

Explotación de las bases de datos de la Organización mundial de la Salud relacionadas con enfermedades tropicales

Development of the World Health Organization databases related to tropical diseases

Trabajo Fin de Máster

Óscar Agustín Abreu Trujillo

Tutorizado por: Dr. Roberto Dorta Guerra.

Área de Estadística e Investigación operativa.

Departamento de Matemáticas, Estadística e Investigación Operativa.

Máster en Investigación y Diagnóstico de Enfermedades Tropicales.

Universidad de La Laguna.

Facultad de Farmacia. Septiembre 2020.

RESUMEN

La importancia de la modelización de datos ha sido fundamental a la hora de predecir la evolución de las enfermedades a lo largo de la historia. La COVID-19 ha supuesto un reto en el tratamiento de datos para predecir el comportamiento de la pandemia. Con el fin de estimar las curvas epidemiológicas generadas por la enfermedad en este trabajo se estudia el modelo SIR, uno de los principales modelos matemáticos cuya utilidad está relacionada con la modelización de las curvas de Susceptibles, Infectados y Recuperados, debido a su sencillez y capacidad de adaptación a distintos escenarios. Además, se lleva a cabo un estudio de las herramientas que permiten la estimación de los parámetros asociados al modelo SIR para datos de España y de las Comunidades Autónomas. Por último, se aportan simulaciones para entender cómo afectan las medidas restrictivas de los gobiernos a los distintos parámetros del modelo.

Palabras clave: Modelización estadística, epidemiología, COVID-19, modelo SIR

ABSTRACT

The importance of data modeling has been fundamental in predicting the evolution of diseases throughout history. COVID-19 has been a challenge in data processing to predict the evolution of the pandemic. In order to estimate the epidemiological curves generated by the disease in this work, the SIR model is studied, one of the main mathematical models whose usefulness is related to the modeling of the Susceptible, Infected and Recovered curves, due to its simplicity and capacity of adaptation to different scene. In addition, we carry out a study on the tools that allow the estimation of the parameters associated with the SIR model for data from Spain and the Communities. Finally, simulations are provided to understand how restrictive government measures affect the different parameters of the model.

Key words: Statistical modeling, epidemiology, COVID-19, SIR model.

ÍNDICE

1. Introducción.....	3
2. Objetivos.....	5
2.1 Principales.....	5
2.2 Secundarios.....	5
3. Metodología.....	5
4. El modelo SIR determinístico general.....	6
5. Resultados y discusión.....	9
5.1 Estimación de parámetros del modelo SIR	9
5.2 Simulación de escenarios a partir del modelo SIR	12
6. Conclusiones.....	17
7. Bibliografía.....	19

1. INTRODUCCIÓN

La calidad de los datos y un buen tratamiento de los mismos son aspectos fundamentales para atajar cualquier problema de salud pública. La Organización Mundial de la Salud (OMS) a través del Observatorio Mundial de I+D en salud vela por preservar estos principios con el fin de aportar información actualizada y contrastada sobre las actividades de I+D en salud mundial para las enfermedades humanas. Uno de los retos a los que se enfrentan los científicos de datos actualmente es el tratamiento de datos derivados de la pandemia de la COVID-19.

En diciembre de 2019, en la ciudad china de Wuhan se registró un gran número de casos de neumonía de etiología desconocida, hasta que posteriormente un mes más tarde, la OMS confirmó que se trataba de un nuevo virus respiratorio perteneciente a la familia de los beta-coronavirus. Varios análisis se llevaron a cabo mediante técnicas meta-genómicas y secuenciación genética Sanger en el Instituto de Virología de Wuhan donde se observó que el virus causante de la neumonía compartía aproximadamente el 88% de la secuencia con otros beta-coronavirus procedentes del murciélago (SARS). Después de establecer gráficos de similitud basados en genomas completos de otros coronavirus y árboles filogenéticos de secuencias nucleotídicas, la OMS pasó a denominarlo provisionalmente como 2019-nCoV (OMS, 2020; Zhou *et al.*, 2020). Dicho estudio reveló que era lo suficientemente divergente del SARS-CoV como para tratarse de un nuevo beta-coronavirus de características zoonóticas, que a pesar de tener como reservorio principal el murciélago, pudo pasar al humano a través de un reservorio intermediario que se sospecha que fuera la cigüeta (Chen *et al.*, 2020).

El 30 de Enero de 2020 durante una reunión urgente del comité de emergencias de la OMS, se declaró el brote en China de neumonía, como emergencia de salud pública de importancia internacional (ESPII). Tras demostrarse su similitud con la familia de los coronavirus SARS y MERS, pasó a llamarse SARS-CoV-2 para que finalmente el 11 de Febrero de 2020 esta nueva enfermedad se denominara "COVID-19" (OMS, 2020)

Según la OMS, la clínica de la COVID-19 se acompaña de una sintomatología que va desde un cuadro leve de tos, congestión nasal o dolor de garganta a otros

mas severos como hipertensión arterial, infecciones cardiacas o pulmonares, llegando incluso a provocar la muerte (OMS, 2020). La propagación del virus se produce principalmente persona-persona través de la vía aérea por las gotas que salen despedidas de la nariz o la boca de una persona infectada al toser, estornudar o al hablar (Zhou *et al.*, 2020). Para determinar su diagnóstico, se realiza la detección de extractos de ARN viral utilizando como técnica la RT-qPCR (retrotranscripción en un solo paso y PCR cuantitativa). Las muestras tomadas suelen ser procedentes de las vías respiratorias altas o bajas, siendo la recogida de muestras nasofaríngeas (VTM) mediante un hisopado, la técnica mas corriente y rápida. Debido a la alta demanda de diagnósticos diarios a nivel mundial y a la falta de reactivos en los principales proveedores de kits, especialmente en la extracción del ARN, muchas comunidades se han visto obligadas a elaborar sus propios protocolos de diagnósticos. Un ejemplo de ello lo tenemos en España, en la Comunidad Autónoma de Canarias donde en el Hospital Universitario Nuestra Señora de la Candelaria (HUNSC) se elaboran kits de detección de ARN optimizando así la capacidad de respuesta diagnóstica ante el aumento en el número de casos de infectados en las islas (Alcoba-Florez *et al.*, 2020).

