

Evolución del Contagio por COVID-19 en El Salvador, Aplicando Simulaciones Tipo SIR.

*Rafael Gómez-Escoto, Kevin Hernández, e Ismael Arce
Escuela de Física, Universidad de El Salvador*

RESUMEN

En este artículo se estudia la dinámica epidemiológica de COVID-19 en El Salvador, a través de modelos deterministas como SIR con tasa de mortalidad constante. El modelo SIR está basado en el esquema Susceptibles-Infectados-Recuperados, e introduciendo el parámetro de la tasa de mortalidad global. Las simulaciones del modelo SIR fueron modificadas debido a la intervención en la dinámica social de la población, a través de medidas como el distanciamiento social, higiene adecuada y cuarentena obligatoria. Estas medidas han logrado mitigar la evolución de la pandemia en el país. Se ha establecido como población base a las 4,600 personas internadas en Centros de Contención, debido a que hasta el 5 de abril, el 90% de los casos fueron confirmados de entre ese grupo. Se ha asumido que la tasa global de mortalidad es del 3.5% según reportes internacionales. Los resultados fueron clasificados según escenarios: optimista, semicrítico y crítico con picos de infección entre 4% y 7.4% de la población total. Se estableció que el 15% de los casos confirmados llegan a condición crítica mientras que el 3.5% de los infectados totales fallecen. Las simulaciones son realizadas a partir del día 5 de abril, pero asumiendo como día cero el 18 de marzo, que corresponde al primer caso positivo identificado en suelo salvadoreño.

ABSTRACT

This article studies the epidemiological dynamics of COVID-19 in El Salvador, using deterministic models such as SIR with a constant mortality rate. The SIR model is based on the Susceptible-Infected-Recovered scheme, and introducing the parameter of the global mortality rate. The simulations of the SIR model were modified due to the intervention in the social dynamics of the population through measures such as social distancing, adequate hygiene, and mandatory quarantine. These measures have been managed in order to mitigate the evolution of the pandemic in the country. The 4,600 people in Containment Centers have been established as the base population for simulations, because up to April 5, 90% of the cases were confirmed among this group. The overall mortality rate has been assumed to be 3.5%, according to general international reports. The results were classified according to scenarios: optimistic, semi-critical and critical with peaks of infection between 4% and 7.4% of the total population considered. It was established that 15% of the confirmed cases reach critical condition, while 3.5% of the total infected cases could die. The simulations are carried out from April 5, but assuming March 18 as the zero day, which corresponds to the first positive case identified in El Salvador.

Palabras Clave: COVID-19, SARS-COV-2, Modelos Matemáticos, Modelos de Simulación SIR, Epidemiología.

INTRODUCCIÓN

En poco más de tres meses, el coronavirus SARS-CoV-2, ha pasado de infectar a animales silvestres a contagiar a más de 2,3 millones de personas en todo el mundo, con un saldo de más de 160,000 fallecidos a la fecha. Este nuevo virus que genera el síndrome agudo respiratorio, COVID-19, ha puesto en crisis a los sistemas de salud de

la mayoría de países del mundo, y exige de la comunidad científica ponerse manos a la obra, para analizar a profundidad el fenómeno, prevenir el contagio, estudiar la evolución de la pandemia, y por supuesto, encontrar tratamientos médicos que permitan eliminar el virus del organismo y salvar vidas.

Uno de los métodos de estudio de la pandemia que enfrentamos, es el desarrollo y aplicación de modelos matemáticos deterministas o estocásticos, a las características epidemiológicas de la enfermedad, que permita tomar decisiones y establecer medidas operativas orientadas al control y prevención del contagio.

En el estudio de cualquier epidemia es fundamental responder las preguntas sobre las posibilidades de control epidemiológico de la enfermedad, así como sobre la posibilidad de erradicarla. La respuesta a estos dos aspectos, depende de las tasas de transmisión y recuperación de la enfermedad. Las cuales a su vez, dependen de muchos otros factores, entre ellos, la estructura social de la población y su conectividad, las condiciones sanitarias del país, el poder de infectación del agente, los vectores de la enfermedad, y por supuesto de la capacidad instalada del sistema de salud y su efectividad, entre otros (*Hethcote, 2000*).

