



SELECCIONES MATEMÁTICAS

Universidad Nacional de Trujillo

ISSN: 2411-1783 (Online)

2020; Vol. 7(1): 162-171.



Un Modelo Matemático SIR-D Segmentado para la Dinámica de Propagación del Coronavirus (COVID-19) en el Perú

A Segmented SIR-D Mathematical Model for Coronavirus Propagation Dynamics (COVID-19) in Peru

Neisser Pino Romero¹, Percy Soto-Becerra² and Ricardo Angelo Quispe Mendizábal³

Received, May. 29, 2020

Accepted, Jun. 24, 2020



How to cite this article:

Pino N, Soto-Becerra P, Quispe R. *Un Modelo Matemático SIR-D Segmentado para la Dinámica de Propagación del Coronavirus (COVID-19) en el Perú*. *Selecciones Matemáticas*. 2020;7(1):162–171. <http://dx.doi.org/10.17268/se1.mat.2020.01.15>

Resumen

El presente estudio propone el uso de un modelo matemático SIR-D segmentado para predecir la evolución de poblaciones epidemiológicas de interés en la pandemia del COVID-19 (Susceptible [S], Infectados [I], Recuperados [R] y muertos [D]), información que, a menudo, es clave para orientar la toma de decisiones en la lucha contra epidemias. Con la finalidad de obtener una mejor calibración del modelo y un menor error de predicción en el corto plazo, realizamos la segmentación del modelo en 6 etapas de periodos de 14 días cada uno. En cada etapa, las tasas epidemiológicas que definen el sistema de ecuaciones se estiman empíricamente mediante regresión lineal de los datos de vigilancia epidemiológica que el Ministerio de Salud del Perú recoge y reporta diariamente. Esta estrategia mostró una mejor calibración del modelo en comparación con un modelo SIR-D no segmentado.

Palabras clave. Coronavirus (COVID-19), Epidemiología, Ecuaciones Diferenciales Ordinarias, Simulación Computacional, Métodos de Regresión.

Abstract

The present study proposes the use of a segmented SIR-D mathematical model to predict the evolution of epidemiological populations of interest in the COVID-19 pandemic (Susceptible [S], Infected [I], Recovered [R] and dead [D]), information that is often key to guiding decision-making in the fight against epidemics. In order to obtain a better model calibration and a lower prediction error in the short term, we performed the model segmentation in 6 stages of periods of 14 days each. At each stage, the epidemiological rates that define the system of equations are empirically estimated by linear regression of the epidemiological surveillance data that the Peruvian Ministry of Health collects and reports daily. This strategy showed better model calibration compared to an unsegmented SIR-D model.

Keywords . Coronavirus (Covid-19), Epidemiology, Ordinary Differential Equations, Computational Simulation, Regression Methods.

1. Introducción. La enfermedad por coronavirus 19 (COVID-19, por siglas en inglés) es una de las mayores amenazas globales del siglo XXI. Desde que la Organización Mundial de la Salud (OMS) reportó el 21 de enero de 2020 la existencia de un brote por un nuevo virus denominado SARS-CoV-2 [20], la infección se ha expandido rápidamente alrededor del mundo y convertido en una pandemia [21]. En el Perú, se registró el primer caso confirmado el día 6 de marzo de 2020 y el 11 de marzo se decretó estado de emergencia sanitaria, fortaleciéndose las actividades de prevención y control. Desde el 16 de marzo del

*Facultad de Ciencias y Filosofía, Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú (neisser.pino@upch.pe).

†Instituto de Evaluación de Tecnologías en Salud e Investigación - IETSI, EsSalud. Lima, Perú (percys1991@gmail.com).

‡Facultad de Ciencias Físicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú (ricardo.quispe5@unmsm.edu.pe).

2020, se inició una fase de aislamiento social obligatorio y se intensificaron las acciones de prevención y control.

Específicamente en el Perú se realizaron diversas intervenciones para prevenir la propagación del COVID-19, tales como el estado de cuarentena total, el toque de queda en las noches, reducción de actividades económicas no esenciales que implicaban la aglomeración de personas, así como todo tipo de actividades culturales, recreativas y sociales. Asimismo, se inició un paulatino fortalecimiento del tamizaje del COVID-19, así como el incremento de la capacidad resolutiva de los hospitales, incluyendo el aumento de unidad de cuidados intensivos y de ventiladores mecánicos. Paralelamente a estos esfuerzos, las matemáticas también jugaron y juegan un papel clave en la lucha contra el COVID-19 al orientar la toma de decisiones relacionadas a las medidas de control y prevención. Diversos modelos matemáticos han sido utilizados para proyectar la evolución de la epidemia del COVID-19 y evaluar escenarios de control y su posible impacto, lo cual ha permitido identificar estrategias que permitan enfrentar la pandemia impidiendo la saturación o colapso del sistema de salud y reduciendo al mínimo la afectación de la actividad económica de los países. [16, 19].

2. Modelo Matemático. Partiremos de un modelo matemático determinístico, compartimental, modificado del modelo SIR de Kermack-McKendric (1927) y aplicado a COVID-19 en el artículo divulgativo “Estimating and Simulating a SIRD Model of COVID-19 for Many Countries, States and Cities” [10]. Se presenta el modelo matemático en donde expresan propiedades elementales pero importantes de este modelo para proyectar la dinámica de transmisión entre poblaciones epidemiológicas. [5, 8, 16].

