VOLUMEN 48
XXXI Verano De la Ciencia
ISSN 2395-9797
www.jovenesenlaciencia.ugto.mx

Analysis of the final epidemic size in a two-population SEQIJR model with unidirectional mobility via the Lambert W function

Análisis del tamaño final de una epidemia en un modelo SEQIJR de dos poblaciones con movilidad unidireccional mediante la función W de Lambert.

Emilio Martínez-Martínez, Emmanuel Sánchez-Preciado, Ehyter M. Martín-González[1], U. J. Giménez-Mujica[2].
[1]Departamento de Matemáticas, División de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Guanajuato, Guanajuato, México.
[2]Área de Matemáticas Aplicadas, Centro de Investigación en Matemáticas, A.C., Guanajuato, México.
emilio.martinez@cimat.mx, emmanuel.sanchez@cimat.mx, 8ermartin@cimat.mx, uvencio.gimenez@cimat.mx.

Resumen

En este trabajo se estudia un modelo epidemiológico tipo SEQIJR de dos regiones acopladas, en el que la movilidad entre poblaciones induce una matriz efectiva de transmisión, con el propósito de analizar el tamaño final de una epidemia. A partir del sistema de ecuaciones diferenciales se obtiene una relación general para los tamaños finales de ambas regiones mediante la integración del sistema y la eliminación de los compartimientos infecciosos. Posteriormente, se analiza el caso particular de movilidad unidireccional, en el cual es posible reducir el problema a un sistema de ecuaciones no lineales cuya solución puede expresarse explícitamente mediante la función W de Lambert. Con base en esta formulación, se desarrolla un algoritmo iterativo para calcular los tamaños finales de la epidemia y se estudia su comportamiento cuando el parámetro de movilidad se modela como una variable aleatoria. Los resultados numéricos muestran que, para los parámetros considerados, la rama principal de la función W de Lambert produce soluciones epidemiológicamente admisibles y un comportamiento estable del procedimiento iterativo, mientras que la rama secundaria no conduce a soluciones con interpretación biológica. Estos resultados proporcionan un procedimiento analítico y computacional para el cálculo del tamaño final de la epidemia en modelos SEQIJR con movilidad entre regiones.

Palabras clave: Modelo SEQIJR; tamaño final de la epidemia; función W de Lambert; movilidad entre regiones; algoritmo iterativo.

Introducción

Las enfermedades infecciosas han representado históricamente uno de los principales retos para la salud pública debido a su capacidad de propagación y a las consecuencias que pueden generar en las poblaciones afectadas. Desde la formulación del modelo clásico de Kermack y McKendrick, los modelos matemáticos compartimentales se han consolidado como una herramienta fundamental para describir la dinámica de transmisión de enfermedades y obtener medidas cuantitativas relacionadas con el desarrollo de una epidemia (Kermack & McKendrick, 1927). A partir de este enfoque se han desarrollado diversas extensiones que incorporan características epidemiológicas adicionales, tales como periodos de latencia, aislamiento, cuarentena y diferentes etapas infecciosas, permitiendo representar de manera más realista la evolución de una enfermedad dentro de una población (Brauer *et al.,* 2019; Hethcote, 2000; Martcheva, 2015).

Aunque los modelos epidemiológicos clásicos suelen considerar poblaciones homogéneamente mezcladas, la propagación de una enfermedad ocurre frecuentemente en escenarios donde existen interacciones entre comunidades geográficamente separadas. En particular, la movilidad humana constituye un factor determinante en la dispersión de agentes infecciosos, ya que permite la conexión entre poblaciones con diferentes características epidemiológicas. Debido al incremento de los desplazamientos asociados a actividades sociales, económicas y de transporte, resulta necesario desarrollar modelos capaces de describir la transmisión entre regiones conectadas mediante el movimiento de individuos (Arino & van den Driessche, 2003). En este sentido, los modelos de metapoblaciones proporcionan un marco adecuado para representar

poblaciones divididas en regiones donde los individuos pueden desplazarse entre ellas y modificar las tasas efectivas de transmisión (Bichara *et al.,* 2015).

Dentro del análisis epidemiológico, el tamaño final de la epidemia constituye una de las cantidades más relevantes, debido a que permite estimar el número total de individuos que han sido afectados al finalizar un brote. Esta medida proporciona información sobre el impacto global de una enfermedad y permite evaluar cómo diferentes factores, tales como las tasas de transmisión, las estrategias de control o los patrones de movilidad, influyen en la evolución de la epidemia. Para el modelo clásico de Kermack-McKendrick, el tamaño final puede obtenerse mediante una relación implícita derivada a partir de la integración del sistema diferencial (Kermack & McKendrick, 1927); sin embargo, la incorporación de características adicionales, como la interacción entre regiones y la presencia de múltiples compartimientos epidemiológicos, dificulta la obtención de expresiones analíticas para dicha cantidad.

Diversos trabajos han estudiado la determinación del tamaño final de una epidemia en modelos donde las poblaciones se encuentran conectadas mediante movilidad humana. En particular, Giménez-Mujica, Velázquez-Castro y Anzo-Hernández desarrollaron una metodología para obtener relaciones de tamaño final en modelos de metapoblaciones, incorporando la movilidad entre regiones mediante una matriz efectiva de transmisión (Giménez-Mujica *et al.,* 2023). Este enfoque permite describir cómo los desplazamientos poblacionales modifican la dinámica de transmisión entre comunidades. No obstante, cuando se consideran modelos epidemiológicos con mayor número de compartimientos y mecanismos adicionales, como cuarentena y aislamiento, la obtención de expresiones explícitas para el tamaño final continúa siendo un problema complejo.

El resto del artículo está organizado de la siguiente manera. En la Sección 2 se presentan los preliminares necesarios para el desarrollo del trabajo, incluyendo la descripción del modelo SEQIJR y las propiedades básicas de la función W de Lambert utilizadas en el desarrollo posterior. En la Sección 3 se presenta la formulación del modelo SEQIJR para dos regiones conectadas mediante movilidad humana y se obtiene la matriz efectiva de transmisión asociada a la interacción entre poblaciones. En la Sección 4 se desarrolla la relación del tamaño final de la epidemia mediante la integración del sistema y la eliminación de los compartimientos transitorios. En la Sección 5 se estudia el caso particular de movilidad unidireccional y se obtiene una representación explícita de los tamaños finales mediante la función W de Lambert. En la Sección 6 se presentan los resultados numéricos del algoritmo iterativo propuesto y se analiza el efecto del parámetro de movilidad sobre las soluciones obtenidas. Finalmente, en la Sección 7 se presentan las conclusiones y se discuten las principales aportaciones y posibles líneas de trabajo futuro.

