_n}{2h} = 0 \Rightarrow E_{n+2} = E_n \Rightarrow -2D_E \frac{k}{h^2} E_n^{j+1} + (1 + 2D_E \frac{k}{h^2} + (d + \varepsilon)k)E_{n+1}^{j+1} = E_{n+1}^j + \beta k S_{n+1}^j I_{n+1}^j$$

El sistema matricial resultante sería:

$$\left( \begin{array}{ccccccc} (1 + 2D_E \frac{k}{h^2} + k(d + \varepsilon)) & -2D_E \frac{k}{h^2} & & & & & \\ -D_E \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_E \frac{k}{h^2} + k(d + \varepsilon)) & -D_E \frac{k}{h^2} & & & & \\ & & \ddots & \ddots & \ddots & & \\ & & & -D_E \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_E \frac{k}{h^2} + k(d + \varepsilon)) & -D_E \frac{k}{h^2} & \\ & & & & -2D_E \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_E \frac{k}{h^2} + k(d + \varepsilon)) & \\ & & & & & & -D_E \frac{k}{h^2} \\ & & & & & & (1 + 2D_E \frac{k}{h^2} + k(d + \varepsilon)) \end{array} \right)$$

Con vector independiente:

$$\left( \begin{array}{c} E_0^j + \beta k S_0^j I_0^j \\ E_1^j + \beta k S_1^j I_1^j \\ \vdots \\ E_n^j + \beta k S_n^j I_n^j \\ E_{n+1}^j + \beta k S_{n+1}^j I_{n+1}^j \end{array} \right)$$

Ahora veamos que pasa con los infectados en el modelo SEIR:

Sea

$$\begin{cases} I_t(t, x) = \varepsilon E(t, x) - (\rho + d)I(t, x) + D_I I_{xx}(t, x), & x \in (0, L), t > 0 \\ I_x(t, 0) = I_x(t, L) = 0, & t \geq 0 \end{cases} \quad (3.12)$$

Aplicamos las fórmulas de aproximaciones, y así:

$$\begin{aligned} -D_I \frac{I_{i+1}^{j+1} - 2I_i^{j+1} + I_{i-1}^{j+1}}{h^2} + \frac{I_i^{j+1} - I_i^j}{k} + (\rho + d)I_i^{j+1} &= \varepsilon E_i^j \Leftrightarrow \\ -D_I \frac{k}{h^2} I_{i+1}^{j+1} + (1 + 2D_I \frac{k}{h^2} + k(d + \rho))I_i^{j+1} - D_I \frac{k}{h^2} I_{i-1}^{j+1} &= \varepsilon E_i^j + I_i^j \end{aligned}$$

Para las condiciones iniciales, usamos la técnica del nodo fantasma.

$$I_x(t, 0) = 0 \Rightarrow \frac{I_1 - I_{-1}}{2h} = 0 \Rightarrow I_1 = I_{-1} \Rightarrow -2D_I \frac{k}{h^2} I_0^{j+1} + (1 + 2D_I \frac{k}{h^2} + k(d + \rho))I_0^{j+1} = \varepsilon E_0^j + I_0^j$$

$$I_x(t, L) = 0 \Rightarrow \frac{I_{n+2} - I_n}{2h} = 0 \Rightarrow I_{n+2} = I_n \Rightarrow -2D_I \frac{k}{h^2} I_n^{j+1} + (1 + 2D_I \frac{k}{h^2} + k(d + \rho))I_n^{j+1} = \varepsilon E_n^j + I_n^j$$

El sistema matricial resultante es:

$$\left( \begin{array}{ccccccc} (1 + 2D_I \frac{k}{h^2} + k(d + \rho)) & -2D_I \frac{k}{h^2} & & & & & \\ -D_I \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_I \frac{k}{h^2} + k(d + \rho)) & -D_I \frac{k}{h^2} & & & & \\ & & \ddots & \ddots & \ddots & & \\ & & & -D_I \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_I \frac{k}{h^2} + k(d + \rho)) & -D_I \frac{k}{h^2} & \\ & & & & -2D_I \frac{k}{h^2} & (1 + 2D_I \frac{k}{h^2} + k(d + \rho)) & \\ & & & & & & -D_I \frac{k}{h^2} \\ & & & & & & (1 + 2D_I \frac{k}{h^2} + k(d + \rho)) \end{array} \right)$$

