

PANDEMIA POR SARS-COV-2: UN MODELO MATEMÁTICO

Natalia Rinauto¹
Luis Pedro Lara²
Luisa Rodríguez³

RESUMEN: Como resultado de la pandemia, científicos de muchos países unieron sus esfuerzos para estudiar el comportamiento del virus y predecir la evolución de la pandemia. A través de la Dinámica Industrial, se propone un modelo matemático para estudiar la propagación de la enfermedad COVID-19, que ocurrió en Rosario, Argentina. Por lo tanto, esta presentación intenta ser una herramienta de entrenamiento para analizar la dinámica de la pandemia. Se estudia la estabilidad del modelo y el mismo se reduce a una ecuación diferencial autónoma de primer orden. Se establece una estrategia para determinar los parámetros del sistema. Las simulaciones numéricas reproducen con razonable precisión los datos experimentales, lo cual valida el modelo y permite predecir la dinámica de la infección frente a diversas medidas sanitarias.

PALABRAS CLAVES: Epidemiología, Dinámica Industrial, Simulación, SARS-CoV-2

¹ Universidad del Centro Educativo Latinoamericano, Argentina - nataliarinauto@aguasnaturales.com

² Universidad del Centro Educativo Latinoamericano, Argentina - lp Lara2014@gmail.com

³ Universidad del Centro Educativo Latinoamericano, Argentina

1 INTRODUCCIÓN

Las epidemias y pandemias han estado presentes a lo largo de historia de la humanidad, desde que el hombre comenzó a organizarse en grupos sociales formando núcleos de convivencia, las enfermedades contagiosas tomaron especial relevancia, siendo a veces de dimensiones desastrosas. Estos hitos sanitarios despiertan el interés de la comunidad científica, en particular generan una gran curiosidad matemática. Uno de los problemas más importantes en epidemiología es determinar las características del fin epidémico, esta conducta se intenta describir a través de modelos matemáticos. La pandemia puede llegar a su fin si se logra terminar con las infecciones, esto ocurre solo cuando no quedan individuos susceptibles, o si la interacción de los diversos factores de infectividad, recuperación y mortalidad puede conducir a la finalización del ciclo. En el trabajo teórico de la Ciencia y la Medicina, con frecuencia se realiza el modelado matemático [1, 2], para descubrir principios científicos o predecir el comportamiento de un sistema del mundo real. Uno de los primeros trabajos matemáticos para explicar la dinámica de la epidemia, corresponde a W.O.Kermack y A. G. McKendrick [3]. El trabajo está orientado a la pandemia en la ciudad de Rosario debida a un nuevo coronavirus, el SARS-COV-2; las mediciones se consideran desde el primero de agosto de 2020, fecha en la cual se inicia un marcado ritmo de contagios. Este virus se detectó y notificó por primera vez en Wuhan, China [4,5] en diciembre del 2019, una cepa que no se había encontrado en el ser humano. El coronavirus ocasiona una infección respiratoria denominada COVID-19 [4,6,7], es altamente contagioso y se transmite de forma directa, por medio de gotas de Flügge, micro gotas de secreciones, que puede ingresar por la conjuntiva ocular o mucosa respiratoria y de manera indirecta a través del contacto con objetos y superficies contaminadas con estas secreciones. Desde entonces, se detectaron miles de casos en China y en el resto del mundo, dispersándose de oriente a occidente. A fines de enero del 2020 la OMS declaró el brote como emergencia de salud pública, actualmente pandemia.

Los datos observacionales del número de infectados, recuperados y fallecidos son informados por la página oficial de la Municipalidad de Rosario [8]. Las pruebas utilizadas en la detección del virus corresponden a RNA o antígeno viral mediante el hisopado nasofaríngeo.

Se implementa un modelo matemático [5,9,10,11], determinístico y continuo, del tipo SIR que relaciona la variación de tres variables: población susceptible, infectada y recuperada. En términos matemáticos, este comportamiento se describe a través de ecuaciones diferenciales no lineales [2], las cuales requieren del uso de herramientas computacionales [12,13].

Es importante remarcar que este trabajo posee un enfoque teórico y por tratarse de un modelo, es una aproximación a la realidad. No se pretende dar una descripción exacta sino más bien cualitativa de la pandemia. A través del mismo se podrá experimentar diferentes hipótesis para simular la evolución de la epidemia, como, por ejemplo, determinar en qué tiempo se producirá el máximo de infectados y de esta forma, planificar los recursos médicos o determinar las extensiones temporales de diferentes fases para no saturar la atención médica. Un aspecto importante es la estrategia elegida para determinar las constantes del modelo con la menor distorsión posible. El trabajo está organizado de la siguiente forma, la sección 2 describe el modelo. En la sección 3 se desarrollan las propiedades más relevantes. En la sección 4, se determinan los parámetros. En la sección 5, se efectúan las simulaciones y por último en la sección 6, se presentan las conclusiones.