Preliminares

El modelo SEQIJR considera una población de tamaño constante N dividida en seis clases epidemiológicas: susceptibles $S(t)$, expuestos $E(t)$, cuarentenados $Q(t)$, infectivos no aislados $I(t)$, infectivos aislados $J(t)$ y recuperados $R(t)$, de manera que

$$N = S(t) + E(t) + Q(t) + I(t) + J(t) + R(t).$$

Para la formulación del modelo se consideran las siguientes suposiciones: los individuos expuestos pueden transmitir la enfermedad con una infectividad reducida por un factor ε_E, con $0 \leq \varepsilon_E < 1$; los individuos expuestos que no son puestos en cuarentena pasan al estado infeccioso a una tasa κ_E; los individuos expuestos son enviados a cuarentena a una tasa γ_Q, donde la cuarentena reduce la tasa de contacto mediante un factor ε_Q; los individuos infecciosos son detectados y aislados a una tasa γ_J, aunque el aislamiento puede ser imperfecto y permitir transmisión con un factor ε_J; los individuos en cuarentena que desarrollan síntomas son aislados a una tasa κ_Q; y los individuos infecciosos e infectivos aislados abandonan sus respectivos compartimientos a tasas α_I y α_J, respectivamente.

Bajo estas consideraciones, el modelo SEQIJR está dado por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{cases} S' &= -\beta S(\varepsilon_E E + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q + I + \varepsilon_J J), \\ E' &= \beta S(\varepsilon_E E + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q + I + \varepsilon_J J) - (\kappa_E + \gamma_Q)E, \\ Q' &= \gamma_Q E - \kappa_Q Q, \\ I' &= \kappa_E E - (\alpha_I + \gamma_J)I, \\ J' &= \kappa_Q Q + \gamma_J I - \alpha_J J, \\ R' &= \alpha_I I + \alpha_J J. \end{cases}$$

Por otro lado, la función W de Lambert se define como la función inversa de la aplicación $f(w) = we^w$, de modo que satisface la relación

$$W(z)e^{W(z)} = z.$$

Esta función está definida en el plano complejo y posee una cantidad infinita de ramas, denotadas por $W_k(z)$, con $k \in \mathbb{Z}$. En particular, para valores reales de z en el intervalo

$$-\frac{1}{e} \leq z < 0,$$

existen dos ramas reales: la rama principal $W_0(z)$ y la rama secundaria $W_{-1}(z)$. En este caso, sus valores se encuentran contenidos en los intervalos $W_0(z) \in [-1,0)$ y $W_{-1}(z) \in (-\infty,-1]$, respectivamente.

Formulación del modelo

Consideremos una población humana distribuida geográficamente en dos regiones distinguibles y conectadas mediante la movilidad de individuos. Supongamos que cada región está habitada por una población homogéneamente mezclada de tamaño N_i, donde el subíndice $i \in \{1,2\}$ identifica la región. Sean $S_i(t), E_i(t), Q_i(t), I_i(t), J_i(t)$ y $R_i(t)$ el número de susceptibles, expuestos, cuarentenados, infectivos no aislados, infectivos aislados y recuperados, respectivamente, en la región i al tiempo t, de modo que

$$N_i = S_i(t) + E_i(t) + Q_i(t) + I_i(t) + J_i(t) + R_i(t),$$

permanece constante todo el tiempo.

Sea $P = (p_{ij})_{2\times 2}$ la matriz de tiempo de residencia bajo un enfoque Lagrangiano de movilidad poblacional (Bichara *et al.*, 2015; Velázquez-Castro *et al.*, 2018), cuyos elementos satisfacen

$$0 \leq p_{ij} \leq 1 \text{ y } p_{i1} + p_{i2} = 1, \text{ para todo } i = 1,2,$$

donde p_{ij} representa la fracción del tiempo que un individuo residente de la región i permanece en la región j. Debido a la movilidad, el número total de individuos presentes en la región k está dado por

$$w_k = p_{1k}N_1 + p_{2k}N_2, \text{ para todo } k = 1,2.$$

En consecuencia, el número de individuos infecciosos provenientes de la región j que se encuentran en la región k es $p_{jk}(\varepsilon_E E_j + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q_j + I_j + \varepsilon_J J_j)$, por lo que

$$F_k = \frac{1}{w_k}\sum_{j=1}^{2} p_{jk}(\varepsilon_E E_j + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q_j + I_j + \varepsilon_J J_j),$$

representa la proporción efectiva de individuos presentes en la región k capaces de transmitir la enfermedad, tanto a residentes de la misma región como de la otra.

Debido a que se supone una mezcla homogénea dentro de cada región, de manera que todos los individuos tienen la misma probabilidad de entrar en contacto entre sí, la dinámica de transmisión satisface la ley de

acción de masas. Bajo estas consideraciones, la dinámica de la enfermedad puede describirse mediante el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{cases} S_i' = -\sum_{k=1}^{2} \beta^k p_{ik} S_i F_k, \\ E_i' = \sum_{k=1}^{2} \beta^k p_{ik} S_i F_k - (\kappa_{E,i} + \gamma_{Q,i}) E_i, \\ Q_i' = \gamma_{Q,i} E_i - \kappa_{Q,i} Q_i, \\ I_i' = \kappa_{E,i} E_i - (\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i}) I_i, \\ J_i' = \kappa_{Q,i} Q_i + \gamma_{J,i} I_i - \alpha_{J,i} J_i, \\ R_i' = \alpha_{I,i} I_i + \alpha_{J,i} J_i, \end{cases} \tag{1}$$

para $i = 1,2$, donde β^k reepresenta el riesgo de infección en la región k.

Por otro lado, al sustituir la expresión de F_k se obtiene que

$$\begin{aligned} \sum_{k=1}^{2} \beta^k p_{ik} F_k &= \sum_{k=1}^{2} \beta^k p_{ik} \left[\frac{1}{w_k} \sum_{j=1}^{2} p_{jk} (\varepsilon_E E_j + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q_j + I_j + \varepsilon_J J_j) \right] \\ &= \sum_{j=1}^{2} \left(\sum_{k=1}^{2} \frac{\beta^k p_{ik} p_{jk}}{w_k} \right) (\varepsilon_E E_j + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q_j + I_j + \varepsilon_J J_j) \\ &= \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} (\varepsilon_E E_j + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q_j + I_j + \varepsilon_J J_j), \end{aligned}$$

donde

$$\beta_{ij} = \sum_{k=1}^{2} \frac{\beta^k p_{ik} p_{jk}}{w_k}, \text{ para todo } i,j = 1,2,$$

es la tasa efectiva de transmisión entre individuos de las regiones i y j.

