



Rev Mex Med Forense, 2020, 5(3): 21-37

ISSN: 2448-8011

Simulación Numérica y Modelación Matemática de la propagación del Covid 19 en el estado de Veracruz

Artículo Original

Numerical Simulation and Mathematical Modeling of the spread of Covid 19 in the state of Veracruz

Ortigoza, Gerardo ¹; Lorandi, Alberto ²; Neri, Iris ³

Recibido: 15 mayo 2020; aceptado: 18 junio 2020; Publicado: 15 Julio 2020.

¹ Facultad de Ingeniería, Universidad Veracruzana, Boca del Río; Ver. México

² Instituto de ingeniería, Universidad Veracruzana, Boca del Río; Ver. México

³ Maestría en Gestión Integrada de Cuencas, Universidad Autónoma de Querétaro

Corresponding author: [Alberto Lorandi, alorandi@uv.mx](mailto:alorandi@uv.mx)

RESUMEN

En este trabajo se muestra el uso de diferentes modelos matemáticos para simular posibles escenarios de la propagación del Covid 19 en el estado de

Veracruz; se obtienen cantidades importantes en epidemiología como son el número básico de reproducción, así como las tasas de transmisión, recuperación y

de latencia. Los datos reportados por la secretaria de salud de Veracruz son entradas a modelos de compartimentos (S =susceptibles, I =Infectados, E =expuestos, R =recuperados), escritos como sistemas de ecuaciones diferenciales no lineales; los parámetros son hallados usando un método de mínimos cuadrados ajustando el modelo de ecuaciones diferenciales a los datos. Así mismo se presentan resultados con algoritmos learning machine aplicados a los datos y una extensión del modelo temporal a un modelo espacio-temporal de autómatas celulares.

Palabras Clave: Covid 19, basic reproduction number, SIR, SEIR, machine learning, cellular automata

SUMMARY

This work shows the use of different mathematical models to simulate

INTRODUCCIÓN

COVID19 es la enfermedad infecciosa causada por un tipo de coronavirus recientemente descubierto: coronavirus tipo 2 del síndrome respiratorio agudo grave o SARS-CoV-2 (por sus siglas en inglés, severe acute respiratory syndrome coronavirus 2). Tanto este nuevo virus como la enfermedad que provoca eran desconocidos antes de que estallara el brote en Wuhan (China) en diciembre de 2019. Actualmente el COVID19 es considerado una pandemia que afecta a la gran mayoría de países del mundo.

Los síntomas más comunes de la COVID-19 son: fiebre, tos seca y cansancio. Otros síntomas no tan comunes son: dolores y molestias, congestión nasal, dolor de cabeza, conjuntivitis, ardor y

possible scenarios for the spread of Covid 19 in the state of Veracruz; important quantities are obtained in epidemiology, such as the basic number of reproduction, as well as the transmission, recovery and latency rates. The data reported by the Veracruz health secretary are inputs to compartment models (S = susceptible, I = Infected, E = exposed, R = recovered), written as systems of nonlinear differential equations; the parameters are found using a least squares method fitting the differential equations model to the data. Likewise, results are presented with learning machine algorithms applied to the data and an extension of the temporal model to a spatio-temporal model of a cellular automaton.

Keywords: Covid 19, basic reproduction number, SIR, SEIR, machine learning, cellular automata

dolor de garganta, diarrea, pérdida del olfato o del gusto, erupciones cutáneas o cambios de color en los dedos de las manos o los pies. Regularmente estos síntomas son leves y se presentan gradualmente. Algunas de las personas infectadas solo presentan síntomas leves parecidos a un resfrío. Aproximadamente el 80% de los contagiados se recuperan de la enfermedad sin necesidad de tratamiento hospitalario. Por otra parte, alrededor de 1 de cada 5 personas que contraen la COVID19 acaba presentando un cuadro grave y experimenta dificultades para respirar. Los adultos mayores y los pacientes que padecen afecciones médicas previas tales como: hipertensión arterial, problemas cardíacos o pulmonares, diabetes, obesidad o cáncer tienen más probabilidades de presentar cuadros graves que culminan en decesos.