2 MODELO

Existe una gran variedad de modelos epidemiológicos [2, 9, 14, 15], se opta por considerar un modelo muy simple para describir la evolución de la epidemia. El mismo está basado en

el clásico sistema SIR, considerándose las siguientes hipótesis: i) la interacción del sistema con el entorno despreciable. ii) la escala de tiempo del modelo, la variación de las poblaciones de individuos sanos, infectados, recuperados o fallecidos son debidas exclusivamente a la infección, dado que el curso de la epidemia es corto en comparación con la vida de un individuo. iii) la persona infectada que atraviesa el curso de su enfermedad, finalmente se elimina del número de enfermos, por recuperación o por muerte. iv) el contagio es de un único tipo de virus, y se produce por la interacción entre los infectados y la población sana susceptible. v) el porcentaje de recuperados que vuelve a infectarse es despreciable, por tanto, la población susceptible de infectarse son los sanos menos los recuperados. Entonces, las ecuaciones se escriben como:

$$\dot{x}(t) = \left(-a (x(t) - w(t)) + b \right) y(t), \quad (1_a)$$

$$\dot{y}(t) = \left(a (x(t) - w(t)) - b \right) y(t) - c y(t), \quad (1_b)$$

$$\dot{z}(t) = c y(t), \quad (1_c)$$

$$\dot{w}(t) = b y(t) \quad (1_d)$$

donde $\dot{} = d/dt$; a, b, c parámetros reales positivos a determinar, los cuales son considerados constantes en la escala de tiempo del análisis; $x(t)$ es la población efectiva sana que puede infectarse por interacción social o contactos de superficies, $y(t)$ es la población infectada, $z(t)$ los fallecidos y $w(t)$ la población de recuperados. Dado que, los recuperados no vuelven a infectarse, la tasa de contagios es: $a(x(t) - w(t))y(t)$ que modela la interacción entre la población infectada y la susceptible de contagiarse. Siendo $b y(t)$, la tasa de recuperación es y $c y(t)$, la tasa de mortandad. Los tres parámetros a, b, c y la población inicial efectiva que interactúa con los infectados x_0 , se determinan a partir de las observaciones. Principalmente el éxito del trabajo consiste en la determinación de los parámetros como también en reducir el sistema a una ecuación de primer orden.

3 ALGUNAS PROPIEDADES

En esta sección se desarrollan las siguientes propiedades:

i) Los puntos fijos del sistema (1) son no aislados: x^*, z^*, w^* reales positivos, y además $y^*=0$. La estabilidad de los mismos se determina mediante la aproximación a primer orden, se consideran solo las ecuaciones (1_{a; b; d}); dado que $z(t)$ no interviene en la dinámica de estas. Entonces, la matriz Jacobina, evaluada en los puntos fijos resulta:

$$J(x^*, 0, w^*) = \begin{pmatrix} 0 & -a(x^* - w^*) + b & 0 \\ 0 & a(x^* - w^*) - b - c & 0 \\ 0 & b & 0 \end{pmatrix}$$

cuyos valores propios son: $L_1 = 0$, $L_2 = 0$, $L_3 = a(x^* - W^*) - (b + c)$; con lo cual para $x^* > [(b + c) / a] + w^*$, resulta $L_3 > 0$, luego los puntos fijos son inestables y en la vecindad de $y = 0$: $dy/dx > 0$, por lo tanto, la población de infectados crece, siendo esta la condición necesaria para la epidemia. A la inversa si $x^* < [(b + c) / a] + w$, resulta $L_3 < 0$ siendo los puntos fijos son asintóticamente estables, lo que significa que el nivel de infectados tiende a cero. En el espacio (x, y, w) , el campo vectorial $\vec{F} = (F_x, F_y, F_w)$:

$$F_x = (-a(x - w) + b)y ,$$

$$F_y = (a(x - w) - b - c)y ,$$

$$F_w = b y ,$$

$x > (b / a) + w$ entonces $F_x < 0$ además $F_y > 0$, si $x > [(b + c) / a] + w$ con lo cual se produce el aumento de infectados y disminución de sanos. Teniendo en cuenta que el número de recuperados w es creciente, existe un x tal que $x = [(b + c) / a] + w$, y anula a F_y ; luego para $x < [(b + c) / a] + w$ resulta $F_y < 0$ con lo cual la población de infectados decrece hasta anularse. En resumen, inicialmente el número de infectados crece, llega a su máximo y luego decrece hasta anularse. Cuando la relación entre infectados y sanos es tal que en la etapa inicial resulta $F_x > 0$ entonces no hay epidemia, dado que y es siempre decreciente.

ii) Integrando las ecuaciones (1_{c,d}) la población de fallecidos y recuperados se expresan como

$$z(t) = z_0 + c \int_{t_0}^t y(s) ds \quad (2)$$

$$w(t) = w_0 + b \int_{t_0}^t y(s) ds \quad (3)$$

por ser $0 \leq y(t)$, entonces $z(t)$ y $w(t)$ son no decrecientes. Teniendo en cuenta las dos últimas ecuaciones y operando obtenemos

$$z(w) = z_0 + \frac{c}{b} (w - w_0) ,$$

En la Figura 1 se compara la predicción teórica con los datos observados. Las constantes c , b y valores iniciales se determinan en la sección 4.