En consecuencia, el modelo (1), que describe dos regiones espacialmente separadas y homogéneamente mezcladas, puede reescribirse como un sistema de dos poblaciones acopladas mediante la matriz efectiva de transmisión $B = (\beta_{ij})_{2\times 2}$:

$$\begin{cases} S_i' &= -S_i \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} (\varepsilon_E E_j + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q_j + I_j + \varepsilon_J J_j), \\ E_i' &= S_i \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} (\varepsilon_E E_j + \varepsilon_E \varepsilon_Q Q_j + I_j + \varepsilon_J J_j) - (\kappa_{E,i} + \gamma_{Q,i}) E_i, \\ Q_i' &= \gamma_{Q,i} E_i - \kappa_{Q,i} Q_i, \\ I_i' &= \kappa_{E,i} E_i - (\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i}) I_i, \\ J_i' &= \kappa_{Q,i} Q_i + \gamma_{J,i} I_i - \alpha_{J,i} J_i, \\ R_i' &= \alpha_{I,i} I_i + \alpha_{J,i} J_i, \end{cases} \tag{2}$$

para $i = 1,2$, donde los parámetros ε representan factores de reducción de la infectividad asociados a los compartimentos correspondientes. Las constantes κ, γ y α describen las tasas de transición entre

compartimentos. En particular, $\kappa_{E,i}$ es la tasa con la que los individuos expuestos pasan al compartimiento de infectados, mientras que $\kappa_{Q,i}$ corresponde a la tasa con la que los individuos en cuarentena pasan al compartimiento de infectivos aislados. Asimismo, $\gamma_{Q,i}$ y $\gamma_{J,i}$ representan, respectivamente, las tasas con la que un individuo expuesto es enviado a cuarentena y un individuo infectado es detectado y aislado. Finalmente, $\alpha_{I,i}$ y $\alpha_{J,i}$ corresponden a las tasas de recuperación desde los compartimentos I y J.

Relación del tamaño final de la epidemia

El tamaño final de una epidemia es una cantidad fundamental en el análisis de modelos epidemiológicos, ya que permite cuantificar la proporción de individuos que han sido afectados por una enfermedad al finalizar un brote. En modelos epidemiológicos con múltiples regiones conectadas por movilidad, esta cantidad permite estudiar cómo la interacción entre poblaciones influye en la propagación de la enfermedad. Su determinación ha sido ampliamente estudiada en modelos compartimentales mediante el análisis del comportamiento asintótico del sistema cuando $t \to \infty$ (Arino & van den Driessche, 2003; Brauer *et al.,* 2019; Giménez-Mujica *et al.,* 2022; Hethcote, 2000; Kermack & McKendrick, 1927; Martcheva, 2015).

Supongamos que la epidemia desaparece cuando $t \to \infty$; es decir, que los compartimientos de cuarentenados, infectivos no aislados e infectivos aislados tienden a cero. En consecuencia,

$$Q_i(\infty) = I_i(\infty) = J_i(\infty) = 0, \text{ para } i = 1,2.$$

Integrando en el intervalo $[0, \infty)$ las ecuaciones correspondientes a los compartimientos de cuarentenados, infectivos no aislados e infectivos aislados del modelo (2) se obtiene, respectivamente, que

$$-Q_i(0) = \gamma_{Q,i}\int_0^\infty E_i - \kappa_{Q,i}\int_0^\infty Q_i,$$
$$-I_i(0) = \kappa_{E,i}\int_0^\infty E_i - (\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})\int_0^\infty I_i,$$

y

$$-J_i(0) = \kappa_{Q,i}\int_0^\infty Q_i + \gamma_{J,i}\int_0^\infty I_i - \alpha_{J,i}\int_0^\infty J_i,$$

por lo que

$$\kappa_{Q,i}\int_0^\infty Q_i = \gamma_{Q,i}\int_0^\infty E_i, \tag{3}$$
$$(\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})\int_0^\infty I_i = \kappa_{E,i}\int_0^\infty E_i + I_i(0), \tag{4}$$

y

$$\alpha_{J,i}\int_0^\infty J_i = \kappa_{Q,i}\int_0^\infty Q_i + \gamma_{J,i}\int_0^\infty I_i. \tag{5}$$

Por otra parte, al sumar las ecuaciones correspondientes a los compartimientos S_i, E_i, Q_i, I_i y J_i tenemos que

$$(S_i + E_i + Q_i + I_i + J_i)' = -\alpha_{I,i}I_i - \alpha_{J,i}J_i.$$

Integrando esta expresión en el intervalo $[0, \infty)$ resulta que

$$(S_i + E_i + Q_i + I_i + J_i)\Big|_0^\infty = -\alpha_{I,i}\int_0^\infty I_i - \alpha_{J,i}\int_0^\infty J_i.$$

Como los compartimientos E_i, Q_i, I_i y J_i convergen a cero cuando $t \to \infty$, sumado a que $S_i(\infty) = N_i - R_i(\infty)$, se sigue que

$$N_i - R_i(\infty) - (N_i - R_i(0)) = -\alpha_{I,i}\int_0^\infty I_i - \alpha_{J,i}\int_0^\infty J_i,$$

es decir,

$$R_i(\infty) - R_i(0) = \alpha_{I,i}\int_0^\infty I_i + \alpha_{J,i}\int_0^\infty J_i.$$

En particular, si suponemos que inicialmente no existen individuos recuperados, entonces

$$R_i(\infty) = \alpha_{I,i}\int_0^\infty I_i + \alpha_{J,i}\int_0^\infty J_i. \tag{6}$$

Ahora bien, despejando $\int_0^\infty E_i$ en (4) se sigue que

$$\int_0^\infty E_i = \frac{1}{\kappa_{E,i}}\left[(\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})\int_0^\infty I_i - I_i(0)\right]. \tag{7}$$

Sustituyendo (7) en (3) resulta que

$$\begin{aligned}\int_0^\infty Q_i &= \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{Q,i}}\int_0^\infty E_i \\ &= \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{Q,i}\kappa_{E,i}}\left[(\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})\int_0^\infty I_i - I_i(0)\right].\end{aligned} \tag{8}$$

Luego, combinando (3), (5) y (7) tenemos que

$$\begin{aligned}\alpha_{J,i}\int_0^\infty J_i &= \gamma_{Q,i}\int_0^\infty E_i + \gamma_{J,i}\int_0^\infty I_i \qquad (9)\\ &= \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}}\left[(\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})\int_0^\infty I_i - I_i(0)\right] + \gamma_{J,i}\int_0^\infty I_i \\ &= \left[\frac{\gamma_{Q,i}(\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})}{\kappa_{E,i}} + \gamma_{J,i}\right]\int_0^\infty I_i - \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}}I_i(0). \qquad (10)\end{aligned}$$

Al sustituir (10) en (6) se sigue que

$$R_i(\infty) = \alpha_{I,i}\int_0^\infty I_i + \left[\frac{\gamma_{Q,i}(\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})}{\kappa_{E,i}} + \gamma_{J,i}\right]\int_0^\infty I_i - \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}}I_i(0).$$

Con el fin de simplificar la notación, definimos

$$D_i := (\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})\left(1 + \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}}\right).$$

De esta manera,

$$R_i(\infty) = D_i\int_0^\infty I_i - \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}}I_i(0),$$

lo que implica que

$$\int_0^\infty I_i = \frac{1}{D_i}\left(R_i(\infty) + \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}} I_i(0)\right). \tag{11}$$