A nivel mundial, la expansión se desarrolló de forma tan rápida e imparable, debido a la principal vía de contagio, que fue declarada pandemia el 11 de Marzo por la OMS. En España, el primer caso de COVID-19 se detectó en la Comunidad Autónoma de Canarias, en el Hospital Nuestra Señora de Guadalupe de la isla de La Gomera. Cabe destacar que la evolución de la enfermedad, debido al gran número de personas contagiadas, ha producido el colapso de los sistemas sanitarios no solo de España, sino del resto del mundo. Por este motivo se hace necesario el uso continuo de métodos que nos ayuden a predecir el comportamiento de la pandemia, modelos predictivos matemáticos que contribuirán no solo a organizar los datos sanitarios (muerte, contagios o ocupación hospitalaria) provocada por la pandemia de COVID-19, sino también a elaborar predicciones que ayuden a la propia gestión de la crisis por parte de las autoridades sanitarias, así como a prever los futuros contagios y defunciones para la pandemia en los países y en nuestro caso concretamente en España. La modelización de la pandemia ayuda a establecer un vínculo entre la estadística y la práctica médica, reduciendo así la incertidumbre, generando nuevas herramientas y sistemas que favorecen la toma de decisiones. El análisis de las predicciones serán una fuente de información sobre el

crecimiento exponencial de casos y la estimación del riesgo para otros países (Serrano-Cumplido *et al.*, 2020; Hyafil *et al.*, 2020).

En este trabajo se lleva a cabo el ajuste de los datos de la enfermedad de la COVID-19 a través del modelo compartimental de **Susceptibles, Infectados y Recuperados**, modelo SIR, con el fin de comprobar la bondad de ajuste del modelo a los datos procedentes de la OMS y plantear simulaciones de distintos escenarios en la evolución de la pandemia.

2. OBJETIVOS

Los objetivos que se plantearon en este Trabajo Fin de Máster son los siguientes:

Principal

- Modelización de datos de la CoVID-19.

Secundarios

- Estudio teórico del modelo SIR de ecuaciones diferenciales.
- Estimación de la de la tasa de contagio, tasa de recuperación y del índice de reproducción básico a partir de datos actualizados de la pandemia para España y por comunidad autónoma.
- Simulación de distintos escenarios: obligación de instaurar medidas para frenar los contagios, confinamientos instantáneo y progresivo, vacunación, entre otros.

3. METODOLOGÍA

Se realizó una revisión sistemática de documentos de sociedades y artículos científicos sobre las principales herramientas matemáticas utilizadas para modelizar datos de la COVID-19. En primer lugar, se llevo a cabo una búsqueda usando las siguientes bases de datos: Science-direct, Scielo, PUBMED, o Medline. Como términos de búsqueda utilizamos: Modelización, SIR, Covid-19, Sars-CoV 2. Dichas palabras fueron unidas por el operador booleano AND, que permite la relación entre términos, limitando por tanto los resultados. En segundo lugar se realizó una búsqueda de los principales modelos que han sido utilizados en España dentro del repositorio “Acción matemática para el coronavirus” creado por el comité Español de

Matemáticas con el fin de recopilar enlaces y aportaciones de la comunidad matemática española sobre la propagación del virus (CEMat. 2020)

Para los criterios de inclusión y exclusión, debido a la gran variedad de literatura existente sobre el tema propuesto y su reciente aparición, se seleccionaron todos los artículos que cumplieran los siguientes criterios: estudio de tipo científicos y publicados en castellano y/o inglés, con gran factor de impacto y relevancia en el ambiente sanitario que ofrecieran información sobre los distintos tipos de modelización para la COVID-19 en España y a nivel internacional.

Para la selección de los artículos y documentos se revisaron los resúmenes y en caso necesario los artículos completos con el fin de decidir si la información que contenían estaba o no relacionada con nuestro objetivo.

Debido a la gran repercusión del tema y a la rápida evolución de la pandemia, la selección de artículos se produjo de forma exhaustiva y minuciosa para seleccionar los que fueran de utilidad a la hora de cumplir los objetivos de este trabajo. En España la publicación de bibliografía referente a la modelización de la pandemia se está empezando a desarrollar a medida de que los datos sobre infectados ofrecidos por el Ministerio de Sanidad, OMS u organismos acreditados para ellos, empiezan a ser publicados.

4. MODELO SIR DETERMINÍSTICO GENERAL

En 1927 se desarrolla el modelo SIR (Kermack *et al.*, 1927) cuya aplicación está muy extendida en epidemiología para el análisis de la evolución de las enfermedades infecciosas causadas por un virus o una bacteria en una población fija. Este modelo epidemiológico, modelo compartimental, va a considerar 3 estados distintos, compartimentos, de la población: **S**usceptibles (de ser contagiados en un cierto instante t), **I**nfectados (casos activos en el instante t) y **R**ecuperados (número acumulado de personas que, o bien han recibido el alta, o bien han fallecido, en el instante t), de ahí su acrónimo SIR. Este modelo se considera el más adecuado cuando los agentes infecciosos son virus ya que el individuo, una vez infectado pasaría a una fase de resistencia, no siendo tan susceptible a la reinfección.

El modelo que abordaremos en este trabajo es un modelo sin muertes ni nacimientos, esto es, se considerará una población total constante (Sanz Garayalde *et al.*, 2015). Se puede asumir este supuesto de que no se producen ni muertes

(naturales ni debidas a la enfermedad) ni nacimientos cuando analizamos enfermedades que transcurren en un periodo corto de tiempo y con baja mortalidad. El tamaño total de la población anfitriona se define como:

$$N = S + I + R$$

Asimismo, por simplicidad, se considera que un individuo del grupo susceptible en contacto con un infectado, si se contagia, lo hace instantáneamente, no habiendo un periodo de incubación de la enfermedad hasta ser infeccioso.