Actualmente existe una gran variedad de modelos aplicados a problemas epidemiológicos, incluyendo el uso de ecuaciones diferenciales estocásticas, autómatas celulares, redes dinámicas, etc. Los modelos con redes están siendo utilizados cada vez más debido a que permiten simular de forma más realista la estructura de la población y su evolución en relación con la transmisión de enfermedades. Estos modelos están compuestos por nodos inter-conectados que pueden representar personas y sus interrelaciones sociales, económicas o de otro tipo (*Keeling & Eames, 2005*).

Siendo que la interacción social es altamente cambiante, se requiere que la evolución del modelo seleccionado ocurra de la misma forma, adaptándose a la variabilidad que implica el entorno social, lo que claramente puede afectar la velocidad y amplitud de propagación de una epidemia.

Por supuesto, estas características hacen todavía más complejo el análisis de problemas epidemiológicos, por cuanto se ha de tomar en cuenta la dinámica social que determina el contacto entre individuos. En casos como el que nos ocupa, en que el contagio se da de persona a persona, se espera que con la medida de evitar o propiciar la disminución del contacto social a través del distanciamiento y otras medidas higiénicas, se tenga un efecto positivo en la evolución de la epidemia (*Gross & Blasius, 2008*).

En este estudio se desarrolló un modelo tipo SIR determinista, modificado con la introducción del parámetro de mortalidad, para analizar los posibles escenarios de evolución del contagio por COVID-19 en El Salvador. Se analiza la propagación de la enfermedad entre individuos en condiciones de cuarentena en los Centros de Contención, a nivel nacional. El modelo SIR proporciona un primer acercamiento a los modelos matemáticos de predicción epidemiológica, tradicionalmente usado para describir otros brotes a nivel histórico y mundial.

METODOLOGÍA

El modelo SIR tiene muchas variantes y ha sido utilizado para estudiar la evolución de muchas enfermedades entre ellas la influenza, dengue y otros virus respiratorios como el SARS. En este modelo se divide la población en tres clases: Los individuos susceptibles

de contagiarse $S(t)$; los individuos infectados $I(t)$ y los individuos recuperados $R(t)$, que son aquellos que, habiéndose enfermado se han aliviado y posiblemente han adquirido inmunidad a nuevos contagios. Este modelo se describe por un sistema de ecuaciones diferenciales que incluyen los parámetros: δ es la tasa de mortalidad por efecto de la enfermedad (comprendido entre 0 y 1), β es la tasa de transmisión, α es la tasa de recuperación y $N(t)$ es la población total:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)} + \delta \alpha I(t)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)} - \alpha I(t)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = (1 - \delta) \alpha I(t)$$

Dónde: $N(t)$ es la población total, β es la tasa de contagio, α es la tasa de recuperación, y δ es la tasa de mortalidad debida al virus, comprendidos en el rango de 0 a 1 (Arenas et al. 2009).

Además, se deben verificar las condiciones iniciales:

$$S(0) = S_0 \geq 0; I(0) = I_0 \geq 0; R(0) = R_0 \geq 0$$

$$S(t) + I(t) + R(t) = S_0 + I_0 + R_0 = N$$

Además del número básico de reproducción:

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

La tasa de contagio R_0 representa el número promedio de contagios que genera una persona infectada entre individuos sanos. Su importancia radica en que nos indica si el brote de la enfermedad es una epidemia, en caso que $R_0 > 1$, de lo contrario, la enfermedad es controlable y conlleva a su desaparición. Además es necesario conocer otros valores como el tiempo de incubación y el tiempo que un individuo permanece infeccioso (Hethcote, 2000).