La pandemia de COVID-19 en México se suscitó a partir del 27 de febrero de 2020. El primer caso confirmado se detectó en la Ciudad de México (un mexicano que había viajado a Italia y tenía síntomas leves); pocas horas después se confirmó otro caso en el estado de Sinaloa y un tercer caso, nuevamente, en la Ciudad de México. Así para el 18 de marzo de 2020 se documentó el primer fallecimiento por esta enfermedad en México.

En el estado de Veracruz, los dos primeros casos de Covid 19 se registraron en la zona conurbada Veracruz-Boca del Río el 17 de marzo del 2020 y la primera defunción por Covid 19 en el estado de Veracruz se reportó en Veracruz Puerto el 29 de marzo del 2020.

Los primeros casos fueron muy escasos principalmente de importación

(personas que contrajeron el virus en el extranjero y llegaron a Veracruz donde empezaron a presentar síntomas), así los reportes de nuevos casos mostraron un comportamiento un tanto errático con tan solo un par de casos (por ejemplo en el periodo del 21 al 25 de marzo no se reportaron nuevos casos). La figura 1 muestra una gráfica de casos nuevos por día, se observa al inicio en marzo pequeños brotes que no llegan a concretarse debido a que la secretaría de salud implementó medidas de aislamiento de los primeros casos detectados. No así en el mes de abril donde en general se observa un crecimiento constante, a partir del 14 de abril los casos comenzaron a manifestarse por decenas. Todos los datos mencionados y/o mostrados en este estudio fueron obtenidos de la página oficial de gobierno del estado de Veracruz (1).