La evolución de dicho modelo viene definido por las ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO) de cada grupo de población,

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

donde $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ representan el número de individuos en cada uno de los compartimentos, β representa la tasa de transmisión y γ la tasa de recuperación. Cabe esperar que la tasa de recuperación sea una constante, no siendo así la tasa de transmisión, que puede variar con el tiempo y con las medidas de prevención que pudieran implantar los gobiernos afectados por la epidemia. Así, β es una función del tiempo t convirtiéndose en la **tasa de transmisión dinámica** $\beta(t)$ (Pereda Sebastián, 2016).

Uno de los índices que determina la expansión de una pandemia es la tasa reproductiva básica (R_0) que se define como la cantidad e individuos que un infectado es capaz de infectar mientras sea infeccioso. Este valor varía según la constante de velocidad de transmisión y la tasa de recuperación de forma que,

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

Si $R_0 > 1$ el número de infectados (I) aumentará favoreciendo el desarrollo de la pandemia. Si $R_0 < 1$ el número de Infectados (I) disminuirá progresivamente hasta el valor 0. Al principio de la epidemia, la tasa de Infectados aumentará

exponencialmente según $R_0(t)$. Se establece que la epidemia ha llegado a su pico cuando la tasa de cambio de la población infectada sea igual a 0 y la tasa de reproducción infectiva es $R_0 = 1$.

La modelización de la enfermedad COVID-19 ha convertido al modelo SIR en un modelo adaptable aplicado a nivel internacional en muchos países como China, India, Australia o Italia (Martín Barroso, 2020), ya que se ajusta bastante bien a los datos publicados por los gobiernos. Ha sido fundamental a la hora de elaborar predicciones útiles en cuanto a personas infectadas, susceptibles o recuperadas y ayudando a la toma de decisiones a los gobiernos de todo el mundo.

A través del Modelo SIR también se puede evaluar la fiabilidad de los datos que se proporcionan por parte de los gobiernos, así como la velocidad en la que toman las medidas de intervención para reducir el impacto de la pandemia. En España tras la aplicación de esta herramienta matemática se determinó que el número básico de reproducción R_0 disminuyó significativamente tras el estado de alarma y confinamiento, haciendo estimaciones según número de casos detectados y número de hospitalizaciones (Chacón, 2020). Por ello se consideró que el confinamiento era la medida más efectiva para mitigar la enfermedad. Sin embargo, se tuvo en cuenta que la calidad de los datos a la hora de determinar criterios de inclusión de las personas enfermas a lo largo del tiempo y entre comunidades produjeron importantes sesgos que impidieron un ajuste preciso de los datos a la curva modelizada.

5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

5.1 Estimación de parámetros del modelo SIR.

El estudio exhaustivo del modelo ha permitido hacer una búsqueda del mismo en bases de datos especializadas, tanto desde el punto de vista médico como matemático. Uno de los objetivos de la modelización estadística, es aportar una buena estimación de los parámetros de los modelos propuestos de forma que sean un reflejo lo mas cercano posible del comportamiento de los datos observados. En muchos casos este problema requiere un gran esfuerzo computacional debido a las complicadas estructuras funcionales que hay que optimizar por lo que se han esbozado los procedimientos llevados a cabo por los distintos autores intentando no

entrar en la parte matemática mas ardua del problema. En esta sección se aportan procedimientos abreviados para la estimación de los parámetros β, γ y R_0 en el modelo SIR, recogidos en dos trabajos para la estimación de parámetros de curvas epidemiológicas.

El comité Español de Matemáticas (CEMat), creó un grupo de trabajo al comienzo de la pandemia de la COVID-19 para el tratamiento y modelización de datos relacionados con la enfermedad (Comité Español de Matemáticas. 2020). Los objetivos principales fueron: centralizar toda la información relativa a la modelización del fenómeno de expansión del virus; promover el debate entre los miembros de la comunidad matemática de las aportaciones realizadas por los distintos investigadores españoles; crear un comité de expertos que valorara las aportaciones para trasladarlas a las autoridades y si se consideraba oportuno a los medios de comunicación. Entre todas las aportaciones, varios grupos de investigación trabajaron con el modelo SIR en la versión expuesta en el epígrafe 4, así como en modelos SIR más realistas que permitían una modelización más precisa. Una de las líneas de investigación se basa en la estimación de los parámetros del modelo SIR. Entre todos los trabajos destacar el desarrollado por la Universidad de Extremadura (Chacón, 2020), en el que se aplica el modelo SIR con tasa de transmisión dinámica para determinar el ajuste a los datos oficiales relativos a la COVID-19 proporcionados por el Ministerio de Sanidad para algunas comunidades autónomas, como la de Andalucía, Cataluña o Madrid. Con este modelo se han obtenido los casos activos diarios y la tasa de transmisión instantánea que se han ajustado de forma bastante precisa a los datos aportados por el Ministerio. El objetivo principal del trabajo era el de estimar la tasa de transmisión dinámica a partir del criterio del error cuadrático, procedimiento similar al que se lleva a cabo en el modelo de regresión. El procedimiento propuesto no incluye el software utilizado pero podría ser implementado por medio de scripts de R haciendo uso de librerías de algoritmos genéticos para la modelización y la estimación de la tasa de transmisión instantánea a partir de los datos observados, propuesta por Chen *et al.* (2020).

$$\beta(t) \approx \frac{\{I(t+1) - I(t)\} + \{R(t+1) - R(t)\}}{I(t)}$$

Los resultados para Canarias (Figura 1) presentan un ajuste bastante preciso del modelo SIR a los datos proporcionados por el Ministerio de Sanidad.