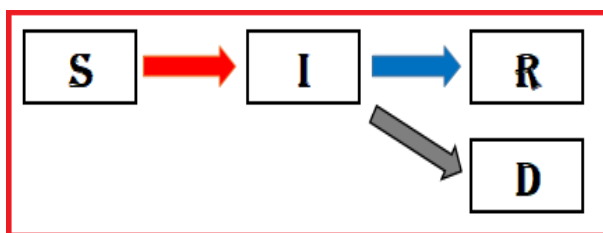


Figura 2.1: Modelo Comportamental SIR-D (Covid-19). Elaboración : Creación Propia

El diagrama presentado en la figura anterior muestra las poblaciones epidemiológicas de interés: los Susceptibles (S), Infectados (I), Recuperados (R) y Fallecidos (D). Ahora presentaremos los parámetros (tasas epidemiológicas) utilizados para nuestro modelo SIR-D. [8, 10].

Tabla 2.1: Tasas Epidemiológicas del Modelo SIR-D

Parámetros	Descripción	Unidad
β	Tasa de Contagio por unidad de Tiempo	$1/T$
α	Tasa de Recuperación por unidad de Tiempo	$1/T$
μ	Tasa de Letalidad por el Covid19 por unidad de Tiempo	$1/T$

Después de haber definido nuestras poblaciones epidemiológicas y las tasas epidemiológicas para la formalización del modelo SIR-D. [10].

$$(2.1) \quad \left\{ \begin{array}{l} S' = -\beta \left(\frac{SI}{N} \right) \\ I' = \beta \left(\frac{SI}{N} \right) - \alpha I - \mu I \\ R' = \alpha I \\ D' = \mu I \\ \\ S(0) = S_o \geq 0 ; I(0) = I_o \geq 0 \\ R(0) = R_o \geq 0 ; D(0) = D_o \geq 0 \\ \\ 0 < \alpha, \beta, \mu < 1 \end{array} \right.$$

Como se puede observar en la ecuación (2.1), se tiene el modelo SIR-D, el cual es uno de los modelos conocidos más elementales que son utilizados para estudiar la propagación de enfermedades infecciosas en las poblaciones epidemiológicas de interés descritas en la Figura 2.1 (Susceptibles, Infectados, Recuperados) Este modelo asume que la población total es constante. Además, permite estimar el Número Básico de Reproducción (\mathfrak{R}_o), el cual nos permitirá conocer la cantidad de infectados que puede ocasionar un solo infectado en promedio. Cuando $\mathfrak{R}_o < 1$, significa que la epidemia descenderá pudiendo incluso extinguirse. Por el contrario, cuando $\mathfrak{R}_o > 1$, la epidemia ascenderá. La dinámica entre las tasas de entrada (tasa de infección) y de salida (tasa de recuperación y de mortalidad) de la epidemia producen la evolución de la epidemia. [5, 14, 16]. El cálculo de este parámetro epidemiológico se puede obtener del modelo (2.1) de la siguiente forma como lo sugiere Gonzáles en [11].

$$(2.2) \quad \mathfrak{R}_o = \frac{\beta}{\alpha + \mu}$$

Y además, se puede determinar la población máxima de Infectados del modelo (2.1) según Pereda [7].

$$(2.3) \quad I_{max} = S_o + I_o + \frac{\alpha + \mu}{\beta} \left[\log\left(\frac{\alpha + \mu}{\beta}\right) - \log(S_o) - 1 \right]$$

El número máximo de Infectados (I_{max}) expresado en la ecuación (2.3) se puede complementar con la ecuación (2.2) para que esté relacionado con el Número Básico de Reproducción (\mathfrak{R}_o). [7, 11].

$$(2.4) \quad I_{max} = S_o + I_o + \mathfrak{R}_o^{-1} \left[\log(\mathfrak{R}_o^{-1}) - \log(S_o) - 1 \right]$$

El modelo SIR-D, pese a ser un modelo matemático muy elemental, nos permite modelar adecuadamente la propagación de la pandemia (COVID-19) en un corto plazo con proyecciones bastante próximas debido a que solamente se tiene únicamente tres parámetros a calcular. Por otro lado, se podría extender a un modelo SEIR-D que incluye a la población de los Expuestos, esta población posee una característica fundamental que es el periodo de incubación, es decir, la persona infectada tiene que pasar un tiempo para poder ser capaz de contagiar a otras personas. Pero en estos momentos se necesita deducir respuestas rápidas donde la consideración de los infectados presentes en la sociedad pueden contagiar directamente es alta además, que hay una población Asintomática que también puede contagiar sin presentar ningún síntoma visible. Estas dos poblaciones son difíciles de cuantificar su presencia para evaluar su impacto social con datos y poder considerar intervenciones sostenibles, pero sabemos que genera un impacto epidemiológico muy fuerte y deben ser incluidas de forma importante en el análisis matemático. Por ende, se puede omitir el periodo de incubación con esta perspectiva y suponer que la población asintomática se considere infectada para ver el impacto generado en la población susceptible. [1, 3, 16, 17].

Con respecto a la formalidad matemática se puede encontrar en [10, 11] como la existencia de las soluciones, la positividad de las soluciones y estabilidad del modelo. En el presente trabajo, nos enfocaremos en las simulaciones computacionales y su enfoque de los métodos numéricos que se puede generar del modelo matemático (2.1), y la dinámica que posee las tasas epidemiológicas consideradas. [14].