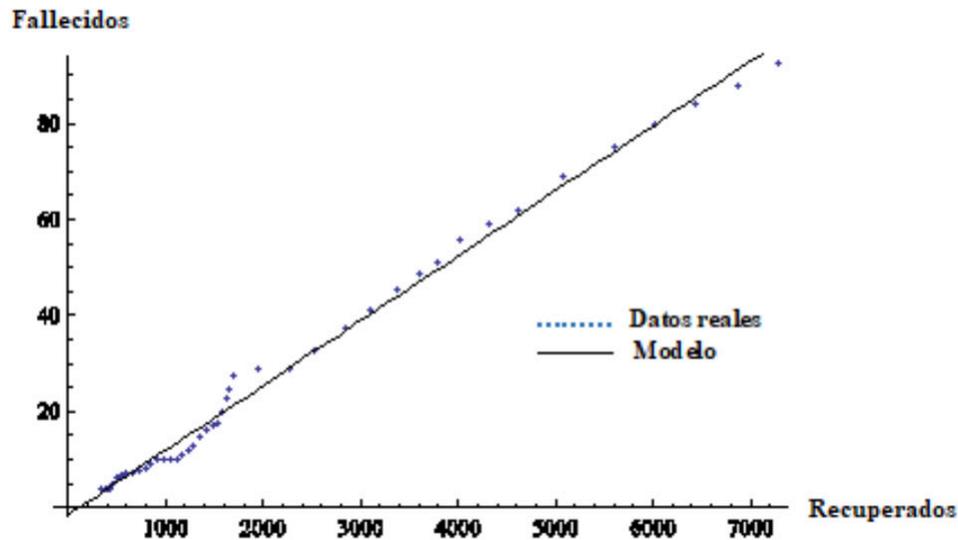


Figura 1: Número de falecidos em função de la cantidad de infectados recuperados.

iii) Teniendo en cuenta que la población de recuperados es no decreciente, se considera a w como variable independiente. A través de las ecuaciones (1_{a,d}) resulta:

$$x'(w) = -\frac{a}{b} (x(w) - w) + 1, \quad (4)$$

donde $' = d/d w$, e integrando con el valor inicial $x(0) = x_0$:

$$x(w) = w + x_0 e^{\left(-\frac{a}{b} w\right)}, \quad (5)$$

de la misma forma, mediante las ecuaciones (1_{b,d}):

$$y'(w) = \frac{a}{b} (x(w) - w) - \frac{c}{b} - 1,$$

y considerando el valor inicial $y(0) = y_0$, resulta:

$$y(w) = y_0 + x_0 \left(1 - e^{\left(-\frac{a}{b} w\right)}\right) - \left(1 + \frac{c}{b}\right) w, \quad (6)$$

por último, teniendo en cuenta esta ecuación, la fórmula (1_d) se reescribe como:

$$\dot{w}(t) = \alpha_1 - \alpha_2 w - \alpha_3 e^{(-\alpha_4 w)}, \quad (7)$$

donde $a_1 = b(x_0 + y_0)$, $a_2 = 1 + (c/b)$, $a_3 = bx_0$, $a_4 = a/b$.

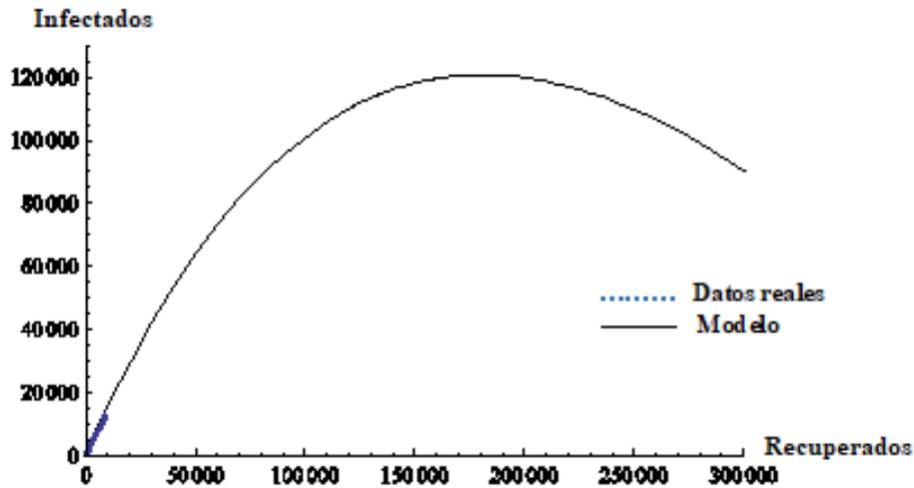


Figura 2: Población de infectados en función de los recuperados.

La condición para que la ecuación (7) tenga un punto fijo es que $a_1 > a_3$, lo cual se satisface ya que $y_0 > 0$; y es simple comprobar que el punto fijo es asintóticamente estable. Debido a la no linealidad, no es posible determinar analíticamente $w(t)$ y debe computarse mediante métodos numéricos [13]. En la Fig. 2 se representa el nivel de infectados vs la población de recuperados.

iv) En el tiempo t_{max} se produce el máximo de infectados: $(d/dt)y(t_{max}) = 0$ y además cambia la concavidad de $w(t)$. Entonces, teniendo en cuenta el segundo miembro de la Ec.(1_b), debe satisfacerse $(a(x_{max} - w_{max}) - b - c)y_{max} = 0$; y por ser $y \neq 0$ resulta:

$$x_{max} = w_{max} + \frac{b + c}{a},$$

expresando $x = x(w)$ y usando la fórmula (5) resulta:

$$w_{max} = \frac{b}{a} \log_e \frac{ax_0}{b + c},$$

sustituyendo en la fórmula (6):

$$y_{max} = x_0 + y_0 - \frac{b + c}{a} \left(1 + \log_e \frac{ax_0}{b + c} \right), \quad (9)$$

con lo cual, el valor máximo de infectados queda determinado por los parámetros a, b, c y los valores iniciales x_0, y_0 . Integrando la ecuación (7), se determina el valor de t_{max} de manera de satisfacer la fórmula (8).