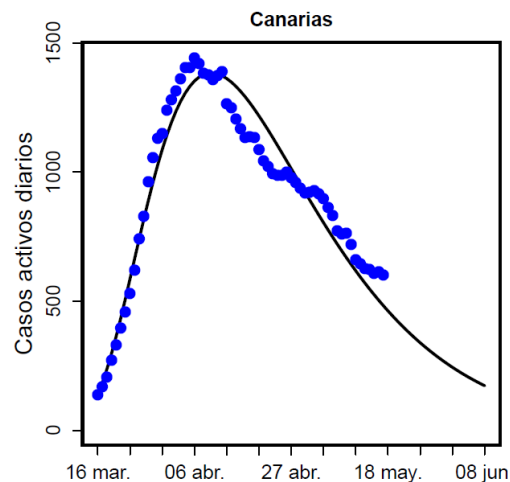


Figura 1. Evolución de los casos activos diarios de la comunidad canaria con un ajuste del modelo SIR.

Las estimaciones de β y γ obtenidas a partir de este trabajo permitirían la simulación precisa de los escenarios posibles a nivel de comunidad autónoma permitiendo una mejora en la toma de decisiones por parte de las autoridades. Además, tras el correcto ajuste del modelo se pueden llevar a cabo otras predicciones como el número de camas de UCI necesarias o el pico máximo de casos activos.

La estimación de la tasa reproductiva básica instantánea $R_0(t)$ a nivel de España y de comunidades autónomas se está llevando a cabo por investigadores del instituto Carlos III haciendo uso del paquete de R EpiEstim (Estimate Time Varying Reproduction Numbers from Epidemic Curves) aunque en el artículo donde se describe el método (Cori *et al.*, 2013) también se aporta una aplicación para EXCEL. El método utilizado para la estimación de este parámetro hace uso de una estimación de Poisson, aportando intervalos de credibilidad por medio de estadística Bayesiana. La importancia de estimar este parámetro reside en evaluar las medidas de control efectivas tomadas en el momento t que permitan identificar una disminución repentina de este parámetro $R_0(t)$. El análisis de los resultados obtenidos para España en el período comprendido entre el 9 de marzo y 23 de agosto, (Figura 2) refleja un descenso drástico del valor del factor de reproducción básico instantáneo a partir del confinamiento del 14 de marzo, obteniendo un valor menor que 1 aproximadamente el 23 de marzo y manteniéndose por debajo de ese

umbral hasta el 13 de mayo en el que comienza a fluctuar alrededor del valor 1. Cabe destacar el aumento que se ha producido en diferentes periodos a partir de junio y la situación actual de agosto.

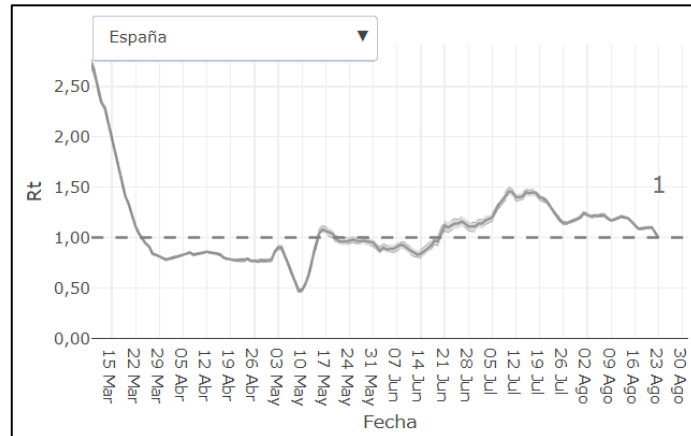


Figura 2. Número de reproducción básico instantáneo (R_t) en España.

Para la comunidad autónoma de Canarias (Figura 3) el parámetro sigue el mismo patrón aunque la variabilidad es mayor tal y como queda reflejado en las bandas de credibilidad. Cabe destacar cómo en las últimas semanas y debido a las mayores restricciones impuestas a la población ha ido descendiendo paulatinamente este índice.

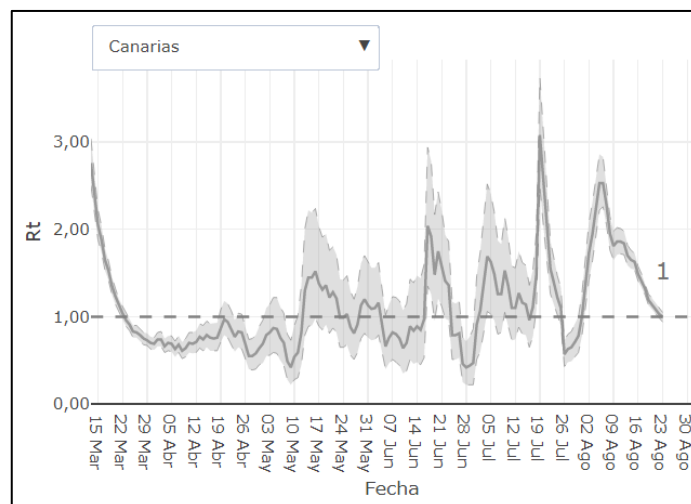


Figura 3. Número de reproducción básico instantáneo (R_t) para la Canarias.

Teniendo como punto de partida estas estimaciones se pueden inferir simulaciones de distintos escenarios de evolución de la pandemia.

5.2 Simulación de escenarios a partir del modelo SIR

A través de la hoja de cálculo EXCEL se realizan una serie de simulaciones según los escenarios o medidas planteadas durante la pandemia. En cada escenario, se modifican los parámetros del modelo SIR, tasa de contagio y la tasa de recuperación, estudiando cómo se modifican las curvas de los compartimentos que forman el modelo SIR. Se parte de una población ficticia de 1000 individuos, teniendo 999 de ellos en el grupo de susceptibles y 1 individuo en el grupo de infectados.

Aplanamiento de la curva

Con el fin de mostrar un escenario de este tipo, inicialmente se establece una tasa de contagio de $\beta = 0.0013$, 0.13% de infectados al día, y una tasa de recuperación $\gamma = 0.5$, 50% de recuperados al día, desde día 1. Se observa como el pico de infectados se produce el día 13 (Figura 4), con una cantidad final de individuos contagiados del 94%. Posteriormente (Figura 5), el valor de β disminuye a 0.0008, disminuyendo así la tasa de contagio y el pico de infectados. En este escenario el número de personas infectadas es de un 66.2% del total, menor que en el escenario anterior. En ambas simulaciones una vez alcanzado el pico, la población de infectados desciende, al igual que las personas susceptibles, aunque en el segundo caso la el período de tiempo de infección es mayor.