Por lo tanto, de lo anterior y (7) obtenemos que

$$\begin{aligned}\int_0^\infty E_i &= \frac{\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i}}{\kappa_{E,i}} \cdot \frac{1}{D_i}\left(R_i(\infty) + \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}} I_i(0)\right) - \frac{I_i(0)}{\kappa_{E,i}} \\ &= \frac{1}{\kappa_{E,i} + \gamma_{Q,i}}\left(R_i(\infty) + \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}} I_i(0)\right) - \frac{I_i(0)}{\kappa_{E,i}},\end{aligned} \tag{12}$$

de modo que al usar esto último y (8) se sigue que

$$\int_0^\infty Q_i = \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{Q,i}(\kappa_{E,i} + \gamma_{Q,i})}\left(R_i(\infty) + \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}} I_i(0)\right) - \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{Q,i}\kappa_{E,i}} I_i(0).$$

Finalmente, de (10) y (11) tenemos que

$$\begin{aligned}\int_0^\infty J_i &= \frac{1}{\alpha_{J,i}}\left[\left(\frac{\gamma_{Q,i}(\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})}{\kappa_{E,i}} + \gamma_{J,i}\right)\int_0^\infty I_i - \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}} I_i(0)\right] \\ &= \frac{1}{\alpha_{J,i}}\left[\frac{F_i}{D_i}\left(R_i(\infty) + \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}} I_i(0)\right) - \frac{\gamma_{Q,i}}{\kappa_{E,i}} I_i(0)\right],\end{aligned}$$

donde

$$F_i := \frac{\gamma_{Q,i}(\alpha_{I,i} + \gamma_{J,i})}{\kappa_{E,i}} + \gamma_{J,i}.$$

Por otra parte, integrando en el intervalo $[0, \infty)$ la ecuación correspondiente al compartimiento de susceptibles del modelo (2), resulta que

$$\log\frac{S_i(0)}{S_i(\infty)} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij}\left(\varepsilon_E \int_0^\infty E_j + \varepsilon_E \varepsilon_Q \int_0^\infty Q_j + \int_0^\infty I_j + \varepsilon_J \int_0^\infty J_j\right). \tag{13}$$

Definiendo

$$c_{I,j} := \frac{\gamma_{Q,j}}{k_{E,j}} I_j(0),$$

las integrales asociadas a los compartimientos de expuestos, cuarentenados, infectivos no asilados e infectivos aislados pueden expresarse, respectivamente, como

$$\begin{aligned}\int_0^\infty E_j &= \frac{1}{k_{E,j} + \gamma_{Q,j}}\left(R_j(\infty) + c_{I,j}\right) - \frac{I_j(0)}{k_{E,j}}, \\ \int_0^\infty Q_j &= \frac{\gamma_{Q,j}}{k_{Q,j}(k_{E,j} + \gamma_{Q,j})}\left(R_j(\infty) + c_{I,j}\right) - \frac{\gamma_{Q,j}}{k_{Q,j}k_{E,j}} I_j(0), \\ \int_0^\infty I_j &= \frac{1}{D_j}\left(R_j(\infty) + c_{I,j}\right),\end{aligned}$$

y

$$\int_0^\infty J_j = \frac{1}{\alpha_{J,j}}\left[\frac{F_j}{D_j}\left(R_j(\infty)+c_{I,j}\right)-\frac{\gamma_{Q,j}}{k_{E,j}}I_j(0)\right].$$

Sustituyendo estas expresiones en (13) obtenemos la relación

$$\begin{cases}\log\dfrac{S_1(0)}{S_1(\infty)} = A_{11}R_1(\infty)+A_{12}R_2(\infty)+B_{11}+B_{12},\\ \log\dfrac{S_2(0)}{S_2(\infty)} = A_{21}R_1(\infty)+A_{22}R_2(\infty)+B_{21}+B_{22}.\end{cases} \tag{14}$$

donde

$$A_{ij} = \beta_{ij}\left[\frac{1}{D_j}\left(\varepsilon_E+1+\frac{\varepsilon_J F_j}{\alpha_{J,j}}\right)+\frac{\varepsilon_E\varepsilon_Q\gamma_{Q,j}}{k_{Q,j}(k_{E,j}+\gamma_{Q,j})}\right],$$

y

$$B_{ij} = \beta_{ij}\left[\varepsilon_E\left(\frac{c_{I,j}}{k_{E,j}+\gamma_{Q,j}}-\frac{I_j(0)}{k_{E,j}}\right)+\varepsilon_E\varepsilon_Q\left(\frac{\gamma_{Q,j}c_{I,j}}{k_{Q,j}(k_{E,j}+\gamma_{Q,j})}-\frac{\gamma_{Q,j}I_j(0)}{k_{Q,j}k_{E,j}}\right)+\frac{c_{I,j}}{D_j}+\varepsilon_J\left(\frac{F_j c_{I,j}}{\alpha_{J,j}D_j}-\frac{\gamma_{Q,j}I_j(0)}{\alpha_{J,j}k_{E,j}}\right)\right].$$

Movilidad unidireccional

Al considerar el caso particular en el que los individuos únicamente pueden desplazarse desde la región 1 hacia la región 2, es decir, suponiendo $p_{21}=0$, las tasas efectivas de transmisión se reducen a

$$\beta_{11} = \frac{\beta^1 p_{11}}{N_1}+\frac{\beta^2 p_{12}^2}{p_{12}N_1+N_2}, \qquad \beta_{12} = \frac{\beta^2 p_{12}}{p_{12}N_1+N_2},$$

y

$$\beta_{21} = \frac{\beta^2 p_{12}}{p_{12}N_1+N_2}, \qquad \beta_{22} = \frac{\beta^2}{p_{12}N_1+N_2}.$$

Utilizando las expresiones para $\int_0^\infty Q_j, \int_0^\infty I_j$ y $\int_0^\infty J_j$ en términos de $\int_0^\infty E_j$ dadas en (8), (4) y (9), respectivamente, la expresión en (13) puede reescribirse como

$$\begin{aligned}\log\frac{S_i(0)}{S_i(\infty)} &= \sum_{j=1}^{2}\beta_{ij}\left\{\varepsilon_E\int_0^\infty E_j+\varepsilon_E\varepsilon_Q\left(\frac{\gamma_{Q,j}}{\kappa_{Q,j}}\int_0^\infty E_j\right)+\left(\frac{\kappa_{E,j}\int_0^\infty E_j+I_j(0)}{\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j}}\right)\right.\\ &\qquad\left.+\varepsilon_J\left[\frac{\gamma_{Q,j}\int_0^\infty E_j+\gamma_{J,j}\left(\frac{\kappa_{E,j}\int_0^\infty E_j+I_j(0)}{\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j}}\right)}{\alpha_{J,j}}\right]\right\}\\ &= \sum_{j=1}^{2}\beta_{ij}\left\{\left[\varepsilon_E+\frac{\varepsilon_E\varepsilon_Q\gamma_{Q,j}}{\kappa_{Q,j}}+\frac{\kappa_{E,j}}{\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j}}+\frac{\varepsilon_J}{\alpha_{J,j}}\left(\gamma_{Q,j}+\frac{\gamma_{J,j}\kappa_{E,j}}{\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j}}\right)\right]\int_0^\infty E_j\right.\\ &\qquad\left.+\left[\frac{1}{\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j}}+\frac{\varepsilon_J\gamma_{J,j}}{\alpha_{J,j}(\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j})}\right]I_j(0)\right\}.\end{aligned}$$