4 DETERMINACIÓN DE LOS PARÁMETROS

Mediante las mediciones efectuadas por la Municipalidad de Rosario [10] que comprenden desde el primero de agosto hasta el cinco de setiembre, día en que la comuna impuso un

cambio de fase más restrictivo, se efectúa la determinación de los parámetros del sistema. A partir de los valores iniciales $y(t_0) = y_0$, $z(t_0) = z_0$, $w(t_0) = w_0$, $t_0 = 1$ de agosto de 2020, integrando el sistema (1) se considera la aproximación: $x(t) - w(t) = X - w_0 = \text{constante}$, se obtiene:

$$y(t) = y_0 e^{(\alpha(t-t_0))} \quad (10_a)$$

$$z(t) = z_0 + \frac{y_0 c}{\alpha} \left(e^{(\alpha(t-t_0))} - 1 \right) \quad (10_b)$$

$$w(t) = w_0 + \frac{y_0 b}{\alpha} \left(e^{(\alpha(t-t_0))} - 1 \right) \quad (10_c)$$

$$\alpha = aX - b - c \quad (10_d)$$

durante el período inicial de 30 días, los datos son suavizados mediante el método de promedio móvil. Los valores experimentales ajustados a las fórmulas (10) mediante mínimos cuadrados. Usando la fórmula (10a) las constantes y_0 , a , quedan determinadas. Luego mediante la fórmula (10_b), se obtiene z_0 , c ; por último, mediante (10_c) w_0 , b son obtenidos. Los valores resultantes son $a = 7.07292 \cdot 10^{-2}$, $b = 4.44937 \cdot 10^{-2}$, $c = 6.4153 \cdot 10^{-4}$. Aún resta determinar X y la población efectiva X . Mediante el método del disparo, fijado un valor inicial para X y por consiguiente a para luego integrar el sistema (1). Mediante aproximaciones sucesivas se determina la población X de manera que la suma de los valores absolutos de los errores relativos de y , z , w en $t = 30$ respecto de los observados sea mínima, obteniéndose $X = 5 \cdot 10^5$; $a = 2.31729 \cdot 10^{-7}$. Recordemos que la condición para que ocurra la epidemia es que $x_0 > [(b + c) / a] + w_0$, inequación que se satisface. Es importante remarcar que X representa la población efectiva que interactúa con los enfermos y no la población total de la ciudad. En las Figs. 3a, b, c se comparan las observaciones con la predicción del modelo donde los puntos corresponden a las observaciones.

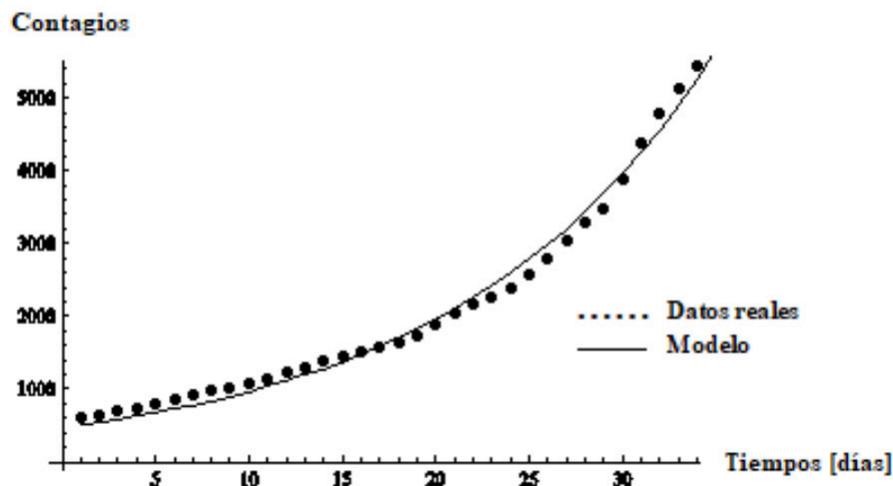


Figura 3a: Número de contagios confirmados en función del tiempo medido en días.