Con vector independiente:

$$\left( \begin{array}{c} I_0^j + \varepsilon E_0^j \\ I_1^j + \varepsilon E_1^j \\ \vdots \\ I_n^j + \varepsilon E_n^j \\ I_{n+1}^j + \varepsilon E_{n+1}^j \end{array} \right)$$

Implementamos de nuevo las ecuaciones en un programa de Matlab (adjuntado en A.0.2), para simular numericamente como varía el modelo a lo largo del tiempo. Vamos a considerar una función continua que represente los individuos susceptibles y no contemplamos nacimientos. Vamos a considerar la tasa de muerte  $d = 0,01$ , los coeficientes de difusión  $D_S = D_I = D_E = 0,01$ , el ratio de recuperación  $\rho = 0,03$ , y la tasa de transmisión  $\beta = 0,03$ . Ahora añadimos la tasa de exposición  $\varepsilon = 0,01$ . Conforme avanzan los días, podemos observar que apenas cambian las gráficas, pero sí se nota una cierta disminución de la población:

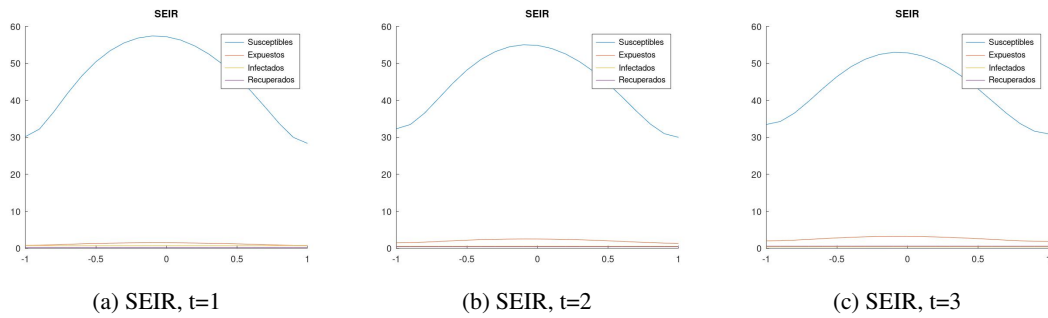


Figura 3.5: Avance de la enfermedad en los primeros días.

Para los siguientes días, la población susceptible sigue disminuyendo y se nota un cierto aumento de individuos infectados y expuestos, hasta que desaparece la enfermedad.

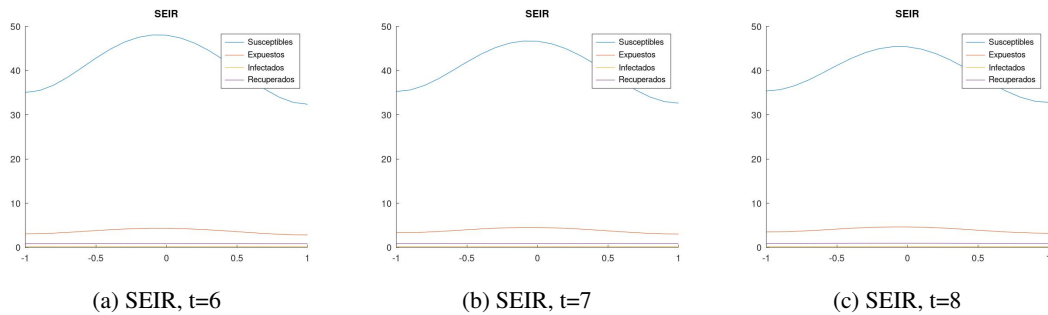


Figura 3.6: Avance de la enfermedad en los últimos días.

## Capítulo 4

# Ejemplo de aplicación a un caso real

La información utilizada en este capítulo está sacada de [9] y [10, pág. 27 y sig.].