Definiendo

$$\Psi_i = \log\frac{S_i(0)}{S_i(\infty)}, \text{ para } i = 1,2,$$

mientras que

$$\mu_j = \varepsilon_E + \frac{\varepsilon_E\varepsilon_Q\gamma_{Q,j}}{\kappa_{Q,j}} + \frac{\kappa_{E,j}}{\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j}} + \frac{\varepsilon_J}{\alpha_{J,j}}\left(\gamma_{Q,j} + \frac{\gamma_{J,j}\kappa_{E,j}}{\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j}}\right),$$

y

$$\nu_j = \left[\frac{1}{\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j}} + \frac{\varepsilon_J\gamma_{J,j}}{\alpha_{J,j}(\alpha_{I,j}+\gamma_{J,j})}\right] I_j(0),$$

para $j = 1,2$, la relación anterior nos lleva al sistema

$$\begin{cases} \beta_{11}\mu_1\int_0^\infty E_1 + \beta_{12}\mu_2\int_0^\infty E_2 = \Psi_1 - \beta_{11}\nu_1 - \beta_{12}\nu_2, \\ \beta_{21}\mu_1\int_0^\infty E_1 + \beta_{22}\mu_2\int_0^\infty E_2 = \Psi_2 - \beta_{21}\nu_1 - \beta_{22}\nu_2, \end{cases}$$

cuya solución está dada por

$$\int_0^\infty E_1 = \frac{\beta_{22}(\Psi_1-\beta_{11}\nu_1-\beta_{12}\nu_2)-\beta_{12}(\Psi_2-\beta_{21}\nu_1-\beta_{22}\nu_2)}{\mu_1(\beta_{11}\beta_{22}-\beta_{12}\beta_{21})},$$

y

$$\int_0^\infty E_2 = \frac{\beta_{11}(\Psi_2-\beta_{21}\nu_1-\beta_{22}\nu_2)-\beta_{21}(\Psi_1-\beta_{11}\nu_1-\beta_{12}\nu_2)}{\mu_2(\beta_{11}\beta_{22}-\beta_{12}\beta_{21})}.$$

Las soluciones pueden simplificarse utilizando las expresiones particulares de las tasas efectivas de transmisión obtenidas bajo la condición $p_{21} = 0$. De esta manera,

$$\begin{aligned} \int_0^\infty E_1 &= \frac{\beta_{22}\Psi_1 - \beta_{12}\Psi_2 + (\beta_{12}\beta_{21}-\beta_{11}\beta_{22})\nu_1}{\mu_1(\beta_{11}\beta_{22}-\beta_{12}\beta_{21})} \\ &= \frac{\beta_{22}\Psi_1 - \beta_{12}\Psi_2}{\mu_1(\beta_{11}\beta_{22}-\beta_{12}\beta_{21})} - \frac{\nu_1}{\mu_1} \\ &= \frac{N_1(\Psi_1 - p_{12}\Psi_2)}{\mu_1\beta^1 p_{11}} - \frac{\nu_1}{\mu_1} \\ &= \frac{N_1}{\mu_1\beta^1}\Psi_2 + \frac{N_1}{\mu_1\beta^1 p_{11}}(\Psi_1 - \Psi_2) - \frac{\nu_1}{\mu_1} \\ &= \frac{N_1}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\Psi_1 - \frac{N_1(1-p_{11})}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\Psi_2 - \frac{\nu_1}{\mu_1}, \end{aligned}$$

y

$$\begin{aligned}\int_0^\infty E_2 &= \frac{\beta_{11}\Psi_2 - \beta_{21}\Psi_1 + (\beta_{12}\beta_{21} - \beta_{11}\beta_{22})\nu_2}{\mu_2(\beta_{11}\beta_{22} - \beta_{12}\beta_{21})} \\ &= \frac{\beta_{11}\Psi_2 - \beta_{21}\Psi_1}{\mu_2(\beta_{11}\beta_{22} - \beta_{12}\beta_{21})} - \frac{\nu_2}{\mu_2} \\ &= \frac{(p_{12}N_1 + N_2)}{\mu_2\beta^2}\Psi_2 - \frac{N_1(p_{12}\Psi_1 - p_{12}^2\Psi_2)}{\mu_2\beta^1 p_{11}} - \frac{\nu_2}{\mu_2} \\ &= \frac{(p_{12}N_1 + N_2)}{\mu_2\beta^2}\Psi_2 - \frac{N_1 p_{12}}{\mu_2\beta^1 p_{11}}(\Psi_1 - \Psi_2) - \frac{N_1 p_{12}}{\mu_2\beta^1}\Psi_2 - \frac{\nu_2}{\mu_2} \\ &= \frac{\beta^1 N_2 - N_1(1-p_{11})(\beta^2 - \beta^1)}{\mu_2\beta^1\beta^2}\Psi_2 - \frac{N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}(\Psi_1 - \Psi_2) - \frac{\nu_2}{\mu_2} \\ &= -\frac{N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\Psi_1 + \left[\frac{\beta^1 N_2 - N_1(1-p_{11})(\beta^2 - \beta^1)}{\mu_2\beta^1\beta^2} + \frac{N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\right]\Psi_2 - \frac{\nu_2}{\mu_2}.\end{aligned}$$

Más aún, de (12) resulta que

$$R_j(\infty) = I_j(0) + (\kappa_{E,j} + \gamma_{Q,j})\int_0^\infty E_j, \text{ para } j = 1,2,$$

de donde se sigue que

$$\begin{aligned}R_1(\infty) =& I_1(0) + \frac{(\kappa_{E,1} + \gamma_{Q,1})N_1}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\Psi_1 - \frac{(\kappa_{E,1} + \gamma_{Q,1})N_1(1-p_{11})}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\Psi_2 - \frac{(\kappa_{E,1} + \gamma_{Q,1})\nu_1}{\mu_1} \\ =& I_1(0) + \frac{(\kappa_{E,1} + \gamma_{Q,1})N_1}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\log\frac{S_1(0)}{S_1(\infty)} - \frac{(\kappa_{E,1} + \gamma_{Q,1})\nu_1}{\mu_1} - \frac{(\kappa_{E,1} + \gamma_{Q,1})N_1(1-p_{11})}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\log\frac{S_2(0)}{S_2(\infty)},\end{aligned}$$

y

$$\begin{aligned}R_2(\infty) =& I_2(0) + (\kappa_{E,2} + \gamma_{Q,2})\left[\frac{\beta^1 N_2 - N_1(1-p_{11})(\beta^2 - \beta^1)}{\mu_2\beta^1\beta^2} + \frac{N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\right]\Psi_2 \\ & - \frac{(\kappa_{E,2} + \gamma_{Q,2})N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\Psi_1 - \frac{(\kappa_{E,2} + \gamma_{Q,2})\nu_2}{\mu_2} \\ =& I_2(0) + (\kappa_{E,2} + \gamma_{Q,2})\left[\frac{\beta^1 N_2 - N_1(1-p_{11})(\beta^2 - \beta^1)}{\mu_2\beta^1\beta^2} + \frac{N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\right]\log\frac{S_2(0)}{S_2(\infty)} \\ & - \frac{(\kappa_{E,2} + \gamma_{Q,2})\nu_2}{\mu_2} - \frac{(\kappa_{E,2} + \gamma_{Q,2})N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\log\frac{S_1(0)}{S_1(\infty)}.\end{aligned}$$