Según las últimas publicaciones sobre la pandemia, la lógica del contagio puede suceder a partir de un día antes de la aparición de los síntomas, y hasta 5 a 7 días desde el inicio de la enfermedad. Por otra parte, los niños pueden contagiar el virus durante más de 7 días. Los síntomas comienzan de 1 a 4 días después de que el virus entre en el cuerpo. Es decir, se puede contagiar a otra persona antes de saber que se está enfermo. Por último, algunas personas pueden infectarse con el virus sin desarrollar síntomas, pudiendo contagiar el virus a otra persona (Centers for Disease Control and Prevention, CDC). Estas observaciones permiten adoptar criterios válidos, para definir los parámetros que intervienen en el modelaje matemático de la pandemia.

La implementación del modelo fue ejecutada en el lenguaje de programación Python, resolviendo numéricamente las ecuaciones del modelo SIR, con una tasa de mortalidad constante. Se usaron como condiciones iniciales los datos siguientes:

Dinámica de la Transmisión			Dinámica Clínica		
Población	Parámetros	Tiempos	Morbilidad	Tiempos de recuperación	de
Cuarentena: 4,600 per.	$R_0 = 1.3, 1.4, 1.5$	Tiempo de incubación = 5 días	Tiempo de duración enfermedad: <21 días	Estadía en hospital: 10 días	
Total: 6,500,000	$a = R_0/T_{in}$	Tiempo de infección = 7 - 12 días		Tasa de hospitalización: 14%	
Infectados iniciales: 69	$\beta = a * R_0$		$\delta = 3.5 \%$	Tiempo de recuperación en casos leves: 11 días	
Recuperados : 5					
Fallecidos: 4					

RESULTADOS

Las soluciones obtenidas son presentadas en la Figura 1 que indica la evolución del contagio por el virus, en el caso de no implementar ningún tipo de medidas de contención, de esta manera se comportarían las poblaciones de susceptibles, Infectados, y Recuperados:

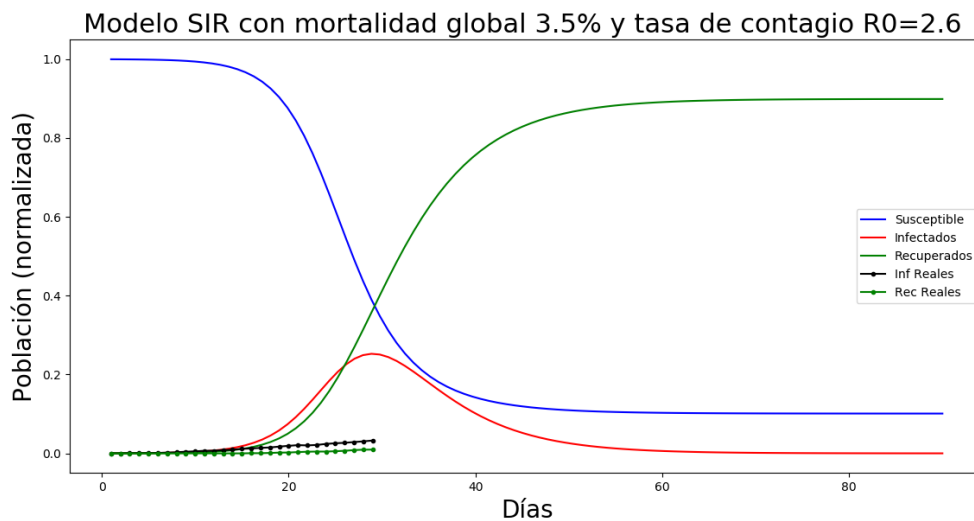


Figura 1: Modelo SIR sin medidas de contención, con tasa de mortalidad global de 3.5% de fallecidos sobre infectados. Nótese que el máximo valor de infectados de la población considerada, ronda por los 1161 personas en el caso simulado, lo cual indica que para un $N = 4,600$ se tendría básicamente el 25% de la población en estado infectado además se tendría el pico máximo de infectados en 32 días después del primer caso confirmado. Las curvas con marcadores punteados representan los infectados y recuperados reales de El Salvador, lo cual indica un lento despegue del contagio, resultado de una máxima contención y medidas de distanciamiento social.