En este capítulo vamos a ver como el modelo SIR planteado anteriormente sirve para aproximarse a un caso real de epidemia de gripe en un internado en Inglaterra. Los hechos sucedieron en enero de 1978, cuando se produjo un brote de gripe. Dicho brote comenzó con un estudiante que presentó fiebre del 15 al 18 de enero. En el internado residían 763 jóvenes de los cuales se infectaron un total de 512. De los 130 adultos que tuvieron contacto con los jóvenes, solo uno presentó síntomas. El brote duro aproximadamente 14 días, y el tiempo medio de presencia de la enfermedad en el cuerpo fue de 2 días, por lo que vamos a considerar  $\rho = 0,5$ . Se prohibió la entrada y salida del internado a todos los individuos, luego la población se mantuvo constante esos días, entonces podemos aplicar el modelo SIR planteado en (2.2). Al comienzo del brote el número de infectados es pequeño, entonces podemos tomar:

$$I'(0) \approx \beta S(0)I(0) \Rightarrow \beta \approx \frac{I'(0)}{S(0)I(0)}, \text{ con } S(0) = 763, I(0) = 1.$$

Aproximamos:

$$I'(0) \approx \frac{I(1) - I(0)}{1} = 2 \Rightarrow \beta \approx \frac{2}{762}.$$

Usando el programa planteado en Matlab (A.0.3), tenemos:

Día	Número de infectados	Aproximación modelo SIR
1	3	2.6154
2	8	6.8243
3	28	17.698
4	75	45.171
5	221	110.57
6	291	242.59
7	255	400.92
8	235	335.13
9	190	137.96
10	125	63.311
11	70	29.119
12	28	13.401
13	12	6.1689
14	5	2.8400

En la tabla se puede observar como el modelo SIR planteado se aproxima para poder predecir un brote como el ocurrido en el internado Inglés.

Ahora, vamos a ampliar nuestro ejemplo suponiendo que existe movilidad entre los individuos. Vamos a ajustar el modelo planteado en (2.20). Para ello hemos realizado unos cambios en el programa de Matlab de SIR (como puede verse en A.0.4), de forma que con los mismos datos del ejemplo, pero modificando la población inicial, los infectados en el instante inicial y el parámetro  $\beta = 0,03$  (dado que al haber movilidad de individuos, la tasa de infección aumentará), obtenemos la siguiente predicción para diferentes tiempos:

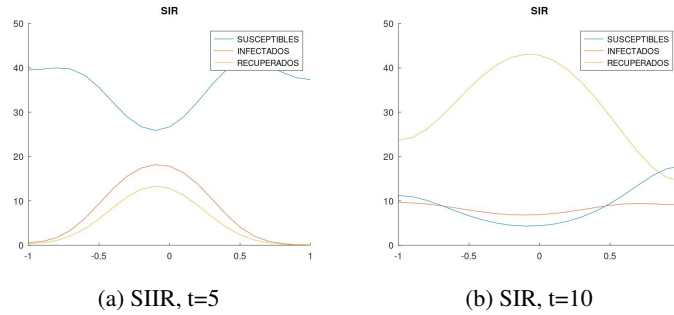


Figura 4.1: Avance de la enfermedad en los primeros días.

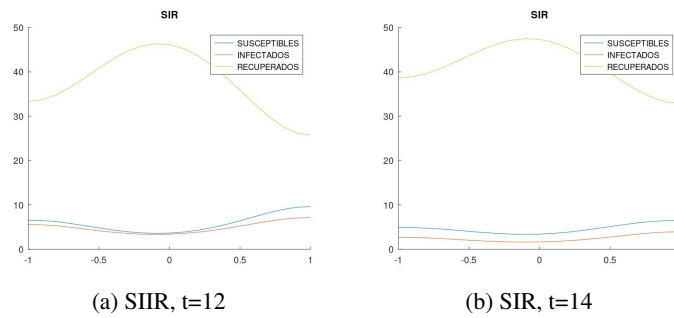


Figura 4.2: Avance de la enfermedad en los últimos días.