En la actualidad se tiene diversas publicaciones sobre la dinámica del Covid-19 donde se propone modelos matemáticos con una complejidad y una aproximación adecuada al comportamiento de la pandemia

en diferentes partes del mundo. Y a pesar, que los modelos son enfocados a una región de un país, el patrón del comportamiento puede ser similar y se puede considerar para focalizarlo a la realidad que se quiere modelar. Algunos de los artículos propuestos serían de Acuña-Zegarra et al. [1], Aguilar et al. [3], Chatterjee et al. [4], Fang et al. [9], Ma [6], y Munayco et al. [17]. Realmente, hay bastante bibliografía relacionado al Covid-19 en las diferentes áreas de la ciencia, trabajos multidisciplinarios en busca de frenar la propagación de la pandemia. Donde la teoría matemática permite abordar con diferentes enfoques y alcances. [19].

3. Simulación Computacional. Una gran ayuda que se tiene para poder conocer el comportamiento en el tiempo es la aproximación numérica (métodos numéricos) que nos permiten visualizar de manera gráfica y dinámica la evolución que tiene las poblaciones y poder contrastarlo con los datos reales que se tiene de la pandemia. [5, 16] y las directrices que brinda la OMS [19]. Para el estudio computacional se tomará en cuenta 82 días de la pandemia, desde el 6 de marzo al 26 de mayo. Con estos datos realizaremos la siguiente gráfica que contiene la evolución de la pandemia del Covid-19 en el Perú. Se está considerando la población total de 32 625 948 habitantes según el INEI. [12]

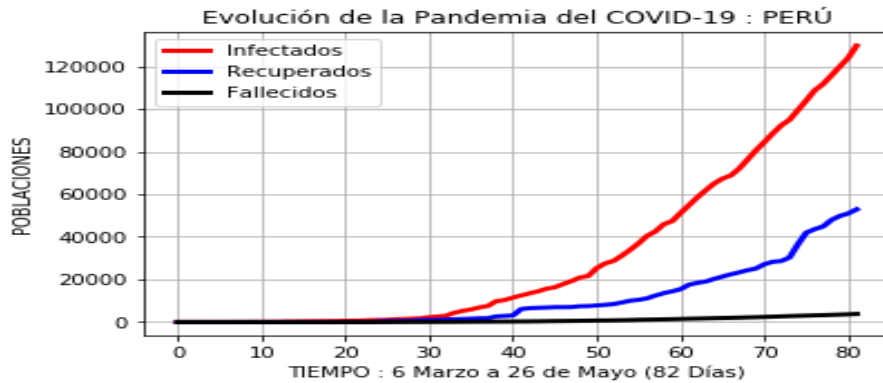


Figura 3.1: Gráfica de las Poblaciones ante el Covid-19, Perú. Fuente : MINSa (2020)

La gráfica (3.1) nos permite observar y analizar el comportamiento de la pandemia. Con esta base, el modelo matemático SIR-D (2.1) permite aproximar el comportamiento de la pandemia de forma sencilla y directa las poblaciones importantes que intervienen (Infectados, Recuperados y Fallecidos por la enfermedad). Se puede calibrar por diferentes métodos de regresión [23, 24] para obtener las tasas epidemiológicas necesarias (contagio, recuperación y letalidad) como nos presentan los indicadores del Ministerio de Salud [16]. Este modelo matemático no permite realizar una adecuada aproximación tomando las poblaciones iniciales y las tasas iniciales debido al comportamiento disperso que tiene cada población epidemiológica.

Para nuestro estudio y análisis se utilizará el modelo (2.1) pero la calibración se realizará por etapas quincenales, debido a que en este intervalo de tiempo se realizaban intervenciones significativas por parte del Gobierno, para analizar su respectiva evolución y obtener las tasas más óptimas que permitan aproximar las curvas del modelo con las curvas reales provistos de los datos nacionales. Este método de segmentación nos permitirá reducir el error y poder tener un mejor concepto de la propagación de la pandemia y su impacto en la sociedad. [19, 24].

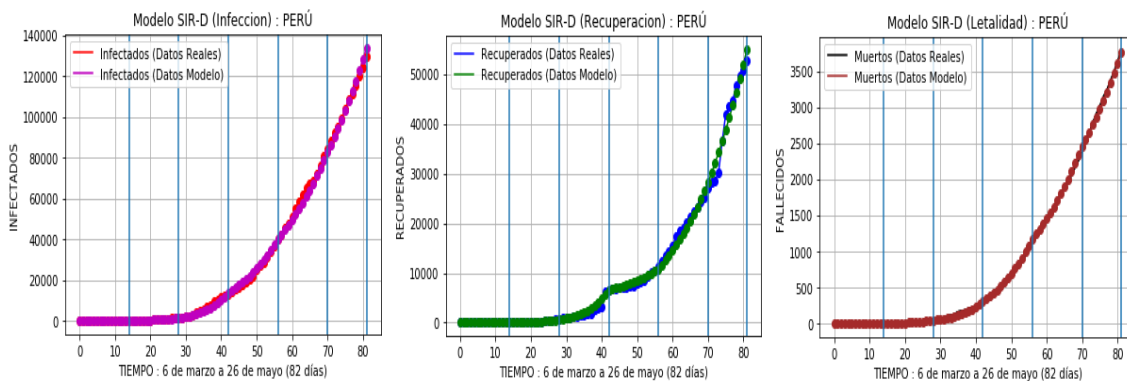


Figura 3.2: Simulación de los Datos Reales y el Modelo SIR-D (Covid-19). Elaboración : Creación Propia