Las expresiones anteriores permiten identificar la contribución de cada región al tamaño final de la epidemia. En particular, los coeficientes asociados a los términos $\log[S_i(0)/S_i(\infty)]$ representan el peso de la transmisión acumulada en cada región sobre el número final de individuos recuperados. Para la región 1, el coeficiente

$$\frac{(\kappa_{E,1} + \gamma_{Q,1})N_1}{\mu_1\beta^1 p_{11}},$$

corresponde a la transmisión generada dentro de la misma región, mientras que

$$\frac{(\kappa_{E,1} + \gamma_{Q,1})N_1(1-p_{11})}{\mu_1\beta^1 p_{11}},$$

representa la influencia de la movilidad hacia la región 2. En consecuencia, el primer término asociado a $\log[S_1(0)/S_1(\infty)]$ describe la transmisión dentro de la misma región, mientras que el término asociado a

$\log[S_2(0)/S_2(\infty)]$ incorpora el efecto de la transmisión adquirida por los individuos de la región 1 durante su permanencia en la región 2.

De manera análoga, en la expresión correspondiente a $R_2(\infty)$, el coeficiente que acompaña a $\log[S_2(0)/S_2(\infty)]$ representa la influencia de la transmisión ocurrida dentro de la región 2, mientras que el coeficiente asociado a $\log[S_1(0)/S_1(\infty)]$ refleja el efecto que tiene la región 1 sobre la epidemia en la región 2 debido a la movilidad poblacional. Por lo tanto, estos coeficientes permiten interpretar el tamaño final de la epidemia como resultado de la combinación entre la transmisión local de cada región y la interacción epidemiológica generada por los patrones de movilidad.

Usando la relación $S_i(\infty) = N_i - R_i(\infty)$ para $i \in \{1,2\}$ en la expresión obtenida para $R_1(\infty)$, resulta que

$$R_1(\infty) = I_1(0) + \frac{(\kappa_{E,1}+\gamma_{Q,1})N_1}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\log\frac{S_1(0)}{N_1 - R_1(\infty)} - \frac{(\kappa_{E,1}+\gamma_{Q,1})\nu_1}{\mu_1} - \frac{(\kappa_{E,1}+\gamma_{Q,1})N_1(1-p_{11})}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\log\frac{S_2(0)}{N_2 - R_2(\infty)}.$$

Para obtener una expresión explícita de $R_1(\infty)$, definamos

$$A_1 = \frac{(\kappa_{E,1}+\gamma_{Q,1})N_1}{\mu_1\beta^1 p_{11}},$$

y

$$B_1\big(R_2(\infty)\big) = I_1(0) - \frac{(\kappa_{E,1}+\gamma_{Q,1})\nu_1}{\mu_1} - \frac{(\kappa_{E,1}+\gamma_{Q,1})N_1(1-p_{11})}{\mu_1\beta^1 p_{11}}\log\frac{S_2(0)}{N_2 - R_2(\infty)}.$$

De esta manera, la ecuación anterior puede reescribirse como

$$R_1(\infty) = B_1\big(R_2(\infty)\big) + A_1\log\frac{S_1(0)}{N_1 - R_1(\infty)},$$

o equivalentemente,

$$\frac{R_1(\infty) - B_1\big(R_2(\infty)\big)}{A_1} = \log\frac{S_1(0)}{N_1 - R_1(\infty)}.$$

Al aplicar la función exponencial a ambos lados de la igualdad se tiene que

$$e^{\frac{R_1(\infty) - B_1(R_2(\infty))}{A_1}} = \frac{S_1(0)}{N_1 - R_1(\infty)},$$

es decir,

$$N_1 - R_1(\infty) = S_1(0)e^{\frac{B_1(R_2(\infty)) - R_1(\infty)}{A_1}}.$$

Multiplicando ambos lados por $e^{-\frac{N_1 - R_1(\infty)}{A_1}}$ se sigue que

$$(N_1 - R_1(\infty))e^{-\frac{N_1 - R_1(\infty)}{A_1}} = S_1(0)e^{\frac{B_1(R_2(\infty)) - N_1}{A_1}}.$$

Finalmente, al multiplicar por $-\frac{1}{A_1}$ y aplicar la función W de Lambert resulta que

$$-\frac{N_1 - R_1(\infty)}{A_1} = W\left(-\frac{S_1(0)}{A_1}e^{\frac{B_1(R_2(\infty))-N_1}{A_1}},\right).$$

de modo que el tamaño final de la epidemia en la región 1 está dado explícitamente por

$$R_1(\infty) = N_1 + A_1 W\left(-\frac{S_1(0)}{A_1}e^{\frac{B_1(R_2(\infty))-N_1}{A_1}}\right). \tag{15}$$

De manera análoga, utilizando la relación $S_i(\infty) = N_i - R_i(\infty)$ para $i \in \{1,2\}$ en la expresión correspondiente a $R_2(\infty)$, se sigue que

$$R_2(\infty) = I_2(0) + (\kappa_{E,2} + \gamma_{Q,2})\left[\frac{\beta^1 N_2 - N_1(1-p_{11})(\beta^2-\beta^1)}{\mu_2\beta^1\beta^2} + \frac{N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\right]\log\frac{S_2(0)}{N_2 - R_2(\infty)}$$
$$-\frac{(\kappa_{E,2}+\gamma_{Q,2})\nu_2}{\mu_2} - \frac{(\kappa_{E,2}+\gamma_{Q,2})N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\log\frac{S_1(0)}{N_1 - R_1(\infty)}.$$

Definiendo ahora

$$A_2 = (\kappa_{E,2} + \gamma_{Q,2})\left[\frac{\beta^1 N_2 - N_1(1-p_{11})(\beta^2-\beta^1)}{\mu_2\beta^1\beta^2} + \frac{N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\right],$$

y

$$B_2(R_1(\infty)) = I_2(0) - \frac{(\kappa_{E,2}+\gamma_{Q,2})\nu_2}{\mu_2} - \frac{(\kappa_{E,2}+\gamma_{Q,2})N_1(1-p_{11})}{\mu_2\beta^1 p_{11}}\log\frac{S_1(0)}{N_1 - R_1(\infty)},$$

la ecuación puede reescribirse como

$$R_2(\infty) = B_2(R_1(\infty)) + A_2\log\frac{S_2(0)}{N_2 - R_2(\infty)}.$$

Aplicando nuevamente el procedimiento anterior, obtenemos la expresión explícita para el tamaño final de la epidemia en la región 2 dada por

$$R_2(\infty) = N_2 + A_2 W\left(-\frac{S_2(0)}{A_2}e^{\frac{B_2(R_1(\infty))-N_2}{A_2}}\right). \tag{16}$$

Resultados numéricos

Con el propósito de estudiar numéricamente el comportamiento de los tamaños finales $R_1(\infty)$ y $R_2(\infty)$ cuando p_{11} se considera una variable aleatoria, se implementó un algoritmo iterativo en Python.