Si hacemos una comparación como antes, con los nuevos parámetros, sería así:

Día	Número de infectados	Aproximación modelo SIR
1	3	3.5872
2	8	12.030
3	28	35.959
4	75	87.749
5	221	159.24
6	291	215.58
7	255	238.80
8	235	234.50
9	190	210.86
10	125	175.64
11	70	137.30
12	28	102.43
13	12	74.047
14	5	52.434

Destacar que esta tabla no es comparativa al ejemplo real, dado que para la simulación en dos variables hemos tenido que escoger datos que creíamos correctos para poder predecir que pasaría en el internado si hubiese movilidad entre los individuos.

## Anexos A

# Programación numérica en Matlab

### A.0.1. El modelo SIR.

```
function SIR1

% SIR(a,b,tfinal,n,m)
%(a,b) intervalo donde sucede el problema
%(0,tfinal) intervalo de tiempo
%n numero de divisiones del intervalo en espacio
%m numero de divisiones del intervalo en tiempo

%CONDICIONES DE LA MALLA
a=-1;
b=1;
n=20;
h=(b-a)/n;
tinicial=0;
tfinal=10;
m=5000;
k=(tfinal-tinicial)/m;
r=k/h^2;
x=a:h:b;
t=tinicial:k:tfinal;

%CONDICIONES INICIALES DEL PROBLEMA
PopInicial=(x.^3)-6*(x.^2)-x+10;
S=sum(PopInicial);
PopInicial=1000/S*PopInicial;
iold=ones(n+1,1);
sold=PopInicial'-iold;
rold=zeros(n+1,1);

%COEFICIENTES
na=0; %tasa de nacimientos
d=0.01; %tasa muerte
ds=0.01; %coeficiente de susceptibles
di=0.01; %coeficiente de infectados
dr=0.01; %coeficiente de recuperados
auxs=ds*r;
auxi=di*r;
```

```

auxr=dr*r;
recu=0.3; %tasa de recuperación
beta=0.03; %velocidad de transmisión

%MATRIZ Y VECTOR SOLUCIÓN PARA CADA ECUACIÓN
matrizs=sparse(n+1,n+1);
bs=zeros(n+1,1);
matrizi=sparse(n+1,n+1);
bi=zeros(n+1,1);
matrizr=sparse(n+1,n+1);
br=zeros(n+1,1);

%MATRIZ SUSCEPTIBLES
for i=2:n
matrizs(i,i)=1+2*auxs+d*k;
matrizs(i,i-1)=-auxs;
matrizs(i,i+1)=-auxs;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizs(1,1)=1+2*auxs+d*k;
matrizs(1,2)=-2*auxs;
matrizs(n+1,n)=-2*auxs;
matrizs(n+1,n+1)=1+2*auxs+d*k;

%MATRIZ INFECTADOS
for i=2:n
matrizi(i,i)=1+2*auxi+k*(d+recu);
matrizi(i,i-1)=-auxi;
matrizi(i,i+1)=-auxi;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizi(1,1)=1+2*auxi+k*(d+recu);
matrizi(1,2)=-2*auxi;
matrizi(n+1,n)=-2*auxi;
matrizi(n+1,n+1)=1+2*auxi+k*(d+recu);

%MATRIZ RECUPERADOS
for i=2:n
matrizr(i,i)=1+2*auxr+d*k;
matrizr(i,i-1)=-auxr;
matrizr(i,i+1)=-auxr;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizr(1,1)=1+2*auxr+d*k;
matrizr(1,2)=-2*auxr;
matrizr(n+1,n)=-2*auxr;
matrizr(n+1,n+1)=1+2*auxr+d*k;

%SOLUCIÓN EN CADA TIEMPO
for j=1:m+1

```

```

bs(1:n+1)=na*k-beta*k*sold(1:n+1).*iold(1:n+1)+sold(1:n+1);
sold=matrizs(1:n+1,1:n+1)\bs(1:n+1);
bi(1:n+1)=beta*k*sold(1:n+1).*iold(1:n+1)+iold(1:n+1);
iold=matrizi(1:n+1,1:n+1)\bi(1:n+1);
br(1:n+1)=recu*k*iold(1:n+1)+rold(1:n+1);
rold=matrizr(1:n+1,1:n+1)\br(1:n+1);
if(k*j==8)
hold on
title ('SIR')
plot(x,sold,x,iold,x,rold);
ylim([0,60])
legend('SUSCEPTIBLES', 'INFECTADOS', 'RECUPERADOS')
hold off
end
end