Por otra parte, es usual clasificar la evolución de la enfermedad por escenarios optimistas, semicríticos y críticos. En el criterio del grupo de investigación hemos escogido diferentes valores de la tasa de contagio en la cual coinciden de manera puntual con los números de infectados, un escenario crítico es cuando los valores tienden a mayor número de infectados pero coincidiendo con al menos 3 puntos de infectados anteriores.

Con los datos disponibles se proyectaron diferentes escenarios de acuerdo a la tasas actuales de contagio, estimando 3 valores posibles de R_0 , $R_0 = 1.3, 1.4, 1.5$, que corresponden a los escenarios optimista, semicrítico, y crítico, respectivamente, obteniendo el resultado mostrado en la Figura 2.

Por conveniencia, se seleccionó $N=4,600$ personas, según los datos oficiales reportados por el gobierno de los centros de contención, esto se hizo así debido a que casi el 90% de los casos conocidos han sido reportados desde ahí, por consiguiente aún no es posible hacer predicciones razonables del comportamiento de la pandemia a nivel nacional.

En cuanto a los números máximos de infectados para cada escenario se tienen 185, 259 y 339 infectados para el caso optimista, semicrítico y crítico, respectivamente, lo cual indica que se espera una proyección de máximos infectados para las fechas del 6 al 10 de mayo.

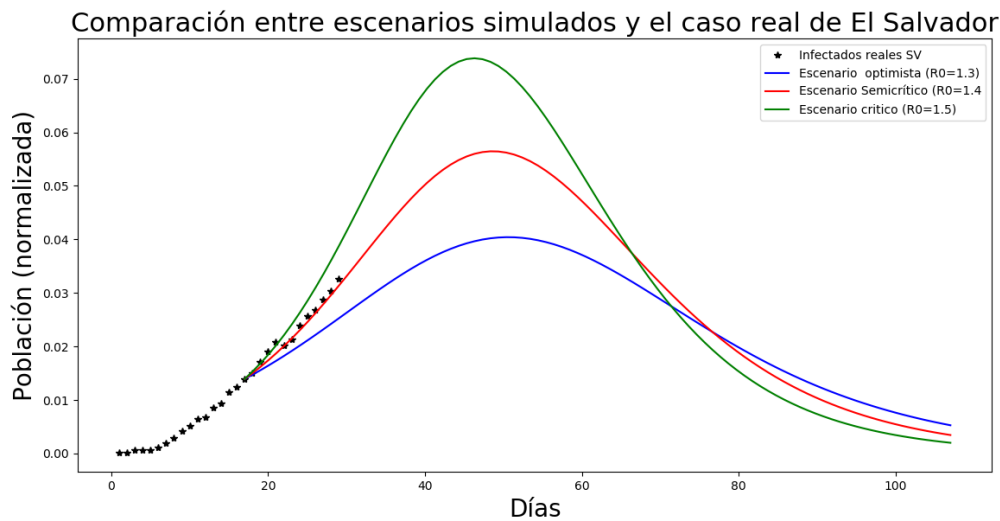


Figura 2: SIR con tasa de mortalidad global de 3.5% para tres diferentes escenarios, nótese que desde el 5 de abril los valores de infectados activos está en concordancia con el escenario crítico o semicrítico. Estas curvas son obtenidas de las proyecciones del día 5 de abril a 90 días. En general, las curvas proyección pueden ser un indicador de la evolución del brote de la enfermedad del coronavirus, no obstante, no se consideran posibilidades de rebrotes, ni cambios en la población determinada debido a ingresantes a centros de contención o salientes de ellos.