Inicialmente, se asignaron valores constantes a todos los parámetros del modelo epidemiológico; en particular, a los tamaños poblacionales N_1 y N_2, a las condiciones iniciales $S_i(0)$ e $I_i(0)$ y a las tasas de transmisión, progresión, recuperación y aislamiento. Posteriormente, los valores de μ_i y ν_i se calcularon directamente de las expresiones obtenidas teóricamente en la sección anterior.

A continuación, se supuso que la variable aleatoria p_{11} sigue una distribución uniforme en el intervalo [0.01, 0.99]. En cada ejecución del algoritmo se generaron veinte muestras independientes de dicha distribución y, para cada valor de p_{11}, se realizaron dos experimentos. En el primero se utilizó la rama principal W_0 de la función de Lambert, mientras que en el segundo se empleó la rama secundaria W_{-1}. El objetivo fue comparar el comportamiento del método iterativo bajo ambas ramas y determinar cuál de ellas, además de satisfacer las ecuaciones obtenidas analíticamente, tiene sentido biológico.

En cada experimento se parte de la aproximación inicial

$$R_2^{(0)}(\infty) = 0,$$

para luego sustituir este valor en (15) y obtener una aproximación inicial de $R_1(\infty)$. Luego, dicho valor se sustituye en la ecuación (16) para calcular una nueva aproximación de $R_2(\infty)$, de manera que al repetir este proceso se genera la sucesión

$$R_2^{(0)}(\infty), R_2^{(1)}(\infty), R_2^{(2)}(\infty), \ldots,$$

cuyo cálculo se detiene cuando se satisface alguno de los criterios de paro descritos a continuación.

Antes de evaluar la función de Lambert, se verifica en cada iteración que el argumento pertenezca a su dominio real. Esta verificación es necesaria debido a que la implementación disponible en la biblioteca SciPy únicamente devuelve valores reales cuando el argumento z satisface

$$-\frac{1}{e} \leq z < 0.$$

Para el cálculo de $R_1(\infty)$, el argumento de la función de Lambert está dado por

$$z_1 := -\frac{S_1(0)}{A_1} \exp\left(\frac{B_1 - N_1}{A_1}\right).$$

Puesto que $\frac{S_1(0)}{A_1}$ y $\exp\left(\frac{B_1 - N_1}{A_1}\right)$ son ambos positivos, se tiene necesariamente que $z_1 < 0$, así que basta verificar que $z_1 \geq -\frac{1}{e}$. De manera análoga, para el cálculo de $R_2(\infty)$ tenemos que comprobar que

$$z_2 := -\frac{S_2(0)}{A_2} \exp\left(\frac{B_2 - N_2}{A_2}\right) \geq -\frac{1}{e}.$$

Si alguna de estas condiciones deja de cumplirse durante el proceso iterativo, el experimento se clasifica como no convergente.

Asimismo, después de calcular cada aproximación se verifica que los tamaños finales satisfagan las restricciones biológicas

$$0 \leq R_i(\infty) \leq N_i, \text{ para } i = 1,2.$$

En caso de que alguna de estas condiciones no se satisfaga, el experimento se detiene y la solución obtenida se reporta como carente de interpretación biológica.

Finalmente, el método iterativo se considera convergente cuando se satisface el criterio

$$\left|R_2^{(k+1)}(\infty) - R_2^{(k)}(\infty)\right| < 10^{-10},$$

momento en el cual se detiene el proceso iterativo.

El procedimiento iterativo descrito anteriormente puede resumirse mediante el siguiente algoritmo:

VOLUMEN 48
XXXI Verano De la Ciencia
ISSN 2395-9797
www.jovenesenlaciencia.ugto.mx

Algorithm 1 Método iterativo para calcular $R_1(\infty)$ y $R_2(\infty)$

Require: Parámetros del modelo, número de muestras M, tolerancia ε y máximo de iteraciones $K_{\text{máx}}$.

for $m = 1, \ldots, M$ **do**
  Generar aleatoriamente $p_{11} \in (0, 1)$.
  for $W \in \{W_0, W_{-1}\}$ **do**
    Inicializar $R_2^{(0)}(\infty) = 0$.
    for $k = 0, \ldots, K_{\text{máx}} - 1$ **do**
      Calcular $R_1^{(k+1)}(\infty)$ mediante W.
      Verificar que el argumento de W pertenece a $[-1/e, 0)$.
      Verificar que $0 \leq R_1^{(k+1)}(\infty) \leq N_1$.
      Calcular $R_2^{(k+1)}(\infty)$ mediante la rama W.
      Verificar que el argumento de W pertenece a $[-1/e, 0)$.
      Verificar que $0 \leq R_2^{(k+1)}(\infty) \leq N_2$.
      if $\left| R_2^{(k+1)}(\infty) - R_2^{(k)}(\infty) \right| < \varepsilon$ **then**
        Registrar convergencia y salir del ciclo.
      end if
      $R_2^{(k)}(\infty) \leftarrow R_2^{(k+1)}(\infty)$.
    end for
    Registrar si convergió o si se alcanzó $K_{\text{máx}}$.
    Almacenar p_{11}, la rama W, $R_1(\infty)$, $R_2(\infty)$ y el número de iteraciones.
  end for
end for
return Resultados de los experimentos para W_0 y W_{-1}.

Cada ejecución del algoritmo genera un archivo de Excel en el que cada fila corresponde a un experimento independiente, como se muestra a continuación:

p11	Rama	Converge	Resultado	R1_inf	R2_inf	Iteracion_final
0.824182	W0	VERDADERO	Convergió	986.0339	1192.305	9
0.824182	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.056965	W0	FALSO	R1 fuera del intervalo [0,N1]			1
0.056965	W-1	FALSO	R1 fuera del intervalo [0,N1]			1
0.045497	W0	FALSO	R1 fuera del intervalo [0,N1]			1
0.045497	W-1	FALSO	R1 fuera del intervalo [0,N1]			1
0.322675	W0	VERDADERO	Convergió	991.1945	1192.13	38
0.322675	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.569336	W0	VERDADERO	Convergió	989.0061	1192.191	18
0.569336	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.595714	W0	VERDADERO	Convergió	988.7369	1192.199	17
0.595714	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.158965	W0	FALSO	R1 fuera del intervalo [0,N1]			1
0.158965	W-1	FALSO	R1 fuera del intervalo [0,N1]			1
0.45134	W0	VERDADERO	Convergió	990.1221	1192.158	25
0.45134	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.033326	W0	FALSO	R1 fuera del intervalo [0,N1]			1
0.033326	W-1	FALSO	R1 fuera del intervalo [0,N1]			1
0.982847	W0	VERDADERO	Convergió	983.6424	1192.424	5
0.982847	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.504828	W0	VERDADERO	Convergió	989.6333	1192.171	22
0.504828	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.967704	W0	VERDADERO	Convergió	983.8943	1192.41	5
0.967704	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.816558	W0	VERDADERO	Convergió	986.1365	1192.3	10
0.816558	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.70797	W0	VERDADERO	Convergió	987.4988	1192.244	13
0.70797	W-1	FALSO	R2 fuera del intervalo [0,N2]			1
0.593547	W0	VERDADERO	Convergió	988.7593	1192.199	17