```

### A.0.2. El modelo SEIR.

```

function SEIR1
% SEIR(a,b,tfinal,n,m)
%(a,b) intervalo donde sucede el problema
%(0,tfinal) intervalo de tiempo
%n numero de divisiones del intervalo en espacio
%m numero de divisiones del intervalo en tiempo

%CONDICIONES DE LA MALLA
a=-1;
b=1;
n=20;
h=(b-a)/n;
tinicial=0;
tfinal=10;
m=5000;
k=(tfinal-tinicial)/m;
r=k/h^2;
x=a:h:b;
t=tinicial:k:tfinal;

%CONDICIONES INICIALES DEL PROBLEMA
PopInicial=(x.^3)-6*(x.^2)-x+10;
S=sum(PopInicial);
PopInicial=1000/S*PopInicial;
iold=ones(n+1,1);
sold=PopInicial'-iold;
eold=zeros(n+1,1);
rold=zeros(n+1,1);

%COEFICIENTES
na=0; %tasa de nacimientos
d=0.01; %tasa de muerte
ds=0.01; %coeficiente de susceptibles

```

```

de=0.01; %coeficiente de expuestos
di=0.01; %coeficiente de infectados
dr=0.01; %coeficiente de recuperados
auxs=di*r;
auxe=de*r
auxi=ds*r;
auxr=dr*r;
recu=0.3; %tasa de recuperación
beta=0.03; %velocidad de transmisión
epsilon=0.01; %exposición a la enfermedad

%MATRIZ Y VECTOR SOLUCIÓN PARA CADA ECUACIÓN
matrizs=sparse(n+1,n+1);
bs=zeros(n+1,1);
matrize=sparse(n+1,n+1);
be=zeros(n+1,1);
matrizr=sparse(n+1,n+1);
br=zeros(n+1,1);
matrizi=sparse(n+1,n+1);
bi=zeros(n+1,1);

%MATRIZ SUSCEPTIBLES
for i=2:n
matrizs(i,i)=1+2*auxs+d*k;
matrizs(i,i-1)=-auxs;
matrizs(i,i+1)=-auxs;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizs(1,1)=1+2*auxs+d*k;
matrizs(1,2)=-2*auxs;
matrizs(n+1,n)=-2*auxs;
matrizs(n+1,n+1)=1+2*auxs+d*k;
%MATRIZ EXPUESTOS
for i=2:n
matrize(i,i)=1+2*auxe+(d+epsilon)*k;
matrize(i,i-1)=-auxe;
matrize(i,i+1)=-auxe;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrize(1,1)=1+2*auxe+(d+epsilon)*k;
matrize(1,2)=-2*auxe;
matrize(n+1,n)=-2*auxe;
matrize(n+1,n+1)=1+2*auxe+(d+epsilon)*k;
%MATRIZ INFECTADOS
for i=2:n
matrizi(i,i)=1+2*auxi+k*(d+recu);
matrizi(i,i-1)=-auxi;
matrizi(i,i+1)=-auxi;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizi(1,1)=1+2*auxi+k*(d+recu);

```

```

matrizi(1,2)=-2*auxi;
matrizi(n+1,n)=-2*auxi;
matrizi(n+1,n+1)=1+2*auxi+k*(d+recu);
%MATRIZ RECUPERADOS
for i=2:n
matrizr(i,i)=1+2*auxr+d*k;
matrizr(i,i-1)=-auxr;
matrizr(i,i+1)=-auxr;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizr(1,1)=1+2*auxr+d*k;
matrizr(1,2)=-2*auxr;
matrizr(n+1,n)=-2*auxr;
matrizr(n+1,n+1)=1+2*auxr+d*k;

%SOLUCIÓN EN CADA TIEMPO
for j=1:m+1
    bs(1:n+1)=na*k-beta*k*sold(1:n+1).*iold(1:n+1)+sold(1:n+1);
    sold=matrizs(1:n+1,1:n+1)\bs(1:n+1);
    be(1:n+1)=k*beta*sold(1:n+1).*iold(1:n+1)+eold(1:n+1);
    eold=matrize(1:n+1,1:n+1)\be(1:n+1);
    bi(1:n+1)=iold(1:n+1)+k*epsilon*eold(1:n+1);
    iold=matrizi(1:n+1,1:n+1)\bi(1:n+1);
    br(1:n+1)=recu*k*iold(1:n+1)+rold(1:n+1);
    rold=matrizr(1:n+1,1:n+1)\br(1:n+1);
if(k*j==8)
hold on
title('SEIR')
plot(x,sold,x,eold,x,iold,x,rold);
legend('Susceptibles','Expuestos','Infectados','Recuperados')
hold off
end
end
end