Además, se pueden hacer proyecciones tomando en cuenta las condiciones iniciales del 5 de abril para un rango de 3-5 días. Por ejemplo, el día 6 de abril reportó 69 casos confirmados activos, y las curvas soluciones predicen 68, 69 y 70 casos para optimista, semicrítico y crítico respectivamente, lo cual nos indica que los datos oficiales confirmados entran a la curva de semicrítico.

En el caso de la Figura 3, se tiene que se podría llegar a tener unas 259 personas en estado infectado, un 15% (39 personas) en estado crítico y entre 10 y 12 fallecidos en el día 49 después del primer infectado. Lo anterior, sugiere que con las medidas actuales se está logrando contener la enfermedad, sin embargo, se debe notar que la tasa de mortalidad considerada, es del 3.5%, que es la tasa promedio global.

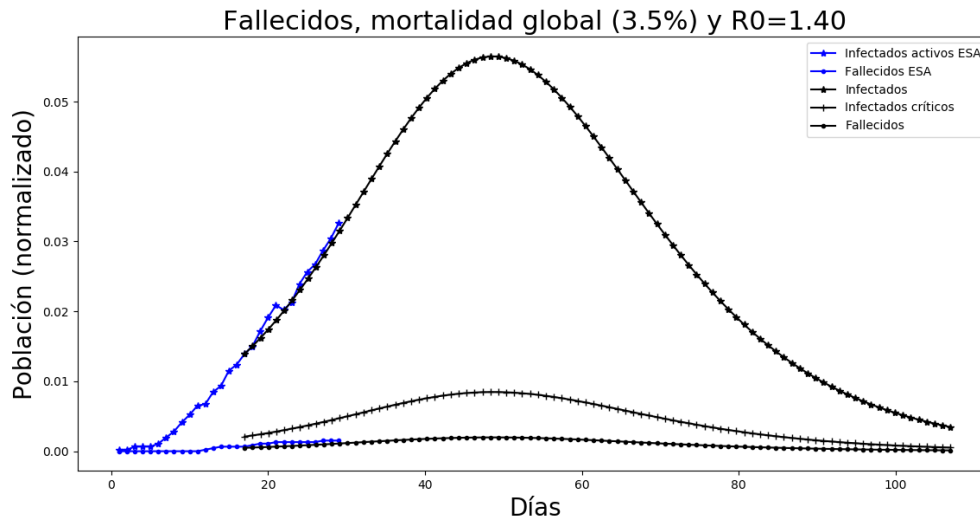


Figura 3: Comparación entre la evolución de personas infectadas, en estado crítico y fallecidos, asumiendo que el porcentaje de infectados en estado crítico es el 15% de los infectados totales, mientras que los fallecidos se determina por el 3.5% de los infectados totales.

CONCLUSIONES

A pesar de que ya se han recogido datos en diferentes países, los modelos que se construyen con ellos, no son del todo extrapolables debido a la forma diferente en que se puede comportar el virus y la enfermedad derivada, a las diferencias en las medidas de contención tomadas, y además, por las diferencias entre los sistemas de salud y su capacidad de reacción. Esta situación plantea complicaciones para implementar modelos de simulación y análisis en países donde la pandemia aún no se ha desarrollado completamente, haciendo que las predicciones realizadas con estos modelos, sean menos confiables.

Las simulaciones demuestran cómo la dinámica social, y la toma de decisiones de contención por parte del gobierno, influyen en la evolución de la epidemia. En particular se observa que a mayor tasa de transmisión de la enfermedad β menor será el tiempo necesario para llegar al estado de máxima infectación. Por otra parte, al tener una tasa de transmisión β baja, la probabilidad de contagio entre individuos disminuye y se ralentiza, la curva se aplana, y se prolonga el tiempo en que se alcanza el pico máximo, de manera que se puede controlar la intensidad del brote epidémico.

