

Trabajo de prácticas. Ampliación de Matemáticas. Curso 2021–22. Máster de Ingeniería Industrial.

1 Presentación del trabajo

El trabajo consistirá en una memoria que contenga:

1. La obtención de los coeficientes de los métodos numéricos.
2. La comprobación empírica de que los métodos tienen el orden de convergencia pedido.
3. Las conclusiones que se obtienen del análisis numérico.
4. Se entregará un fichero pdf o word con los problemas resueltos.
5. Asimismo, se entregarán todos los ficheros de Maxima, uno para cada programa desarrollado para hacer el trabajo.
6. El trabajo se enviará a la dirección de email jose.canovas@upct.es, adjuntando un fichero comprimido conteniendo el fichero pdf o word y los dos ficheros de Maxima. El nombre del fichero comprimido será de la forma "apellido1_apellido2_nombre.rar" (zip, 7z o la extensión que correspondan).
7. Se valorará tanto la correcta resolución de los problemas, como la obtención de las conclusiones y la claridad en la exposición de las conclusiones.
8. **Cualquier trabajo que no se adecúe a las normas anteriores, tanto en su elaboración, como en su presentación, tendrá una calificación de cero puntos.**
9. La fecha límite para la entrega del trabajo es 22 de diciembre de 2021. **No se aceptarán trabajos entregados después de esa fecha.**

2 Descripción del trabajo

El trabajo de prácticas consiste en programar un método de Runge-Kutta y un método de predictor corrector para integrar numéricamente el sistema de ecuaciones diferenciales que

modelan el comportamiento de una infección. El modelo más simple es el SIR, que tiene la forma

$$(1) \begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{IS}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I, \end{cases}$$

donde $N := S + I + R$ es la población total que permanece constante y se divide en susceptibles de ser infectados (S), infectados (I) y recuperados (R). Se supone que los recuperados no pueden volver a infectarse y que la población N permanece constante. El modelo se complica un poco cuando se asumen tasas de natalidad y de mortalidad, y se reescribe como

$$(2) \begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \mu S - \beta \frac{IS}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \gamma I - \mu I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R, \end{cases}$$

donde μ y Λ son las tasas de mortalidad y natalidad, respectivamente. Se define el número de reproducción como

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu + \gamma}.$$

Este número tiene que ser menor que uno para tener la enfermedad bajo control. La razón de esto es la siguiente. Es fácil ver que las funciones constantes

$$\begin{cases} S(t) = \frac{\Lambda}{\mu}, \\ I(t) = 0, \\ R(t) = 0, \end{cases}$$

son solución del sistema conocida como equilibrio libre de enfermedad. Si $R_0 \leq 1$ se verifica que

$$\lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t), R(t)) = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0 \right)$$

para toda condición inicial $(S(0), I(0), R(0))$. Sin embargo, cuando $R_0 > 1$ existen otras soluciones constantes, llamadas equilibrios endémicos, de la forma

$$\begin{cases} S(t) = S_e = \frac{\lambda + \mu}{\beta}, \\ I(t) = I_e = \frac{\mu}{\beta}(R_0 - 1), \\ R(t) = R_e = \frac{\gamma}{\beta}(R_0 - 1), \end{cases}$$

de tal manera que si $I(0) > 0$, entonces

$$\lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), E(t), I(t), R(t)) = (S_e, E_e, I_e, R_e),$$

con lo que la enfermedad nunca es erradicada. Es fácil darse cuenta de que cuando el parámetro β aumenta, lo hacen los contagios ya que las interacciones de las poblaciones S e I aumentan. Como vemos en la definición de R_0 , al aumentar β también lo hará R_0 . Por lo tanto aumentar β puede hacer que una enfermedad pase de estar controlada y tender a un equilibrio libre de enfermedad a una situación en la que se llega a un equilibrio endémico y la enfermedad persiste en la población.

Existen numerosas variaciones del modelo SIR que mencionamos a continuación y que son las que se utilizarán para este trabajo.

- (M1) El modelo MSIR. Se introduce una nueva variable (M) para aquellos individuos que son inmunes a la enfermedad por un tiempo, por ejemplo, recién nacidos que inicialmente son inmunes a determinadas infecciones. El sistema es

$$\begin{cases} \frac{dM}{dt} = \Lambda - \delta M - \mu M, \\ \frac{dS}{dt} = \delta M - \beta \frac{IS}{N} - \mu S, \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \gamma I - \mu I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \end{cases}$$

Se introducen mortalidad y natalidad y la variable δ es la tasa de paso de la población M a la susceptible S.

- (M2) El modelo SEIR. Se introduce una nueva población de expuestos a la enfermedad (E). Si suponemos tasa de natalidad y mortandad de forma que la población permanece constante ($\Lambda = \mu N$) el sistema es de la forma

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - \beta \frac{IS}{N}, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - (\mu + a)E, \\ \frac{dI}{dt} = aE - (\gamma + \mu)I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R, \end{cases}$$

donde a es la tasa de exposición a la enfermedad.

- (M3) El modelo SEIS. Es análogo al SEIR anterior, pero no se adquiere inmunidad al pasar la enfermedad, por lo que el modelo es de la forma

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - \beta \frac{IS}{N} + \gamma I, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - (\mu + a)E, \\ \frac{dI}{dt} = aE - (\gamma + \mu)I. \end{cases}$$

- (M4) El modelo MSEIR, donde al model SEIR se le añade una fase de latencia. El sistema de ecuaciones diferenciales es

$$\begin{cases} \frac{dM}{dt} = \Lambda - \delta M - \mu M, \\ \frac{dS}{dt} = \delta M - \beta \frac{IS}{N} - \mu S, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - (a + \mu)E, \\ \frac{dI}{dt} = aE - (\gamma + \mu)I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \end{cases}$$

El trabajo consistirá en resolver numéricamente estos sistemas según el siguiente patrón. Se suman las cifras del DNI y se divide el resultado entre 3. Si el valor del resto es 0 se resolverán los sistemas (M1) y (M4), si el valor del resto es 1 se resolverán los sistemas (M2) y (M4), y si el valor del resto es 2 se resolverán los sistemas (M3) y (M4). Por ejemplo, si el DNI fuera 12345678, la suma de los dígitos daría 36 y al dividirlo por 3 nos daría un resto igual a 0, por lo que se tendrían que integrar los sistemas (M1) y (M4).