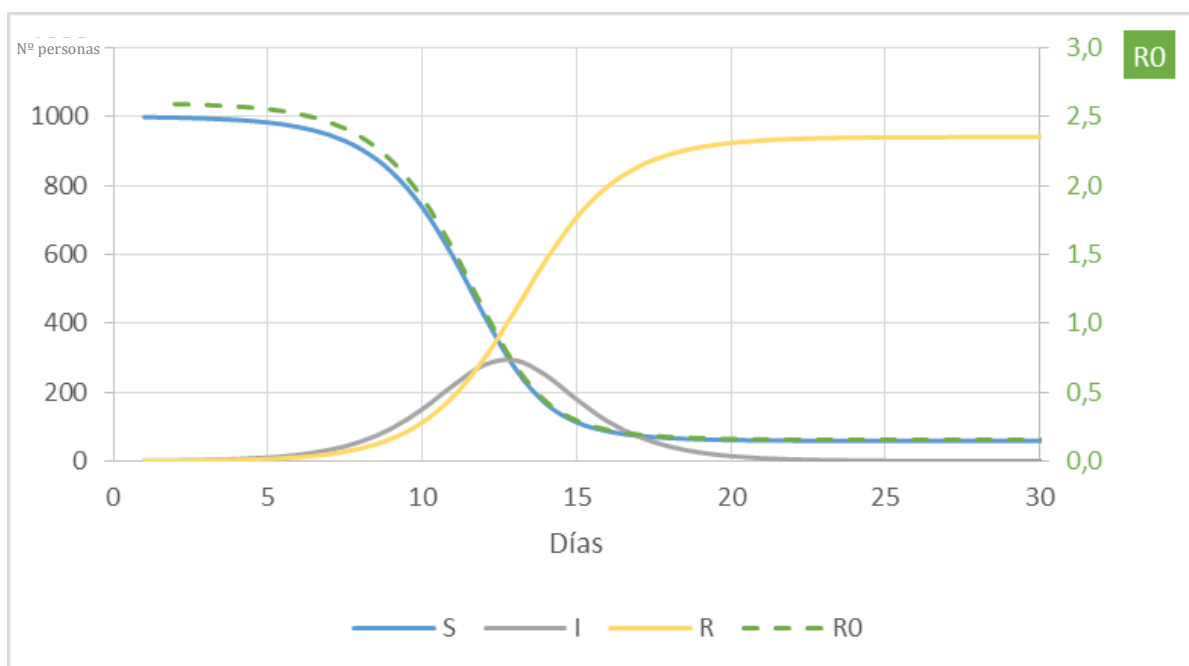


Figura 4. Simulación del modelo SIR, $\beta = 0.0013$ y $\gamma = 0.5$

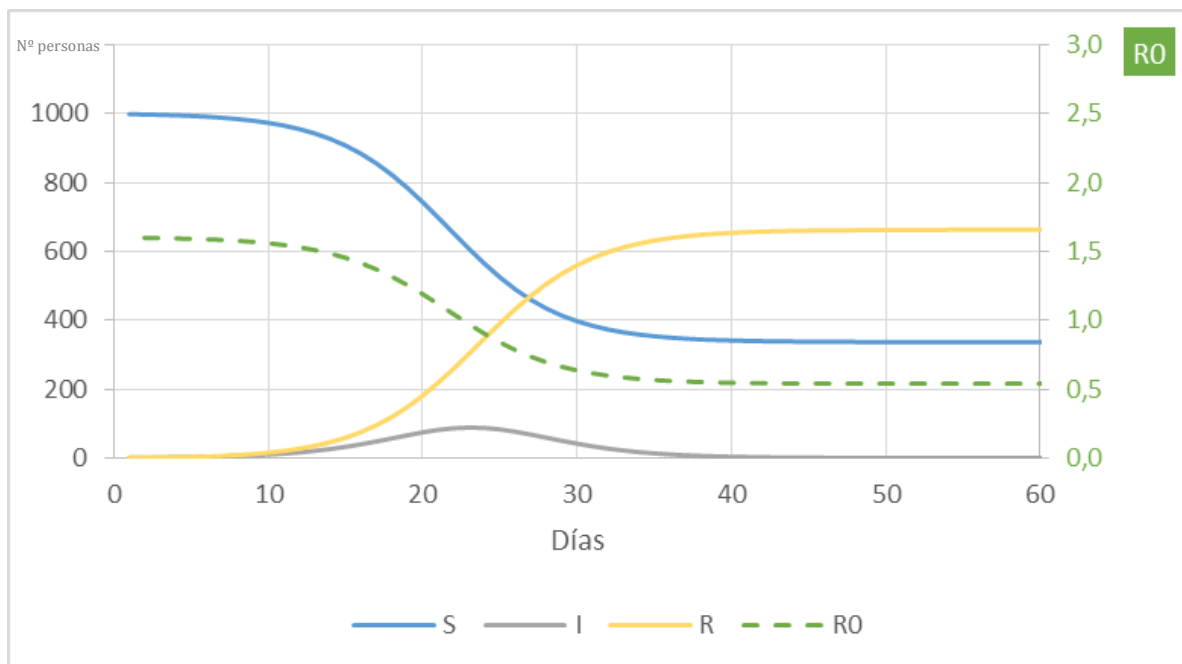


Figura 5. Simulación del modelo SIR, $\beta = 0.0008$ y $\gamma = 0.5$

Como se puede observar el escenario simulado es el relacionado con el aplanamiento de la curva, un concepto fundamental que todos los gobiernos tienen presente a la hora de tomar medidas para el control de la pandemia. En este concepto, interviene principalmente la tasa de contagio β que a medida que disminuye, también lo hace el número máximo de personas infectadas. Los procedimientos que implican una bajada del valor β tienen que ver con medidas tales como confinamientos, distanciamiento social o el uso de mascarillas, entre otros. Por lo tanto, este indicador podrá ayudar para prevenir, por ejemplo, el colapso de los servicios sanitarios. Nótese que en ambos casos el valor de R_0 está por debajo de 1, aproximadamente después del pico de la pandemia controlando de esta manera la propagación de la epidemia.