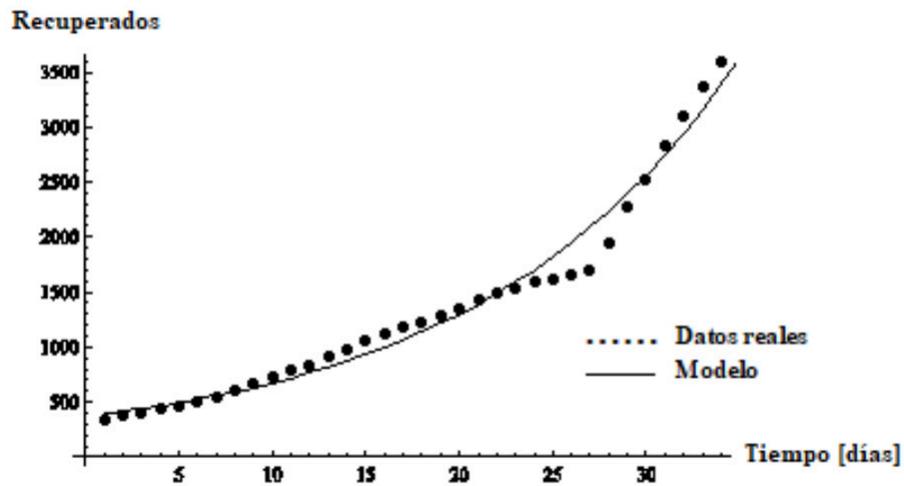


Figura 3b: Número de recuperados en función del tiempo medido en días.

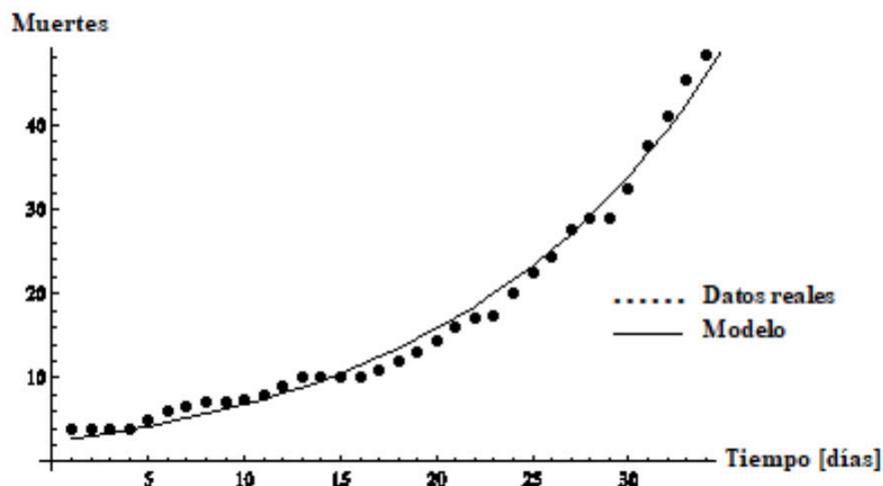


Figura 3c: Número de muertes en función del tiempo medido en días.

Al momento de escribirse este trabajo, se dispuso de una mayor cantidad de observaciones que involucran hasta el mes de octubre. Luego, mediante experimentos numéricos, considerando lotes de treinta días, se predice hasta quince días futuros, con un error relativo porcentual inferior al diez por ciento.

5 PROYECCIÓN

A partir de los datos del mes de agosto y asumiendo que los parámetros se mantienen constantes, se extrapola hasta $t = 130$ días. En las Figs. 4 a,b se representan $y(t)$, $z(t)$ y $w(t)$. El pico de la epidemia ocurre el día $t_{max} \approx 110$ días, y mediante la fórmula (9) determinan que $y_{max} = 120000$ infectados y mediante la fórmula (8) resulta $w_{max} = 220000$ recuperados.

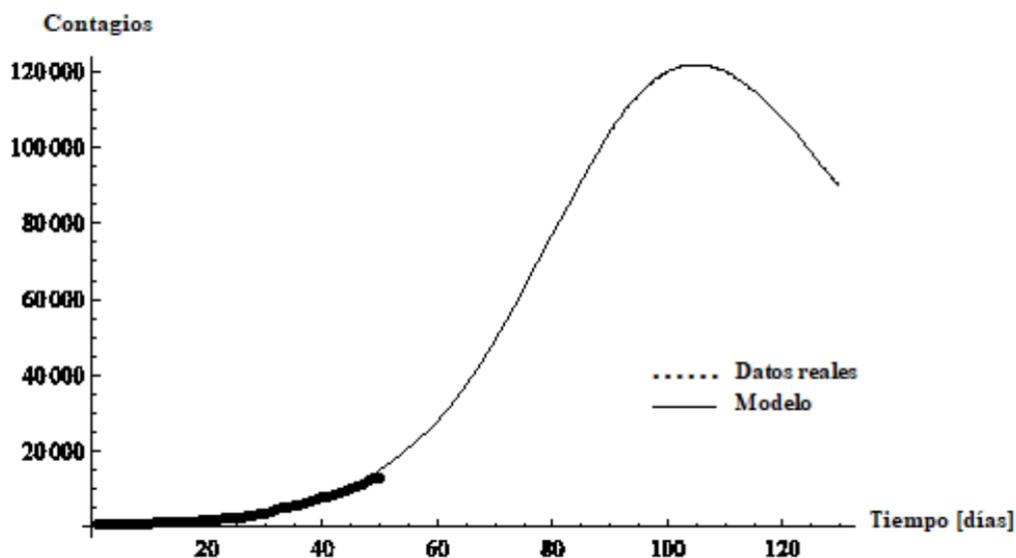


Figura 4a: Número de contagios en función del tiempo medido en días.