Todos los modelos (M1)-(M4) tienen bien un equilibrio libre de enfermedad, o bien un equilibrio endémico. En algunos casos, dependiendo de la elección de los parámetros que

tienen ambos equilibrios (para cada valor de los parámetros un único equilibrio). Habrá que buscar parámetros adecuados de forma que se encuentren experimentalmente los equilibrios libres de enfermedad y endémicos, si los hay, a partir de las condiciones iniciales siguientes:

- Para el sistema (M1), se tomarán $M(0) = 100$, $S(0) = 899$, $I(0) = 1$ y $R(0) = 0$.
- Para el sistema (M2), se tomarán $s(0) = 750$, $E(0) = 249$, $I(0) = 1$ y $R(0) = 0$.
- Para el sistema (M3), se tomarán $s(0) = 750$, $E(0) = 249$ e $I(0) = 1$.
- Para el sistema (M4), se tomarán $M(0) = 100$, $S(0) = 700$, $E(0) = 199$, $I(0) = 1$ y $R(0) = 0$.

Además, se tomarán los valores siguientes para los parámetros: $N = 1000$, $\mu = 1$, $\gamma = 1$, $\Lambda = \mu N$, $\delta = 1$, $a = 1/2$. Habrá que estudiar en función de β qué tipo de equilibrio hay en el sistema. El tipo de equilibrio se observará variando β y resolviendo aproximadamente el sistema de ecuaciones diferenciales para tiempos suficientemente grandes, de forma que se aprecie claramente la convergencia al equilibrio de las soluciones.

A continuación, pasamos a describir los métodos que serán utilizados.

3 Deducción de los métodos.

Para deducir los métodos, se obtendrán los números a y b de la manera siguiente. En primer lugar se tomará la fecha de nacimiento, por ejemplo 11-09-2001 y se sumarán los dígitos. En el caso del ejemplo la suma daría 14. El valor de a se obtendrá dividiendo el número obtenido por 100, es decir $a = 0.14$ en nuestro ejemplo.

Para obtener b , tomamos los números del DNI o NIE y los sumamos de manera análoga a la anterior. Si el DNI fuera 12345678, la suma de los dígitos daría 36. El valor de b será x_{36} (tomando sólo tres cifras decimales) donde x_n es la sucesión dada por la recurrencia

$$\begin{cases} x_{n+1} = 2x_n e^{3(1 - \frac{25x_n}{10})}, \\ x_0 = 1. \end{cases}$$

En el caso del ejemplo $b = 0.277$.

3.1 Runge Kutta

Si $a > b$, el método tendrá por tablero de Butcher

| | | | |
|-----|----------|----------|-------|
| b | a_{21} | | |
| a | a_{31} | a_{32} | |
| | b_1 | b_2 | b_3 |

mientras que si $b > a$ el tablero será

| | | | | |
|-----|----------|----------|-------|--|
| a | a_{21} | | | |
| b | a_{31} | a_{32} | | |
| | b_1 | b_2 | b_3 | |

Se tendrá que deducir los restantes valores del tablero para que el método resultante sea de orden $O(h^3)$ e integrar el sistema de ecuaciones diferenciales realizando representaciones gráficas de las soluciones del problema de condiciones iniciales para un tiempo final suficientemente grande que permita obtener conclusiones.

3.2 Método de predictor corrector

El esquema predictor corrector estará formado por dos métodos multipaso lineales de la forma

$$\mathbf{y}_{i+1} = a_0 \mathbf{y}_i + a_1 \mathbf{y}_{i-1} + a_2 \mathbf{y}_{i-2} + h (b_0 \mathbf{f}_i + b_1 \mathbf{f}_{i-1} + b_2 \mathbf{f}_{i-2}),$$

y

$$\mathbf{y}_{i+1} = a_0 \mathbf{y}_i + a_1 \mathbf{y}_{i-1} + h (b_{-1} \mathbf{f}_{i+1} + b_0 \mathbf{f}_i + b_1 \mathbf{f}_{i-1} + b_2 \mathbf{f}_{i-2}),$$

donde $\mathbf{f}_i = \mathbf{f}(t_i, \mathbf{y}_i)$. En el caso del método explícito, debe calcularse el método suponiendo que $a_0 = 1 + b$, siendo b el obtenido anteriormente. El método obtenido tendrá orden de convergencia local $O(h^5)$ y se deberá comprobar si dicho método es estable o no. Para obtener el método implícito, debe obtenerse suponiendo que $a_0 = a$ de tal manera que dicho método sea estable y convergente de orden global $O(h^4)$. Para inicializar el esquema de predictor corrector deberá emplearse el método Runge–Kutta con tablero de Butcher

| | | | | |
|-------|-------|-------|-------|-------|
| $1/2$ | $1/2$ | | | |
| $1/2$ | 0 | $1/2$ | | |
| 1 | 0 | 0 | 1 | |
| | $1/6$ | $1/3$ | $1/3$ | $1/6$ |

Habrá que obtener las representaciones gráficas para un tiempo final suficientemente grande que permita obtener conclusiones.