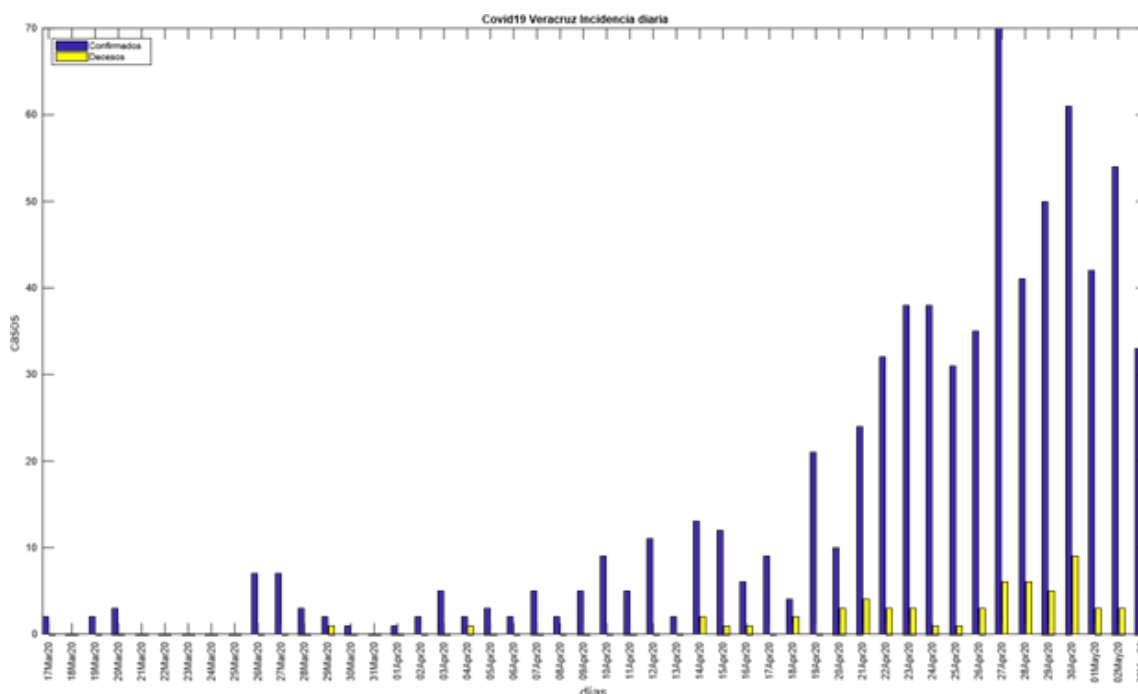


Figura 1 Casos nuevos por día en Veracruz

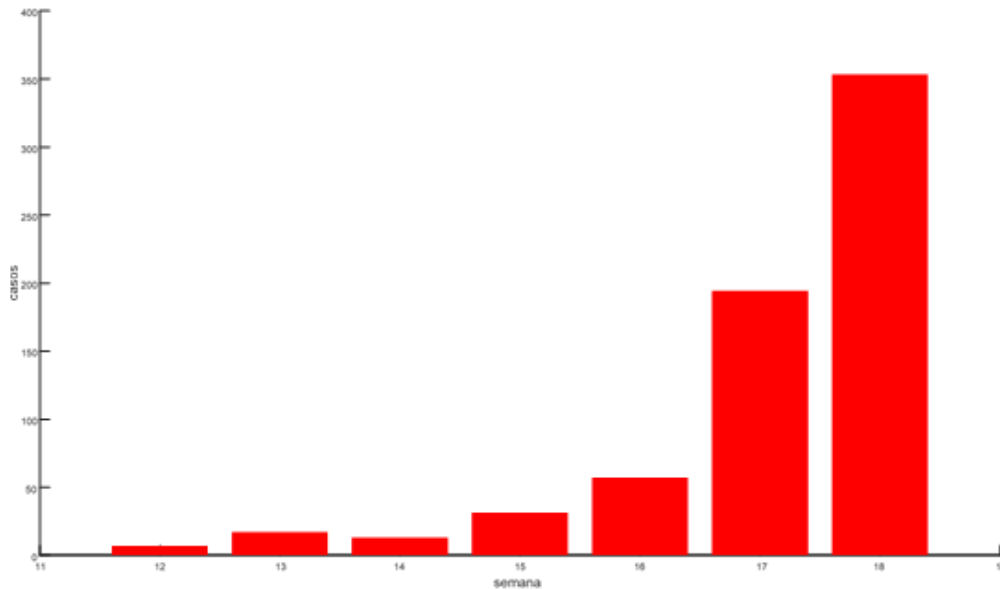


Figura 2 Casos nuevos por semana Veracruz

La gráfica en la figura 2 corresponde al número de infectados por semana (semanas epidemiológicas 12 a la 18). En las primeras 3 semanas (semana 12-14) se observa el pequeño brote parcialmente contenido pues debido a las primeras medidas de detección y aislamiento se tiene una disminución de la

semana 13 a la 14. Sin embargo, a medida que los casos aumentan se torna más difícil llevar a cabo un monitoreo de detección y aislamiento de nuevos casos, así inevitablemente en el periodo de las semanas 15 a la 18 se puede apreciar un crecimiento exponencial en el número de casos semanales.

Semana	Nuevos infectados
12	7
13	17
14	13
15	31
16	57
17	194
18	353

Tabla 1 Infectados por semana

El 23 de marzo del 2020 inicia en México la campaña nacional de sana distancia, donde se emiten recomendaciones a la sociedad tales como: el lavado de manos

frecuente, uso de gel desinfectante en las manos, evitar saludar de mano y de beso, se suspenden clases en todos los niveles educativos, saber identificar los síntomas

del Covid, así como se reducen las actividades económico-productivas a un grupo de actividades esenciales. Cabe mencionar que Veracruz inició unos días antes pues se encontraba en el periodo de puente vacacional con motivo del 18 de marzo, iniciando en viernes 13 y ya para el martes 17 de marzo no se regresó a clases.

MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS DE COMPARTIMENTOS

Un modelo matemático es una representación matemática de un fenómeno real, con suposiciones básicas se busca explicar mediante el modelo el comportamiento de un fenómeno de la naturaleza. Hay modelos matemáticos sencillos y algunos mucho muy complejos. No hay un modelo matemático perfecto, sino más bien cada modelo matemático se plantea para resolver determinados cuestionamientos del fenómeno que se estudia.

En los modelos epidemiológicos de compartimentos la población total se divide en compartimentos, los individuos de cada compartimento comparten características similares (2).

Ejemplos de compartimentos:

- Susceptibles: Son individuos de la población que no tienen inmunidad y por lo tanto pueden ser infectados si se exponen al agente infeccioso.
- Expuestos: Son individuos que fueron infectados, pero aún no son infecciosos (es decir están en un periodo de incubación o latencia).
- Infectados: Son individuos que están infectados y en un

momento dado pueden transmitir la infección a individuos susceptibles si tienen contacto con ellos.

- Recuperados: Son individuos que padecieron la infección, se recuperaron adquirieron inmunidad y consecuentemente no afectan a la transmisión cuando entran en contacto con otros individuos.