Como se puede observar en la figura (3.3) la aproximación realizada es muy cercana al comportamiento poblacional que se tiene en cuanto a la pandemia debido a la segmentación realizada que permite adaptar adecuadamente y minimizar el margen de error [10, 24]. El cálculo de las tasas epidemiológicas necesarias para el modelo (2.1) se adaptan para cada etapa mediante los métodos de regresión. De esta forma, el modelo SIR-D se va ajustando de acuerdo a las etapas designadas y va modelando en un corto plazo la dinámica de la pandemia en el país. [2, 16].

Se puede analizar la evolución de las tasas epidemiológicas en cada etapa. Donde la principal tasa es de la infección debido que es el indicador de como va evolucionando la enfermedad.

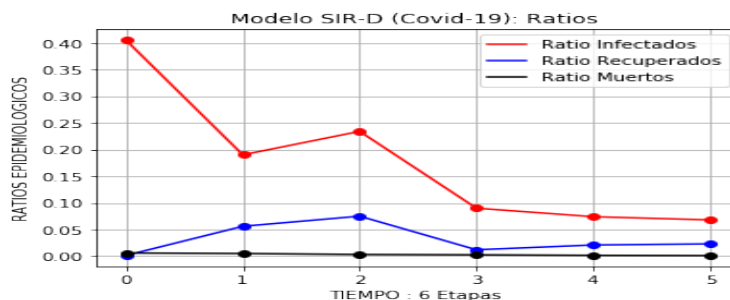


Figura 3.3: Evolución de las Tasas Epidemiológicas del Modelo SIR-D (Covid-19). Elaboración : Creación Propia

3.1. Análisis de las Simulaciones. Realmente el método de segmentación por etapas quincenales viene a ser un adecuado complemento al modelo (2.1) para aproximar el comportamiento de los datos, más aún, para poder generar proyecciones más próximas a la realidad en el corto plazo [24]. El modelo SIR-D a pesar de ser muy básico, a comparación de otros modelos más desarrollados, nos permite aproximar muy bien al comportamiento de la pandemia debido que se tiene únicamente tres parámetros (infección, recuperación y letalidad) y se puede obtener el Número Básico de Reproducción (\mathcal{R}_o) siendo el mejor indicador de como está evolucionando la pandemia en el tiempo. [9, 16, 17].

Tabla 3.1: Resumen de las Tasas Epidemiológicas del Modelo SIR-D (Covid-19)

TASAS	Etapas 1	Etapas 2	Etapas 3	Etapas 4	Etapas 5	Etapas 6
Infección	40.5 %	19 %	23.4 %	9 %	7.4 %	6.8 %
Recuperación	0.15 %	5.60 %	7.50 %	1.20 %	2.10 %	2.30 %
Letalidad	0.60 %	0.50 %	0.32 %	0.25 %	0.16 %	0.11 %
Numero (\mathcal{R}_o)	54.36	3.11	2.99	6.20	3.27	2.81

El cuadro del Resumen de las Tasas Epidemiológicas que se presenta permite analizar la evolución de las tasas que el modelo (2.1) ha utilizado para generar las respectivas curvas de cada población. En el presente cuadro se puede apreciar diferentes tasas con lo provisto por el Estado, esto se debe al método de obtención las tasas. Por mientras que en muchos análisis se han tomado las proporciones entre el día actual y un día anterior, en este trabajo se ha determinado evaluar de forma quincenal y de una forma dinámica que necesita el modelo propuesto. Esta es una las diferencias que se puede encontrar entre los valores del modelo y los datos reales. [16, 17, 19].

Tomando el promedio aritmético de las tasas obtenidas del cuadro anterior, se puede realizar una simulación del modelo (2.1) donde la tasa de contagio es 17,68 %, la tasa de recuperación es 3,14 % y la tasa de letalidad es 0,68 %. Donde se ve que el modelo matemático sobrepasa a los datos reales. Por lo cual, mostraremos la gráfica de los Infectados (Datos reales y datos del modelo).

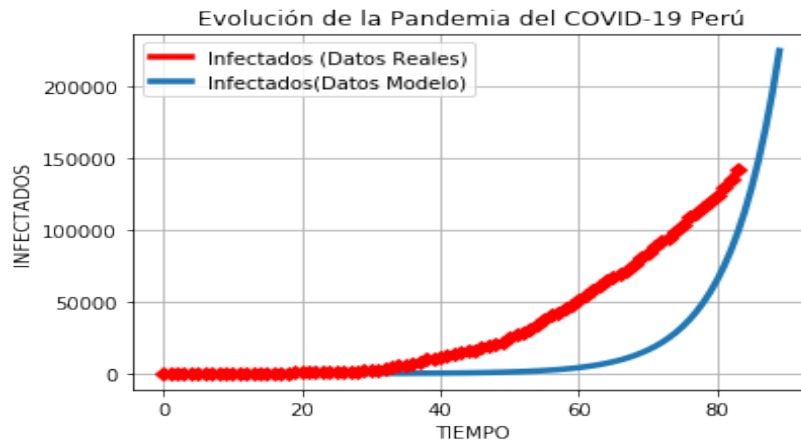


Figura 3.4: Simulación de los Infectados (Datos Reales vs Datos Modelo) . Elaboración : Creación Propia

Donde al inicio los datos del modelo están muy inferior a los datos reales, pero en el tiempo los datos del modelo van creciendo rápidamente (crecimiento exponencial) lo cual ya no se asemeja al comportamiento de los datos observados por la pandemia. [16].