Confinamiento instantáneo vs confinamiento progresivo

En este escenario se simula cuál sería la diferencia entre ejercer un confinamiento instantáneo y uno progresivo. Durante el confinamiento se restringe la libertad de movimiento de personas y se promueve el uso de mascarilla o la distancia de seguridad por lo que la tasa de contagio β desciende sistemáticamente.

En la figura 6 se simula un confinamiento instantáneo pasando de una tasa de contagio de $\beta = 0.0013$ a una de $\beta = 0.0005$ a partir del día de confinamiento

(día 7). Este escenario simula el confinamiento que se produjo en España con una restricción total de movilidad de forma instantánea. En este caso, tal y como se observa en la figura 6, la tasa reproductiva instantánea R_0 , desciende bruscamente por debajo de 1 lo que indica un control de la expansión de la pandemia. Por otro lado un confinamiento progresivo implica ir añadiendo restricciones a la población, por ejemplo el uso de mascarillas o el distanciamiento social, hasta llegar a un confinamiento severo. Este escenario se corresponde con la figura 7 donde va disminuyendo paulatinamente la tasa de contagio: día 1 $\beta = 0.0013$, día 9 $\beta = 0.001$, día 12 $\beta = 0.0008$ y día 15 $\beta = 0.0006$. La diferencia es significativa entre un escenario y otro. Un confinamiento instantáneo, produce un número de personas infectadas del 40.3% mientras que la aplicación de un confinamiento progresivo genera un porcentaje del 72.3%. Como se puede observar el índice R_0 va disminuyendo lentamente hasta situarse por debajo de 1 aproximadamente el día 11 (Figura 7)

Por otro lado la importancia de actuar lo antes posible queda recogida en la figura 8 donde se aprecia claramente la diferencia de población que será infectada si este confinamiento se aplica el día 10, esto es, un día mas tarde. En este caso el número de infectados será de un 50% frente al 40% del día 9.

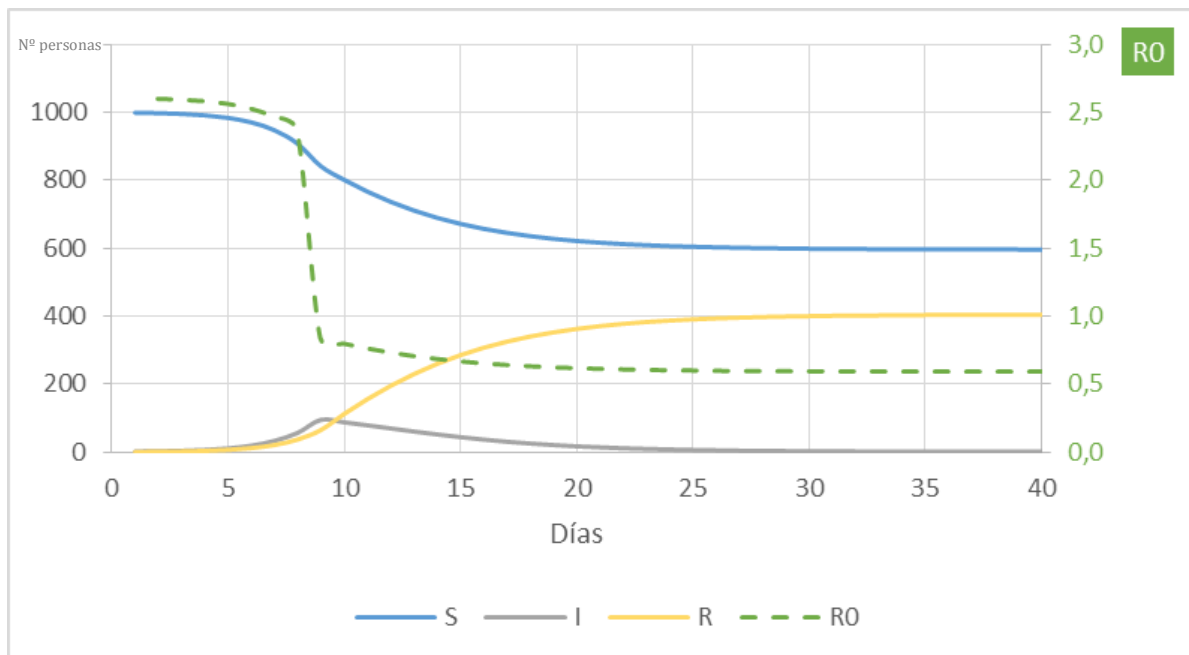


Figura 6. Simulación del modelo SIR, confinamiento instantáneo día 9. $\gamma = 0.5$, $\beta = 0.0013$ desde día 1 al día 8 y $\beta = 0.0005$ a partir del día 9.