```

### A.0.3. Ejemplo en una variable.

```

function EJEMPL01
tinicial=0;
tfinal=14;
m=13;
h=(tfinal-tinicial)/m;
PopInicial=763;
iold=1;
sold=762;
rold=0;
inew=1;
snew=sold;
rnew=0;

%COEFICIENTES
na=0; %tasa de nacimientos
d=0; %tasa muerte

```

```

recu=1/2; %tasa de recuperación
beta=2/762; %velocidad de transmisión
plot(x,sold,x,iold,x,rold);
legend('SUSCEPTIBLES', 'INFECTADOS', 'RECUPERADOS')
%SOLUCIÓN EN CADA TIEMPO
for j=tinicial:h:tfinal
snew=sold-h*beta*sold*iold;
inew=h*beta*sold*iold+iold-recu*h*iold
rnew=recu*h*iold+rold;
sold=snew;
iold=inew;
rold=rnew;
end

```

#### A.0.4. Ejemplo en dos variables.

```

function EJSIR2

% EJSIR2(a,b,tfinal,n,m)
%(a,b) intervalo donde sucede el problema
%(0,tfinal) intÉrvalo de tiempo
%n numero de divisiones del intervalo en espacio
%m numero de divisiones del intervalo en tiempo

%CONDICIONES DE LA MALLA
a=-1;
b=1;
n=20;
h=(b-a)/n;
tinicial=0;
tfinal=14;
m=1400;
k=(tfinal-tinicial)/m;
r=k/h^2;
x=a:h:b;
t=tinicial:k:tfinal;

%CONDICIONES INICIALES DEL PROBLEMA
PopInicial=4.5*((x.^3)-6*(x.^2)-x+10);
S=sum(PopInicial);
PopInicial=1000/S*PopInicial;
iold=zeros(n+1,1);
iold(10,1)=1;
sold=PopInicial'-iold;
rold=zeros(n+1,1);

%COEFICIENTES
na=0; %tasa de nacimientos
d=0; %tasa muerte
ds=0.01; %coeficiente de susceptibles
di=0.01; %coeficiente de infectados
dr=0.01; %coeficiente de recuperados

```

```

auxs=ds*r;
auxi=di*r;
auxr=dr*r;
recu=0.5; %tasa de recuperación
beta=0.03; %velocidad de transmisión

%MATRIZ Y VECTOR SOLUCIÓN PARA CADA ECUACIÓN
matrizs=sparse(n+1,n+1);
bs=zeros(n+1,1);
matrizi=sparse(n+1,n+1);
bi=zeros(n+1,1);
matrizr=sparse(n+1,n+1);
br=zeros(n+1,1);

%MATRIZ SUSCEPTIBLES
for i=2:n
matrizs(i,i)=1+2*auxs+d*k;
matrizs(i,i-1)=-auxs;
matrizs(i,i+1)=-auxs;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizs(1,1)=1+2*auxs+d*k;
matrizs(1,2)=-2*auxs;
matrizs(n+1,n)=-2*auxs;
matrizs(n+1,n+1)=1+2*auxs+d*k;

%MATRIZ INFECTADOS
for i=2:n
matrizi(i,i)=1+2*auxi+k*(d+recu);
matrizi(i,i-1)=-auxi;
matrizi(i,i+1)=-auxi;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizi(1,1)=1+2*auxi+k*(d+recu);
matrizi(1,2)=-2*auxi;
matrizi(n+1,n)=-2*auxi;
matrizi(n+1,n+1)=1+2*auxi+k*(d+recu);

%MATRIZ RECUPERADOS
for i=2:n
matrizr(i,i)=1+2*auxr+d*k;
matrizr(i,i-1)=-auxr;
matrizr(i,i+1)=-auxr;
end
%ELEMENTOS DE LA MATRIZ POR NEUMANN
matrizr(1,1)=1+2*auxr+d*k;
matrizr(1,2)=-2*auxr;
matrizr(n+1,n)=-2*auxr;
matrizr(n+1,n+1)=1+2*auxr+d*k;