La cantidad de individuos en cada compartimento varía con el tiempo. Asumiendo una incidencia de acción de masa (3), (4), se tiene que $S' = -\beta SI$, es decir el número de susceptibles decrece debido al contacto de algunos susceptibles con infectados mientras que el número de infectados crece a razón βSI donde β es la tasa de transmisión del compartimento de susceptibles a infectados. Se asume que $\beta = p_i c$ donde p_i es la probabilidad de que un contacto de un infectado con un susceptible resulte en transmisión de la enfermedad, c es el promedio de contactos de un infectado con susceptibles. Al mismo tiempo la cantidad de infectados decrece puesto que algunos infectados se recuperan a una tasa γ (tasa de recuperación recíproco de los días que toma recuperarse de la enfermedad), y la cantidad de recuperados crece a razón $R' = \gamma I$.

Así obtenemos el famoso modelo de Kermack y McKendrick (5):

Modelo *SIR*

$$S' = -\beta SI$$

$$I' = \beta SI - \gamma I$$

$$R' = \gamma I$$

Para el caso de un modelo que incluya un periodo de incubación, se tiene que $S' = -\beta SI$ y los susceptibles se

transfieren al compartimento de Expuestos, se tiene que el número de expuestos crece en βSI pero decrece en ηE donde η es la tasa en que los expuestos se convierten en infectados (η es el recíproco del tiempo de incubación), el número de infectados se incrementa en ηE pero decrece en γI debido a los recuperados. Tenemos así el modelo SEIR

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI \\ E' &= \beta SI - \eta E \\ I' &= \eta E - \gamma I \\ R' &= \gamma I \end{aligned}$$

Note que las ' son derivadas y $S' + E' + I' + R' = 0$ así la población total $N = S + E + I + R$ se asume constante. En estos modelos básicos se asume que no hay reinfección es decir una persona recuperada adquiere inmunidad (al menos durante el periodo de tiempo que dura la epidemia). Así mismo no se considera ni el crecimiento ni la disminución de la población debida a nacimientos o muertes naturales; esta suposición resulta adecuada cuando se modela en periodos cortos de tiempo. Una cantidad de suma importancia para los epidemiólogos es el número básico de reproducción que para estos dos modelos es

$$R_0 = \frac{S^0 \beta}{\gamma} \quad (1)$$

y se define como es el número promedio de casos nuevos que genera un caso infeccioso en una población de susceptibles (6), (7).

EXPERIMENTOS NUMÉRICOS

Las ecuaciones obtenidas en los modelos SIR y SEIR son en general rígidas (stiff equations), una ecuación rígida es una ecuación diferencial para la cual ciertos métodos numéricos para resolver la ecuación son numéricamente inestables, a menos que se considere que el tamaño del paso es extremadamente pequeño. Una forma de sortear este tipo de inconvenientes es re-escalar las variables dividiendo por la población total para obtener proporciones de la población, $s = S/N, i = I/N, r = R/N$, etc. Usando los datos de infectados semanales reportados de las semanas epidemiológicas 12 a la 18 se procedió a ajustar estos datos primero al modelo SIR y luego al modelo SEIR.

Modelo SIR

Para ajustar el modelo SIR a los datos reportados se define una distancia de los datos de infectados dados a los datos que arroja el modelo de ecuaciones diferenciales y se minimiza esta distancia en el sentido de mínimos cuadrados para hallar los parámetros β tasa de transmisión y γ tasa de recuperación (8). Varios paquetes permiten realizar esta implementación numérica, en nuestros cómputos utilizamos Matlab 2017a. Se asume una población total de 8,112,505 individuos para el estado de Veracruz, datos obtenidos del censo INEGI 2015 (9); al tiempo inicial se asume $S(0) = 8112504$, $I(0) = 7$, $R(0) = 0$.