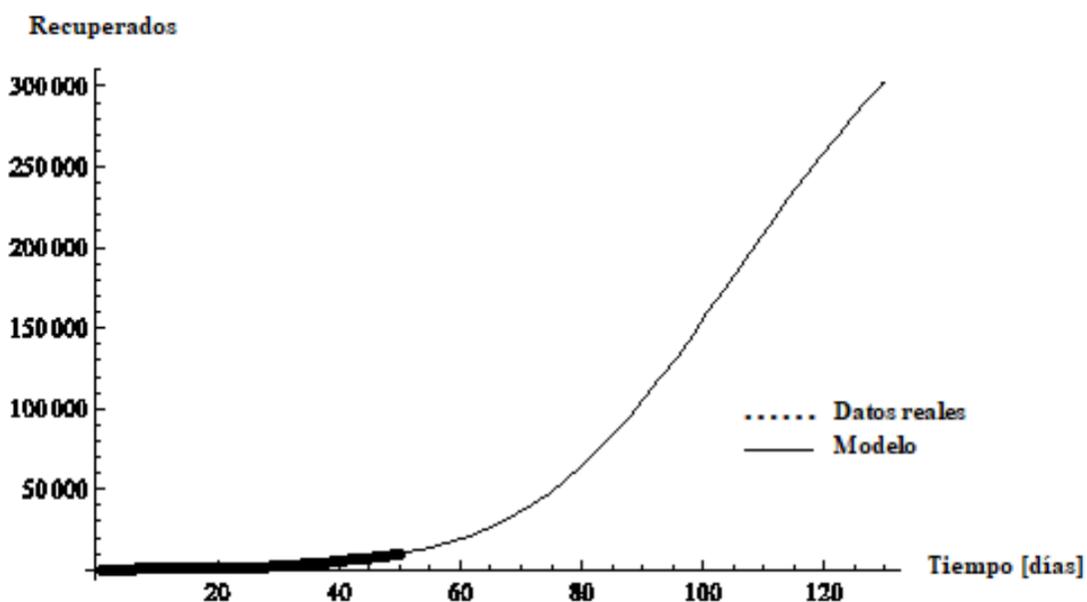


Figura 4b: Número de recuperados en función del tiempo medido en días.

5.1 CAMBIO DE AISLAMIENTO

Debido al fuerte crecimiento de infectados, a partir del 5 de septiembre y por 15 días, el gobierno de la Municipalidad de Rosario restringió la fase 4 a la fase 2 que impone mayor aislamiento. En la Fig. 5 se muestra la evolución de infectados, a pesar del cambio de fase hasta el día 50 no se detectaron cambios significativos en la dinámica de contagios. El cambio de aislamiento, se simuló con un retardo de 10 días a partir del inicio de cambio de fase. El parámetro de contagios a se cambia mediante un polinomio cuadrático de Lagrange $p(t)$ que satisface: $p(45) = a$, luego decrece hasta $(2/3)a$ en $t = 52.5$ y recupera su valor inicial en el día 60. Por simplicidad se muestra solamente la evolución de los infectados. Una vez que se retoma la fase inicial, la dinámica mantiene el comportamiento anterior.

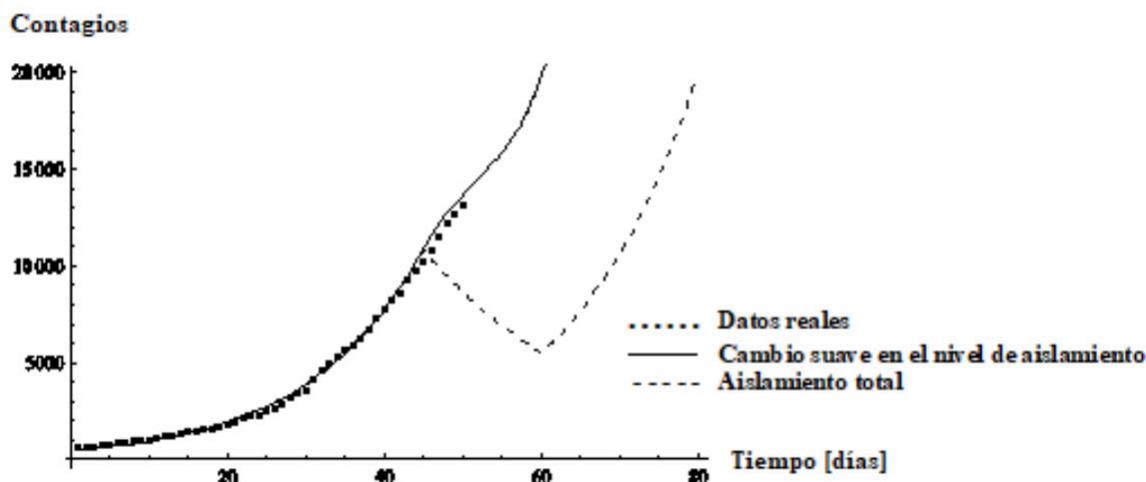


Figura 5: Número de contagios en función del tiempo medido en días.

Si en cambio, el día 5 de agosto es anulado el factor de contagio a , el número de infectados, representados por la línea de trazos decrece abruptamente, si bien las recuperaciones y fallecimientos poseen una cierta demora. Al cabo de 15 días a retoma su valor original.