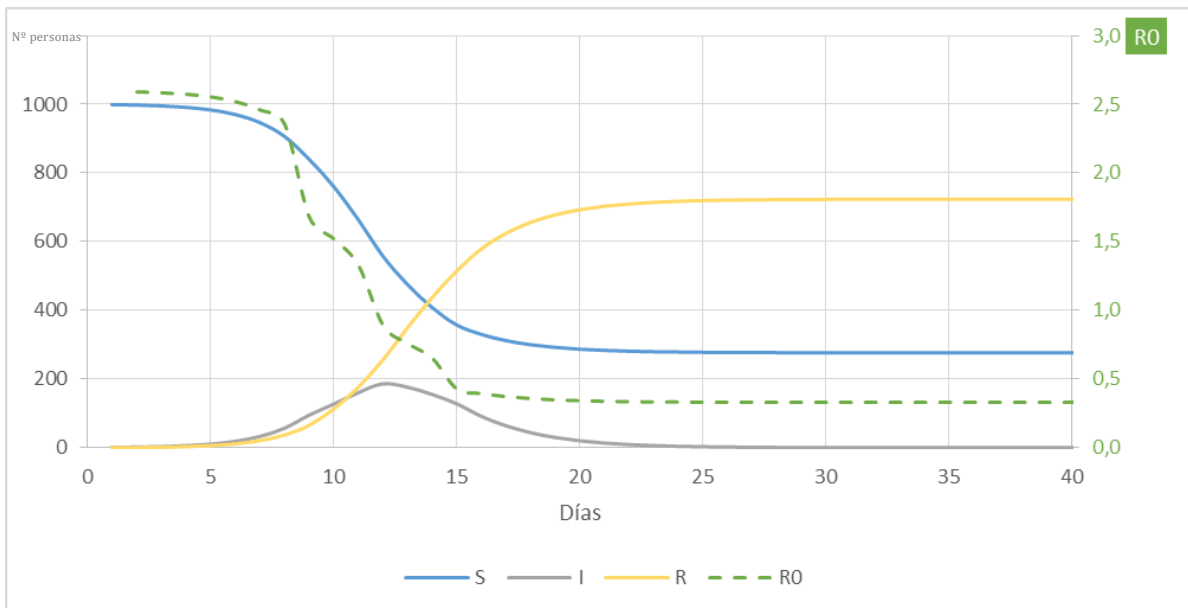


Figura 7. Simulación del modelo SIR, confinamiento progresivo. $\gamma = 0.5$, $\beta = 0.0013$ desde día 1 al día 8, $\beta = 0.001$ desde día 9 al día 11, $\beta = 0.0008$ desde día 12 al día 14 y $\beta = 0.0006$ a partir del día 15.

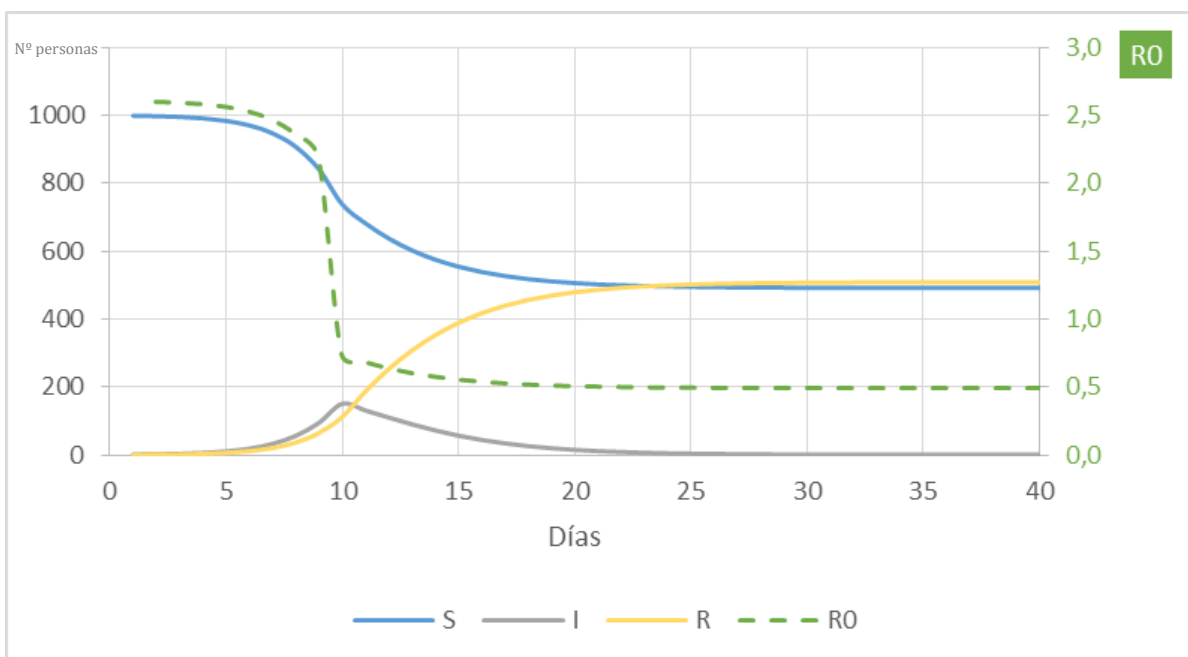


Figura 8. Simulación del modelo SIR, confinamiento instantáneo día 10. $\gamma = 0.5$, $\beta = 0.0013$ desde día 1 al día 9 y $\beta = 0.0005$ a partir del día 10.

Desarrollo de un tratamiento o vacuna

Partiendo del escenario inicial (Figura 4) se simula el desarrollo de una vacuna o tratamiento que hace aumentar la tasa de recuperación γ de un 0.5 a un 0.8 a partir del día 12 (Figura 9). Esto implica que a partir de ese día un 80% de las personas infectadas pasarían a estar recuperadas. En este caso el porcentaje de

personas infectadas sería de un 85% frente al escenario inicial en el que el porcentaje de infectados era de un 93%. Nótese además del descenso del tasa reproductiva instantánea R_0 que tras aplicar el tratamiento cae por debajo del valor de 1, disminuyendo así a la población infectada día tras día.