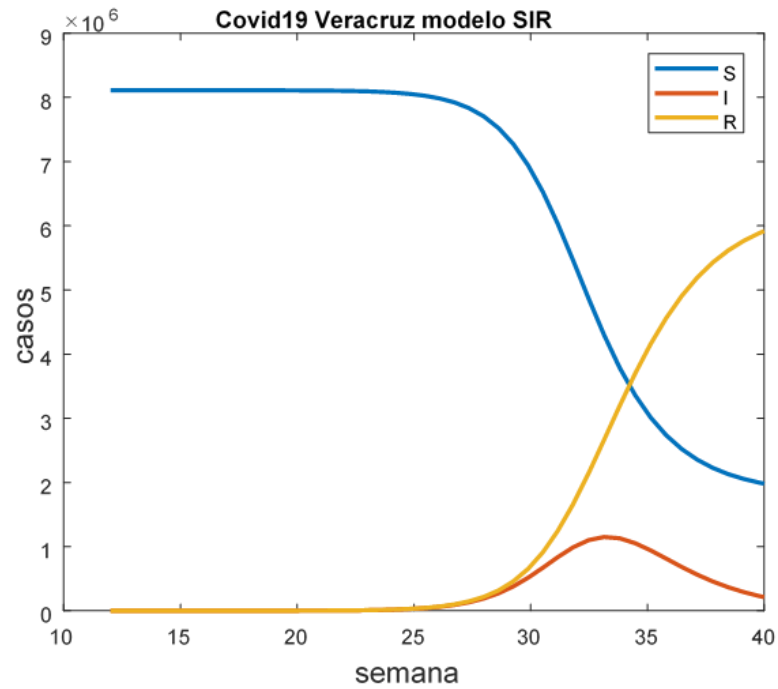


Figura 3 Modelo SIR por semanas Veracruz

Obtenemos así los valores $\gamma = 0.69$, es decir un periodo de recuperación de 10.12 días, $\beta = 1.33$, $R_0 = 1.93$, y un pico o

máximo de infectados que aproximadamente se alcanza en la semana 33

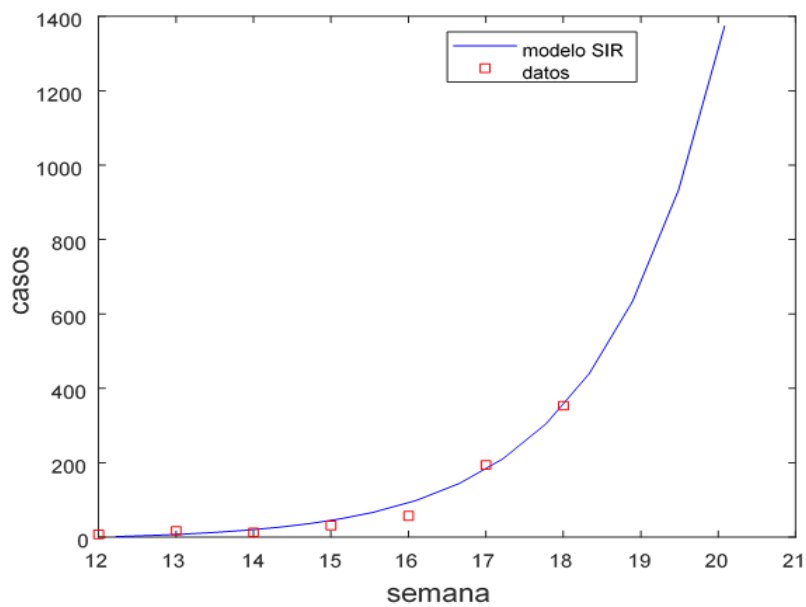


Figura 4 Modelo SIR en las primeras semanas para el Covid 19 en el estado Veracruz

Modelo SEIR

De la misma manera que con el modelo SIR, para el modelo SEIR se usan los datos para ajustar el modelo, para ello se define una distancia de los datos dados a los datos que arroja el modelo SEIR de ecuaciones diferenciales y se minimiza en el sentido de mínimos cuadrados esta distancia para hallar los parámetros β tasa de transmisión y η recíproco del periodo de incubación. Se asume el valor de 14 días ya que es el tiempo promedio de recuperación que se reporta en la literatura para el covid19. Se asume una población total de 8,112,505 individuos para el estado de Veracruz (datos censo INEGI 2015), al tiempo inicial se asume $S(0) = 8112491$, $E(0) = 7$, $I(0) = 7$, $R(0) = 0$. Se obtienen así los valores para

los parámetros $\eta = 0.4170$, es decir un periodo de incubación de 4.94 días, $\beta = 1.33$, $R(0) = 1.14$ y el máximo de infectados se obtiene aproximadamente en la semana 35.