3.2. Plano Fase de las Poblaciones Epidemiológicas. Después de haber obtenido la simulación temporal de las poblaciones epidemiológicas, se puede construir el plano fase de las diferentes poblaciones que intervienen en nuestro estudio (Infectados, Recuperados y Muertos) para lo cual nos permitirá observar la aproximación de los datos provistos de nuestro modelo SIR-D con los datos reales provistos por el gobierno (MINSA) [16]. En este plano podemos ver el contraste de las poblaciones una con una generando una gráfica matricial. Con estos gráficos se puede generar una regresión lineal de los datos para poder realizar proyecciones entre las poblaciones consideradas. Dentro de las técnicas utilizadas nos permiten conocer más escenarios mediante modelos predictivos. [10, 22].

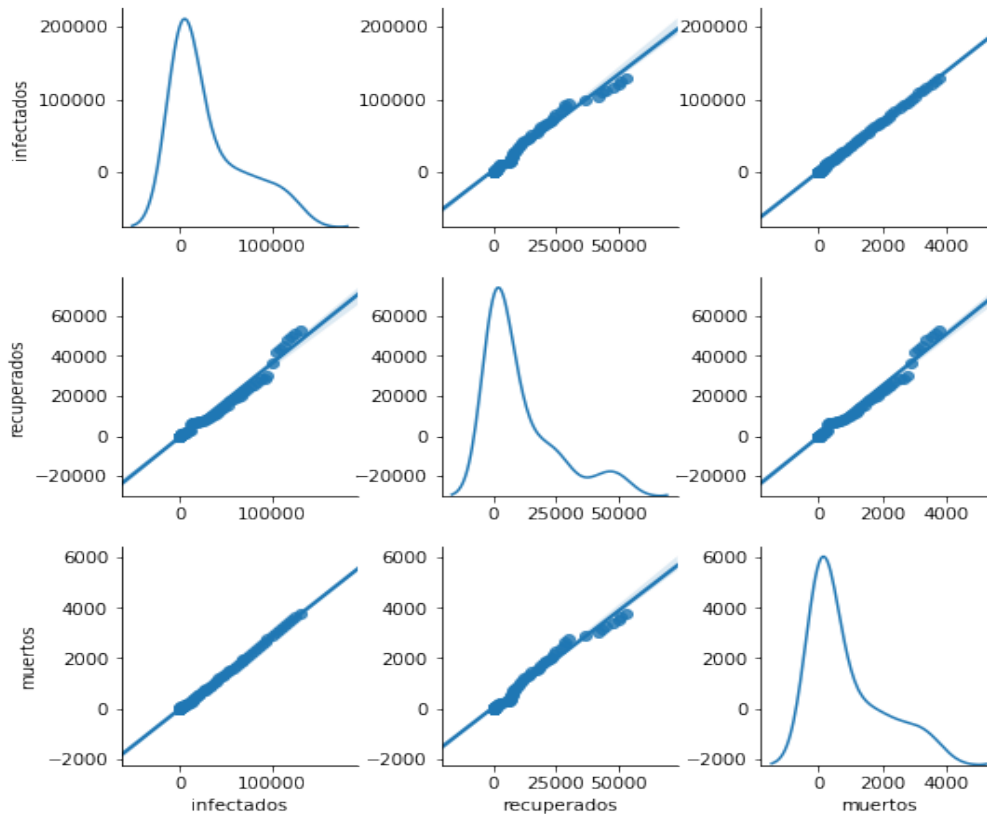


Figura 3.5: Plano Fase de los Datos Reales. Elaboración : Creación Propia

En la figura (3.5) se presenta el plano fase de los datos reales provistos por el Gobierno, donde se ha aplicado la regresión más apropiada posible. Con esto podemos proyectar la tendencia que tienen cada plano. Finalmente, se ha mostrado que el modelo SIR-D (2.1) ha aproximado adecuadamente los datos reales. Pero hay que considerar que esta calibración se ha buscado de la mejor manera posible mediante los métodos de regresión, y se debe reducir el error de predicción. [10, 24].

Con estas consideraciones podemos presentar el contraste de ambos planos fases (datos reales y datos del modelo) para poder visualizar y analizar la aproximación del modelo. Este es la finalidad de un modelo matemático que intente acercarse a la realidad que está modelando para poder tomar las mejores decisiones para afrontar la problemática que se está viviendo.