```

```
%SOLUCIÓN EN CADA TIEMPO
for j=1:m+1
    bs(1:n+1)=na*k-beta*k*sold(1:n+1).*iold(1:n+1)+sold(1:n+1);
    sold=matrizs(1:n+1,1:n+1)\bs(1:n+1);
    bi(1:n+1)=beta*k*sold(1:n+1).*iold(1:n+1)+iold(1:n+1);
    iold=matrizi(1:n+1,1:n+1)\bi(1:n+1);
    br(1:n+1)=recu*k*iold(1:n+1)+rold(1:n+1);
    rold=matrizr(1:n+1,1:n+1)\br(1:n+1);
    if(k*j==5)
        sum(iold)
        hold on
        title ('SIR')
        plot(x,sold,x,iold,x,rold);
        legend('SUSCEPTIBLES', 'INFECTADOS', 'RECUPERADOS')
    hold off
end
end
```

# Bibliografía

- [1] PATRICIA GALEANA, *Las epidemias a lo largo de la historia*, <https://revistasipgh.org/index.php/anam/article/view/844>.
- [2] LAURA GARCÍA ROVIRA, *Modelos matemáticos compartimentales en epidemiología*, <http://riull.ull.es/xmlui/handle/915/6779>.
- [3] HOWARD (HOWIE) WEISS, *The SIR model and the Foundations of Public Health*, [https://mat.uab.cat/matmat\\_antiga/PDFv2013/v2013n03.pdf](https://mat.uab.cat/matmat_antiga/PDFv2013/v2013n03.pdf).
- [4] NAGLE,R.K., SAFF, E.B, SNIDER,A.D., *Fundamentals of differential equations*, <https://xn--webeducation-dbb.com/wp-content/uploads/2020/06/R.-Kent-Nagle-Edward-B.-Saff-Arthur-David-Snider-Fundamentals-of-Differential-Equations-Pearson-2017.pdf>.
- [5] STEVEN H. STROGATZ, *Nonlienal dynamics and chaos*, <https://www.fulviofrisone.com/attachments/article/464/Strogatz,%20S.H.%20-%20Nonlinear%20dynamics%20and%20chaos.pdf>.
- [6] LINDA JS ALLEN, *An Introduction to Stochastic Epidemic Models*, <https://www.math.mun.ca/~zhao/ARRMSSchool/StochEpidModels.pdf>.
- [7] LUIS LARA ROMERO, ZENNER CHÁVEZ ALIAGA, JOSÉ CASTAÑEDA VERGARA, *El método de diferencias finitas*, <https://static.upao.info/descargas/7785b78834b257ebc32c5fdbbb51844110d47e0c1b7621073297f7054588f8feabedcf65f22243e1c94da5fel-mEtodo-de-diferencias-finitas.pdf>.
- [8] WILLEM HUNSDORFER, *Numerical solution of Advection-Diffusion-Reaction equations*, <https://cpb-us-e1.wpmucdn.com/blogs.gwu.edu/dist/9/297/files/2018/01/66bdd115ac105ea17af303e73d4fec449754-v448bk.pdf>.
- [9] GALINDO URIBARRI, SALVADOR;RODRÍGUEZ MEZA, MARIO ALBERTO;CERVANTES COTA, JORGE LUIS, *Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros* , <https://www.redalyc.org/pdf/104/10428759009.pdf>.
- [10] ANDREA GARCÍA PIÑERA, *Modelos de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades infecciosas*, <https://repositorio.unican.es/xmlui/bitstream/handle/10902/7125/Andrea%20Garcia%20Pi%C3%B1era.pdf>.
- [11] S.NOVO, R.OBAYA, J.ROJO, *Ecuaciones y sistemas diferenciales*, McGraw - Hill.