La primera columna contiene el valor de p_{11} generado aleatoriamente. A cada uno de estos valores le corresponden dos filas, obtenidas al utilizar las ramas W_0 y W_{-1} de la función de Lambert. La columna "Converge" indica si el método iterativo alcanzó una solución que satisface los criterios de convergencia establecidos. En caso afirmativo, las columnas "R1_inf" y "R2_inf" muestran los tamaños finales obtenidos, mientras que la columna "Iteracion_final" indica el número de iteraciones necesarias para satisfacer el criterio de convergencia.

Por el contrario, cuando el algoritmo no converge, la columna Resultado especifica la causa correspondiente. En particular, pueden presentarse las siguientes situaciones:

El argumento de la función de Lambert dejó de pertenecer a su dominio real durante alguna iteración.

Alguno de los valores de $R_1^{(k)}(\infty)$ o $R_2^{(k)}(\infty)$ queda fuera del intervalo biológicamente admisible.

El algoritmo alcanza el número máximo de iteraciones sin satisfacer el criterio de convergencia.

Lo anterior permite comparar de manera directa el comportamiento de ambas ramas de la función de Lambert y analizar la influencia de la variable p_{11} sobre la estabilidad del método iterativo. En particular, para los parámetros considerados en este trabajo, los resultados muestran que únicamente la rama principal W_0 produce soluciones epidemiológicamente admisibles.

Conclusiones

En este trabajo se estudió el tamaño final de una epidemia en dos poblaciones interconectadas con una movilidad unidireccional y un modelo epidemiológico SEQIJR. Se obtuvo una representación explícita para los tamaños finales de ambas poblaciones mediante la función W de Lambert, a partir de lo cual se construyó un procedimiento iterativo para el cálculo de dichos tamaños finales de manera numérica.

Los resultados numéricos muestran que la elección de rama de la función W de Lambert juega un papel importante para la interpretación de soluciones a las ecuaciones presentadas. La rama principal conduce a resultados biológicamente admisibles, lo cual a su vez se traduce a la estabilidad del método iterativo, mientras que de la rama secundaria obtenemos soluciones que no resultan compatibles con las condiciones epidemiológicas del sistema. Por lo tanto, la incorporación de criterios de admisibilidad biológica constituye una parte esencial del análisis numérico. Además, el estudio del parámetro de movilidad como una variable aleatoria permite concluir que la aleatoriedad asociada al desplazamiento de individuos entre las regiones se propaga de manera directa a los tamaños finales de la epidemia, lo cual es de relevancia ya que muestra que en el análisis del impacto epidemiológico se debe de considerar la variabilidad dada por los patrones de movimiento de los habitantes. Lo anterior nos permite explorar cómo los diferentes escenarios de movilidad pueden modificar la magnitud del brote en cada región, contribuyendo a identificar situaciones en las que una población presenta más vulnerabilidad frente a la epidemia por la interacción con la otra población.

La importancia de este trabajo radica en que la obtención de relaciones analíticas para los tamaños finales de la epidemia, sumada a un método iterativo con una sencilla implementación, ofrece una alternativa para el estudio de modelos epidemiológicos con múltiples compartimentos y un tránsito entre las poblaciones. Además, las expresiones obtenidas permiten visualizar y distinguir la transmisión propia de cada región y aquella asociada a la interacción entre poblaciones generada por la movilidad, lo cual nos da una interpretación más detallada del aporte de cada población al resultado final de la epidemia. Ahora, desde una perspectiva aplicada, este tipo de análisis puede ser útil para estudiar escenarios más generales y donde las decisiones de control tienen que considerar tanto las características propias de cada región la conexión de la epidemia producida por el desplazamiento de individuos.

Luego, como futuras líneas de investigación se busca extender el modelo y los cálculos planteados al caso de un número arbitrario de poblaciones, esto mediante la formalización matemática del comportamiento del proceso iterativo y las condiciones necesarias para asegurar la convergencia de tal método, explicando así la estabilidad observada numéricamente y pudiendo aplicarlo para las distintas maneras en que un número mayor de poblaciones se relacionan entre sí propagando una epidemia. Por último, el análisis de la

dependencia entre los tamaños finales para las distintas poblaciones, sumado a lo ya mencionado, permitiría estudiar modelos más generales, esto con el propósito de comprender de manera más completa la propagación de epidemias en poblaciones conectadas por la movilidad.

Bibliografía/Referencias

Arino, J., & van den Driessche, P. (2003). A multi-city epidemic model. Mathematical Population Studies, 10(3), 175–193. https://doi.org/10.1080/08898480306732

Bichara, D., Kang, Y., Castillo-Chavez, C., Horan, R., & Perrings, C. (2015). SIS and SIR epidemic models under virtual dispersal. Bulletin of Mathematical Biology, 77(11), 2004–2034. https://doi.org/10.1007/s11538-015-0113-5

Brauer, F., Castillo-Chavez, C., & Feng, Z. (2019). Mathematical models in epidemiology. Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9828-9

Giménez-Mujica, U. J., Anzo-Hernández, A., & Velázquez-Castro, J. (2022). Epidemic local final size in a metapopulation network as indicator of geographical priority for control strategies in SIR type diseases. Mathematical Biosciences, 343, 108730. https://doi.org/10.1016/j.mbs.2021.108730

Giménez-Mujica, U. J., Velázquez-Castro, J., & Anzo-Hernández, A. (2023). Final size of the epidemic for metapopulation vector-borne diseases. Journal of Mathematical Analysis and Applications, 526(1), 127200. https://doi.org/10.1016/j.jmaa.2023.127200

Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. SIAM Review, 42(4), 599–653. https://doi.org/10.1137/S0036144500371907

Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences, 115(772), 700–721. https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118

Martcheva, M. (2015). An introduction to mathematical epidemiology. Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4899-7612-3

Velázquez-Castro, J., Anzo-Hernández, A., Bonilla-Capilla, B., Soto-Bajo, M., & Fraguela-Collar, A. (2018). Vector-borne disease risk indexes in spatially structured populations. PLOS Neglected Tropical Diseases, 12(2), e0006234. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006234