En las Figs. 6 a,b, en las curvas de trazos, se ha liberado las restricciones de contactos desde el primero de setiembre, lo cual aumenta el factor de contagio y acelera la epidemia. Al tener una escala de tiempo menor, mejoraría la conducta social y la economía regional. Pero presenta el inconveniente que se requiere una logística sanitaria más intensa, cuestión que no siempre es factible. Finalmente, el número total de fallecidos no difiere mucho entre ambas alternativas.

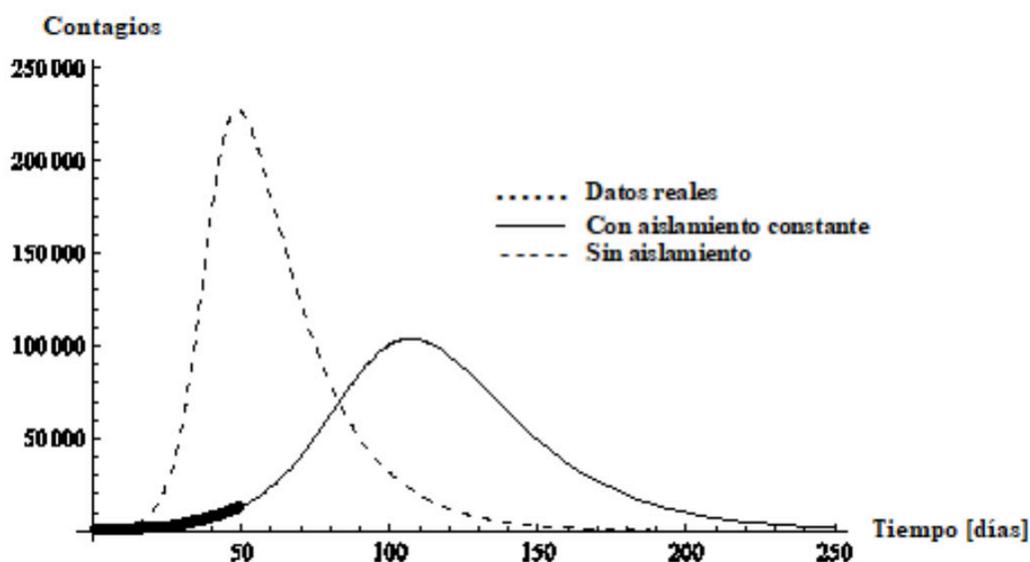


Figura 6a: Número de contagios en función del tiempo medido en días.

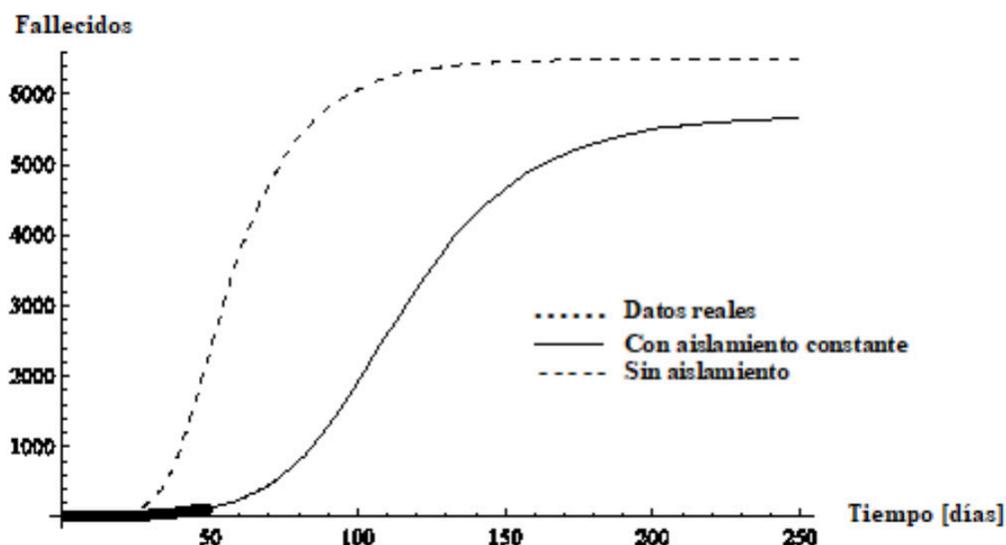


Figura 6b: Número de fallecidos en función del tiempo medido en días.