Por los datos presentados, parece que la pandemia en El Salvador ha sido contenida relativamente con éxito hasta ahora, indicando a la población el uso de medidas higiénicas y de protección, el distanciamiento social y la cuarentena obligatoria, así como

aislando los casos sospechosos y positivos. Los parámetros α , β , y δ , han sido evaluados de diferentes formas, apoyándose en los datos de la literatura, y la información estadística reciente de la progresión de la enfermedad en diferentes países incluyendo El Salvador. Sin embargo es claro que estos parámetros asumen comportamientos particulares, en función de las condiciones locales y varían de país a país. En consecuencia, los resultados obtenidos deben tomarse con reserva en su poder de predicción.

Aun cuando el porcentaje de personas que se contagiaron con el virus, pueda ser bajo, de hasta un 7.2% o menos, un 5% de esta población podría requerir cuidados intensivos, y en números absolutos, sería una cantidad tan grande de personas, que es lo que llevaría al colapso de cualquier sistema de salud, aun el más avanzado. Simplemente no se tienen las suficientes Unidades de Cuidados Intensivos (UCIs), ni camas, ni ventiladores mecánicos, para atender a tanto paciente en estado crítico. Este colapso del sistema de salud, es lo que preocupa a la población. Y si la decisión es la de aceptar pacientes graves por COVID-19, eso nos dejaría sin UCIs, ni camas disponibles para pacientes que lo requieran por otras enfermedades, lo cual igualmente sería desastroso.

De acuerdo a los resultados obtenidos, aun cuando las medidas de contención tienden a aplanar la curva, se espera un pico máximo entre 46 y 52 días después del día 0, que según los reporte oficiales corresponde al 18 de marzo del 2020, con un porcentaje de infestación de hasta el 7.4% de la población confinada en los Centros de Contención. Lo que significa que todo el proceso de desarrollo y control de la enfermedad, podría durar entre 3 y 4 meses, siempre y cuando las condiciones de contención se mantengan. El relajamiento de estas medidas podría cambiar drásticamente el escenario, pasando rápidamente a una situación de mayor infestación y mayor morbilidad.

Para finalizar, debemos entender que la estrategia de mitigación no intenta detener la pandemia, más bien se intenta "aplanar" la curva de contagio, para evitar que demasiadas personas necesiten al mismo tiempo acudir a los servicios hospitalarios, haciéndolos colapsar. Por tanto, es importante mantener las medidas de contención y el distanciamiento social, mientras dure la evolución de la pandemia, que puede llevar de 3 a 4 meses en su fase crítica.

El grupo de investigación ha avanzado también en la simulación más precisa del fenómeno, aplicando modelos SIR dinámicos-Monte Carlo, y redes dinámicas, que incluyen nuevas variables y parámetros, y requieren mayor capacidad de cómputo para correr los códigos programáticos. Los resultados de estos cálculos se encuentran en progreso y se presentarán en un segundo artículo.

REFERENCIAS

1. Arenas, A. J., González-Parra, G., Moraño, J. A. (2009). *Stochastic modeling of the transmission of respiratory syncytial virus (RSV) in the region of Valencia, Spain. Biosys.* 96 (3): pp. 206-212
2. Green, D. M., Kiss, I. Z., Kao, R. R. (2006). *Parameterization of individual-based models: Comparisons with deterministic mean-field models, J. Theor. Biol.,* 239(3): pp. 289-297.
3. Gross, T., Blasius, B. (2008). *Adaptive coevolutionary networks: a review, J. R. Soc. Interface* March 6, 2008 5: pp. 259-27.

4. Hethcote, H. W. (2000). *The Mathematics of Infectious Diseases*. *SIAM REVIEW* 42: pp. 599-653.

5. Keeling, M. J., Eames, K. T. D. (2005). *Networks and epidemic models*, *J. R. Soc. Interface* 2(4): pp. 295-307

6. Marceau, V., Noel, P. A., Hebert-Dufresne, L., Allard, A., Dube, L. J. (2010). *Adaptive networks: Coevolution of disease and topology*, *Phys. Rev. E* 82(3): pp. 036116