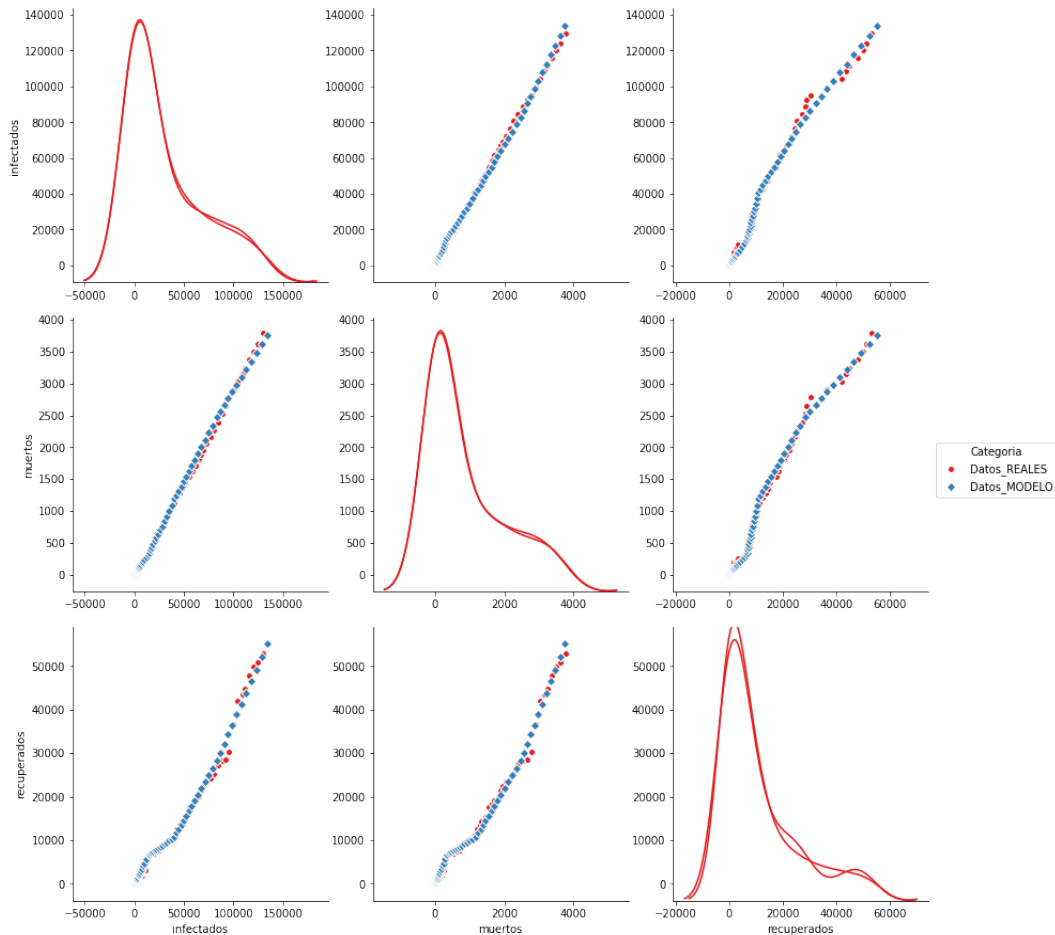


Figura 3.6: Plano Fase del Modelo SIR-D (Covid-19) y los Datos Reales. Elaboración : Creación Propia

3.3. Proyección del Modelo SIR-D. Teniendo las simulaciones mostradas en la figura (3.3) que representa la evolución temporal y la figura del plano fase de las poblaciones epidemiológicas (3.7) donde se ha observado la proximidad que tienen los datos provistos por el modelo (2.1) y los datos reales expresados en (3.1), se puede inferir que las tasas de la última etapa puede extenderse una semana más para poder proyectarse las poblaciones que se pueda esperar en cada población epidemiológica. [16].

De la figura (3.7) donde se encuentran los datos proyectados del modelo SIR-D, se puede visualizar los siete siguientes datos poblacionales. Donde se ha considerado un tiempo promedio de proyección que no explote (crecimiento exponencial) la solución del sistema (2.1). Pero considerando una visión de corto plazo, se puede tener una guía de cómo va evolucionando la enfermedad del coronavirus y cómo está afectando a la misma sociedad y la convivencia entre los ciudadanos. [1, 10, 16].

El modelo matemático SIR-D (2.1) tiene un crecimiento exponencial por lo cual describe correctamente la propagación de las enfermedades infecciosas en su inicio. Pero este crecimiento no describe al mediano y largo plazo debido que las curvas poblacionales tienden a incrementarse rápidamente lo cual no refleja la realidad de la pandemia. Siempre la consideraciones de corto plazo ayuda a ver una situación crítica para

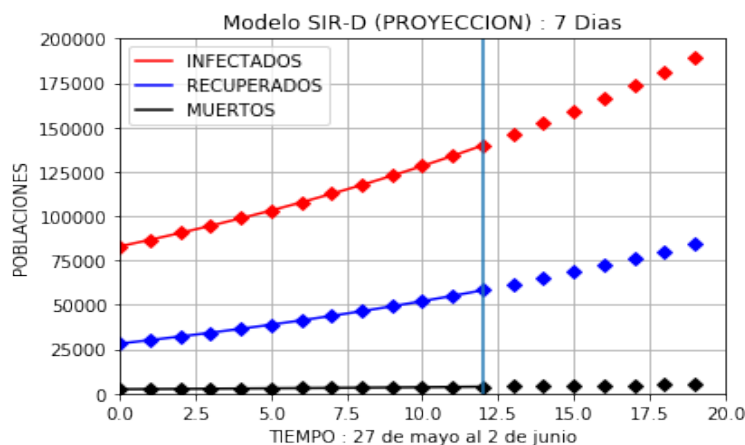


Figura 3.7: Proyección de las Poblaciones Epidemiológicas SIR-D (Covid-19). Elaboración : Creación Propia

proyectar medidas e intervenciones epidemiológicas oportunas para que la pandemia no se incremente de forma rápida. [1, 6, 16].