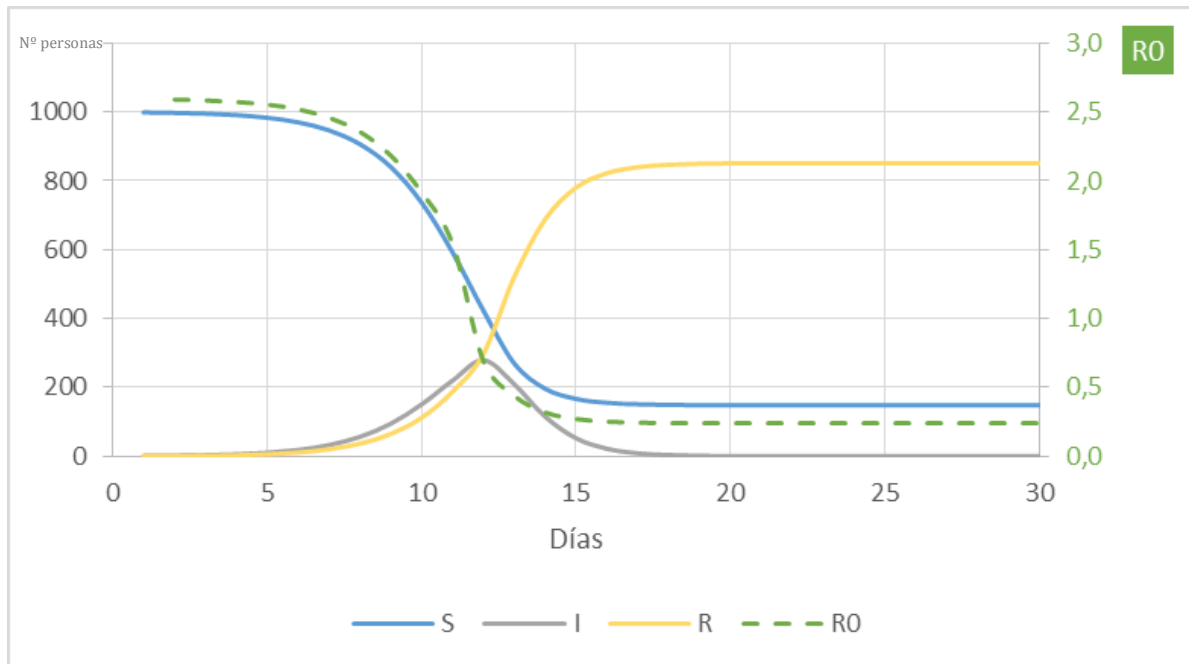


Figura 9. Simulación del modelo SIR, desarrollo de un tratamiento o vacuna. $\beta = 0.0013$, $\gamma = 0.5$ desde día 1 al día 12 y $\gamma = 0.8$ a partir del día 13.

6. CONCLUSIONES

- El modelo SIR es un herramienta bastante simple, pero eficaz a la hora de trabajar los datos de cualquier epidemia o problema de salud pública, y es utilizada por gran parte de la comunidad científica.
- A partir de la estimación de β , γ , $R_0(t)$, número de **S**usceptibles, número de **I**nfectados y número de **R**ecuperados se determina el buen ajuste de los modelos SIR a los datos aportados por la OMS y por otras bases de datos para España y para las distintas comunidades autónomas.
- Las simulaciones de los distintos escenarios durante la pandemia de la COVID-19 pueden ser representadas a partir del modelo SIR con datos aproximados permitiendo predecir la evolución de la enfermedad.

7. BIBLIOGRAFÍA

Alcoba-Florez J., González-Montelongo R., Campos I., Artola D., Gil Campesino H., Ciuffreda L., Valenzuela-Fernández A. y Flores C. (2020). Fast SARS-CoV-2 detection by RT-qPCR in preheated nasopharyngeal swab samples. *International Journal of Infectious Diseases*. Volumen 97. 66-68.

Chacón J.E. 2020. Ajuste de los datos oficiales del COVID-19 mediante un modelo SIR con tasa de transmisión dinámica. Universidad de Extremadura.

Chen N., Zhou M., Dong X., Qu J., Gong F. y Han Y. 2020. Características epidemiológicas y clínicas de 99 casos de nueva neumonía por coronavirus 2019 en Wuhan, China: un estudio descriptivo. *The Lancet*. Volumen 395. 507-513.

Comité Español de Matemáticas (CEmat). 2020. Acción matemáticas contra el coronavirus. Sitio Web. Disponible en: <http://matematicas.uclm.es/cemat/covid19/>

Cori A., Ferguson N.M., Fraser C. y Cauchemez S., 2013. A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics, *American Journal of Epidemiology*, Volumen 178, 9-10.

De Pereda Sebastián D., 2010. “Modelización matemática de la difusión de una epidemia de peste porcina entre granjas”. Facultad de ciencias matemáticas. Universidad Complutense de Madrid.

García Piñera A., 2014 Modelo de Ecuaciones Diferenciales para la Propagación de Enfermedades Infecciosas. Facultad de Ciencias. Universidad de Cantabria.

Hyafil A. y Moríña D. (2020). Análisis del impacto del bloqueo en el número de reproducción del SARS-Cov-2 en España Análisis del impacto del confinamiento en el número de reproducción del SARS-Cov-2 en España. *La Gaceta Sanitaria*.

Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. 1927. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society A*, 115 (772)

Martín Barroso V. 2020. Una breve introducción al modelo SIR aplicado al caso del Covid-19. Instituto Complutense de Estudios Internacionales (ICEI). Universidad Complutense de Madrid.

Organización Mundial de la Salud (OMS). 2020. Declaración sobre la segunda reunión del Comité de Emergencias del Reglamento Sanitario Internacional (2005) acerca del brote del nuevo coronavirus (2019-nCoV). Sitio Web. Disponible en: [https://www.who.int/es/news-room/detail/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-\(2019-ncov\)](https://www.who.int/es/news-room/detail/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-(2019-ncov))

Organización Mundial de la Salud (OMS). 2020. *Preguntas y respuestas sobre la enfermedad por coronavirus*. Sitio Web. Disponible en: <https://www.who.int/es/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/advice-for-public/q-a-coronaviruses>

Sanz Garayalde I. y Varona Malumbres J.L., 2016. Modelos Epidemiológicos basado en ecuaciones diferenciales. Universidad de La Rioja.

Serrano-Cumplido A., Antón Eguía Ortega P.B., Ruiz García A., Olmo Quintana V. y Morán Bayón A. 2020. La historia se repite y seguimos tropezando con la misma piedra. *SEMERGEN*. Volumen 46. 48-54 .

Zhou P, Yang XL, Wang XG, Hu B, Zhang L y Zhang W,. 2020. Un brote de neumonía asociado a un nuevo coronavirus de probable origen de murciélago. *Nature*. Volumen 579. 270-273.