6 CONCLUSIONES

Los autores consideran que el desarrollo del trabajo es de utilidad para los estudiantes de ciencias y constituye un claro ejemplo, que, a partir de simples conceptos, puede construirse un modelo que tiende a describir la dinámica real. En este artículo se desarrollan algunas propiedades analíticas de la dinámica y la estabilidad de las soluciones. El sistema de ecuaciones diferenciales no lineales se reduce a una ecuación de autónoma de primer orden y mediante una simple integración, se expresa analíticamente el número de fallecidos e infectados en función del número de recuperados y se determina el número máximo de infectados. Los parámetros del modelo tipo SIER son determinados, el cual aproxima bien los datos informados en la ciudad de Rosario. A partir del 1 de agosto, la población efectiva inicial sana que interaccionó con la infectada es determinada, siendo del orden de 500.000 personas, con una población de la ciudad superior al millón. Si la vacuna no está disponible o no se implementan cambios sustanciales en el distanciamiento social, se predice la evolución del número de infectados, recuperados y fallecidos. Con lo cual, al cabo de aproximadamente 120 días, más del 20% serán contagiados. Sin embargo, debido a los cambios de distanciamiento social, los parámetros del modelo cambian con lo cual a medida que van surgiendo más datos se recalculan las constantes del sistema, teniendo una razonable predicción considerando lotes de treinta días para predecir hasta los primeros quince días futuros. La eliminación de la cuarentena es simulada, como también el cambio de aislamiento social durante un breve periodo de tiempo. Estos experimentos numéricos resultan útiles para ensayar diferentes políticas de aislamiento de la sociedad y evitar la saturación del sistema sanitario como su planificación. En lo referente a la fuerza de trabajo, la predicción del 20 % de contagiados al cabo de 120 días, será menor ya que la enfermedad afecta con mayor intensidad a los adultos. Sin embargo, dicha porcentaje constituye una cota superior al número de contagiados en la poblacional laboral. Por otro lado, el mayor número de ausencias laborales se produce durante al menos las primeras dos semanas posteriores al máximo de infectados. No se han estudiado los recursos sanitarios, debido a la falta de información confiable, ya que el sistema de salud está formado por Hospitales Públicos, Privados y Centros de Salud, pero a través del modelo se concluye, que el recurso sanitario tendrá su mayor demanda en una etapa posterior al máximo de infectados. Es interesante remarcar que la metodología con que se desarrolló

el modelo puede podría extenderse a otras epidemias causadas por otros virus, siempre y cuando posean una dinámica similar. En una futura etapa, los autores desean mejorar la predicción de la simulación para una escala de tiempo mayor, lo cual requiere replantear la estrategia del análisis de los datos experimentales.

AGRADECIMIENTOS

Los autores expresan su agradecimiento a los referees por sus valorables comentarios y sugerencias.

SARS-COV-2 PANDEMIC: A MATHEMATICAL MODEL

ABSTRACT: As a result of the pandemic, scientists from many countries joined forces to study the behavior of the virus and predict the evolution of the pandemic. Through Industrial Dynamics, we propose a mathematical model to study the spread of the COVID-19 disease, which occurred in Rosario, Argentina. Therefore, this presentation is intended to be a training tool to analyze the dynamics of the pandemic. We study the stability of the model and reduce the problem to a first-order autonomous differential equation. We establish a strategy to determine the parameters of the system. The numerical simulations reproduce the experimental data with reasonable precision, which validates the model and makes it possible to predict the dynamics of the infection considering various health measures.

KEYWORDS: Epidemiology, Industrial Dynamics, Simulation, SARS-CoV-2

Originais recebidos em: 01/12/2020
Aceito para publicação em: 29/06/2021

REFERENCIAS

Chicone, C., (1999), **Ordinary Differential Equations with Applications**, Springer, New York.

Strogatz, S., (1994) **Nonlinear Dynamics and Chaos**, Addison- Wesley, New York.

Kermack W.O., McKendrick A. G., (1927), A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. **Proceedings of the Royal Society A**. 115 (772): 700 721.

<https://www.sadi.org.ar/coronavirus>

Koczkodaj W.W., Mansournia M.A., Pedrycz W., Wolny-Dominiak A., Zabrodskiie P.F., Strzakaf D., Armstronga T., Zolfagharia A.H., Debskig M., Mazurekh J.,(2020), 1,000,000 cases of COVID-19 outside of China: The date predicted by a simple heuristic, **Global Epidemiology 2** ,100023.

Trilla A., (2020), One world, one health: The novel coronavirus COVID-19 epidemic, **Media Clínica (Barc)**;154(5):175 177

Garcia-Alamino J.M., (2020), Aspectos epidemiológicos, clínica y mecanismos de control de la pandemia por SARS-Cov-2, **Enfermería Clínica**.

<https://www.rosario.gob.ar/web/coronavirus/coronavirus-informes-de-situación-y-tableros>

Torrealba Rodriguez O., Conde Gutierrez R.A., Hernandez A.L., (2020), Modeling and prediction of COVID-19 in Mexico applying mathematical and computational models, **Chaos, Solitons and Fractals** 138, 109946.

Pradas Velasco R., Antonanzas Villara F., Mar J., (2009), Modelos matemáticos para la evaluación económica: los modelos dinámicos basados en ecuaciones diferenciales, **Gaceta Sanitaria**; 23(5):473 478.

Breda D., Diekmann O., de Graaf W.F., Pugliese A., Vermiglio A., (2012), On the formulation of epidemic models (an appraisal of Kermack and McKendrick), **Journal of Biological Dynamics**, Vol. 6, Suppl. 2, 103 117.

Chapra S., Canale R., (1999), **Numerical Methods**, Mc Graw Hill, México.

Flannery B. et al., (1987), **Numerical Recipes**, Cambridge University Press, New York.

Nda Rou F., Area I., Nieto J., Torres D. F.M., 0(2020), Mathematical modeling of COVID-19 transmission dynamics with a case study of Wuhan, **Chaos, Solitons and Fractals** 135, 109846.

Sanchez Villegas P., Codina A. D., (2000), Modelos predictivos de la epidemia de COVID-19 en España con curvas de Gompertz, **Gaceta Sanitaria**; (en prensa).