4. Discusiones. En esta sección se puede observar detalles que el modelo (2.1) brinda para el análisis de la propagación de la enfermedad. En la simplicidad del modelo permite conocer la dinámica que gobierna la epidemia pero también refleja que hay consideraciones que se deben incluir al modelo para que represente lo más cercano a la problemática que se está viviendo ahora en el país.

El modelo matemático SIR-D es un sistema de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias del tipo No Lineal que posee grandes fortalezas pero también debilidades para la problemática que está describiendo. La estabilidad del modelo a largo plazo (estado estacionario) recurre al estudio cualitativo de las soluciones. Pero en esta situación, no se puede considerar el largo plazo debido que se debe considerar decisiones en el corto plazo [1, 3]. En el sentido de las soluciones aproximadas (métodos numéricos) permiten conocer como se comporta el crecimiento de las poblaciones en el tiempo considerado. Y al complementarse con las técnicas de regresión (inteligencia artificial) puede aproximar las tasas epidemiológicas que permitan calibrar mejor al modelo propuesto. [18, 22, 23, 24].

5. Conclusiones. Realmente después de haber realizado el estudio de los datos del Covid-19 reportados diariamente por el Gobierno, donde se tiene la consideración de las poblaciones de los Infectados, Recuperados y Fallecidos por la enfermedad a nivel nacional. El modelo SIR-D (2.1) nos permite analizar el comportamiento de la evolución de la enfermedad en el tiempo considerado por etapas de intervención. Estas intervenciones son la cuarentena total, distanciamiento social, el toque de queda, reducción de actividades laborales, económicas, educativa, culturales y sociales. Estas acciones se ven reflejadas implícitamente en las tasas epidemiológicas.

Por lo cual, podemos obtener las siguientes conclusiones.

1. El modelo SIR-D (Ecuaciones Diferenciales Ordinarias) permite tener un análisis inmediato y de corto plazo sobre la evolución del Covid-19 a nivel nacional. Debido que solo tiene 3 parámetros a considerar, pero son los más importantes para conocer como se va generando en el tiempo.
2. La segmentación de las etapas para realizar los respectivos métodos de regresión nos permitió saber durante el tiempo quincenal como evolución las tasas epidemiológicas, y así, saber el impacto de las intervenciones para reducir el contagio.
3. La implementación de métodos de regresión permitió obtener los parámetros que ajustaron bien los datos observados lo mayor posible, y así poder conocer el Número Básico de Reproducción (\mathcal{R}_0) expresada en (2.2) asociada al modelo SIR-D (2.1).
4. Este estudio nos muestra que el uso de técnicas de Machine Learning (métodos de regresión estadística) nos permiten calcular los parámetros óptimos que requiere el modelo para brindarnos un mejor entendimiento sobre la pandemia.
5. Los nuevos métodos computacionales enfocados al estudio de datos permiten generar un potencial aplicativo importante para generar modelos más complejos y optimizar las segmentaciones realizadas (series de tiempo).

6. El modelo (2.1) no considera explícitamente el impacto positivo de las intervenciones que realizó el Gobierno para reducir el contagio, pero sí se ve reflejada en las tasas en cada etapa considerada.
7. El Número Básico de Reproducción obtenido en las diversas etapas representa los cambios que ha sufrido el modelo en cuanto al comportamiento humano. La tendencia del \mathfrak{R}_0 es decreciente. Lo cual sugiere que las intervenciones (modeladas implícitamente en el modelo SIR-D segmentado) sí están teniendo efecto en reducir la transmisión de la epidemia, aunque todavía queda un margen importante de reducción para poder lograr su control o extinción.

ORCID and License

Neisser Pino Romero <https://orcid.org/0000-0002-9865-5974>

Percy Soto-Becerra <https://orcid.org/0000-0001-5332-9254>

Ricardo Angelo Quispe Mendizábal <https://orcid.org/0000-0001-6328-3093>

This work is licensed under the [Creative Commons Attribution-NoComercial-ShareAlike 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

Referencias

- [1] Acuña-Zegarra M A, Santana-Cibrian M, Velasco-Hernandez J. *Modeling behavioral change and COVID-19 containment in Mexico: A trade-off between lockdown and compliance*. Mathematical Biosciences, 2020; 325(108370). Disponible en <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0025556420300596?via%3Dihub>
- [2] Amat Rodrigo J. *Métodos de regresión no lineal: Regresión Polinómica, Regression Splines, Smooth Splines y GAMs*. [Internet]: Ciencia de Datos, Estadística, Programación y Machine Learning; 2017 (citado 18 mayo 2020). Disponible en https://www.cienciadedatos.net/documentos/32_metodos_de_regresion_no_lineal_polinomica_splines_gams
- [3] Aguilar J, Faust J, Westafer L, Gutierrez J. *Investigating the Impact of Asymptomatic Carriers on COVID-19 Transmission*. medRxiv (The Preprint Server for Health Sciences). 2020. Disponible en <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.03.18.20037994v3>
- [4] Chatterjee K, Chatterjee K, Kumar A, & Shankar S. *Healthcare impact of COVID-19 epidemic in India: A stochastic mathematical model*. Medical journal, Armed Forces India. 2020. Disponible en <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7126697/>
- [5] Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades. Sala Situacional del Covid-19 Perú. Ministerio de Salud, Perú. 2020 (citado 15 mayo 2020). Disponible en https://www.dge.gob.pe/portal/index.php?option=com_content&view=article&id=678
- [6] Dai L, Vorselen D, Korolev KS, Gore J. *Generic indicators for loss of resilience before a tipping point leading to population collapse*. Science. 2012;336(6085):1175-1177. Recuperado de [doi:10.1126/science.1219805](https://doi.org/10.1126/science.1219805)
- [7] De Pereda D. *Modelización matemática de la difusión de una epidemia de peste porcina entre granjas*. Facultad de Ciencias Matemáticas, Universidad Complutense de Madrid. 2010. Disponible en <http://www.mat.ucm.es/~ivorra/papers/Diego-Epidemiologia.pdf>
- [8] Doungmo EF, Maritz R, Munganga J. *Some properties of the Kermack-McKendrick epidemic model with fractional derivative and nonlinear incidence*. Advances in Difference Equations, 278. 2014. Recuperado de <https://doi.org/10.1186/1687-1847-2014-278>
- [9] Fang Y, Nie Y, Penny N. *Transmission dynamics of the COVID-19 outbreak and effectiveness of government interventions: A data-driven analysis*. Journal of Medical Virology, 2020; 92:645-659. Disponible en <https://doi.org/10.1002/jmv.25750>
- [10] Fernández-Villaverde J, Jones Ch. *Estimating and Simulating a SIRD Model of COVID-19 for Many Countries, States, and Cities*. Stanford University, 2020. Disponible en <https://web.stanford.edu/~chadj/sird-paper.pdf>
- [11] Gonzáles M. *Modelización y simulación en epidemiología*. Facultad de Ciencias Matemáticas, Universidad Complutense de Madrid. 2017. Recuperado de <http://www.mat.ucm.es/~ivorra/papers/tfg-maria.pdf>
- [12] Instituto Nacional de Estadística e Informática (2020). *Nota de Prensa No.006, 485 Aniversario de Lima (17 de enero de 2020)*. Disponible en <http://m.inei.gob.pe/prensa/noticias/la-poblacion-de-lima-supera-los-nueve-millones-y-medio-de-habitantes-12031/>
- [13] Ivorra B, Ferrández MR, Vela-Pérez M, Ramos AM. *Mathematical modeling of the spread of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) taking into account the undetected infections. The case of China*. Communications in nonlinear science & numerical simulation, 105303. Advance online publication. 2020. Disponible en <https://doi.org/10.1016/j.cnsns.2020.105303>
- [14] Liang K. *Mathematical model of infection kinetics and its analysis for COVID-19, SARS and MERS*. Infection. Genetics and Evolution, 2020; 82(104306). Recuperado de <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1567134820301374?via%3Dihub>
- [15] Lin F, Muthuraman K, Lawley M. *An optimal control theory approach to non-pharmaceutical interventions*. BMC Infect Dis 2020; 10(32). Disponible en <https://doi.org/10.1186/1471-2334-10-32>
- [16] Ministerio de Salud. *Sala Situacional del Covid-19 Perú*. Ministerio de Salud, Perú. 2020 (citado 16 mayo 2020). Disponible en https://covid19.minsa.gob.pe/sala_situacional.asp
- [17] Munayco C, Tariq A, Rothenberg R, Soto-Cabezas G, Reyes M, Valle A, Rojas-Mezarina L, Cabezas C, Loayza M, Chowell G. *Early transmission dynamics of COVID-19 in a southern hemisphere setting: Lima-Peru, February 29th-March 30th, 2020*. medRxiv (The Preprint Server for Health Sciences). 2020. Disponible en <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.04.30.20077594v2.full.pdf>
- [18] Natekin A, Knoll A. *Gradient boosting machines, a tutorial*. Frontiers in neurorobotics, 2013; 7(21). Disponible en <https://doi.org/10.3389/fnbot.2013.00021>
- [19] Organización Mundial de la Salud. *Brote de enfermedad por coronavirus (COVID-19)*. 2020 (citado 18 mayo 2020). Disponible en <https://www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus-2019>

- [20] Organización Mundial de la Salud. Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report-1. 2020 (citado 15 mayo 2020). Disponible en https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200121-sitrep-1-2019-ncov.pdf?sfvrsn=20a99c10_4
- [21] Organización Mundial de la Salud. Coronavirus disease (COVID-2019) situation reports. 2020 (citado 14 mayo 2020). Disponible en <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports/>
- [22] Tárnok A. *Machine Learning, COVID-19 (2019-nCoV), and multi-OMICS*. Cytometry A, 2020; 97(3):215–216. Disponible en <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32142596/>
- [23] Vinay R, Zhang L. *Time series forecasting of COVID-19 transmission in Canada using LSTM networks*. Chaos, Solitons & Fractals, 2020; 135(109864). Disponible en <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0960077920302642>
- [24] Yan SJ, Chughtai AA, Macintyre CR. *Utility and potential of rapid epidemic intelligence from internet-based sources*. International Journal of Infectious Diseases, 2017; 63:77-87. Disponible en <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0960077920302642>