Los valores de los parámetros η y γ ajustados por este método son cercanos a los reportados por la Organización Mundial de la Salud que son: 5 y 14 días respectivamente. Las gráficas mostradas en las figuras 3 y 5 deben tomarse con extrema precaución, si bien los ajustes realizados para ambos modelos con los datos hasta la semana 18 lucen como buenos ajustes como se aprecia en las figuras 5 y 6, su validez se encuentra entre las semanas 12 a la 18 y no es seguro extrapolar para usarlos como predictores.

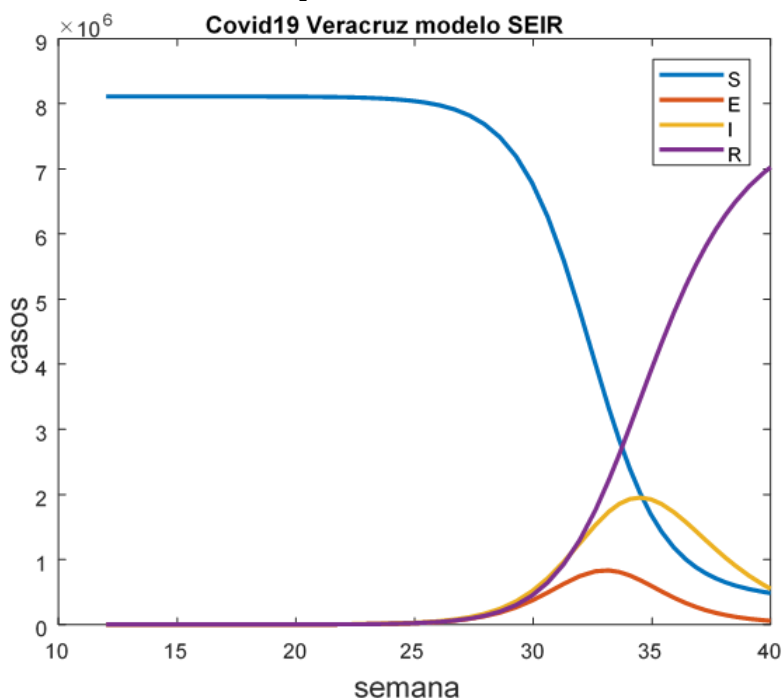
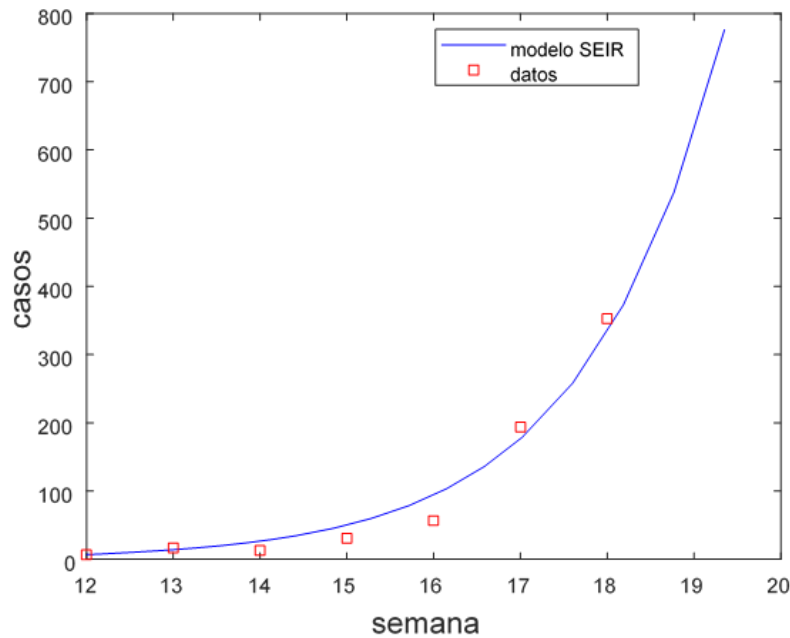


Figura 5 Modelo SEIR por semanas Veracruz



Monitoreo y proyecciones

Milan Batista (10) reporta el uso de un código Matlab que acopla la ecuación logística de crecimiento con un modelo SIR para realizar un monitoreo predictorio del tamaño final del Covid 19, al usar esta metodología a los datos diarios reportados para el estado de Veracruz, se observa que el pico de la epidemia se mueve avanzando en el tiempo conforme se recolectan nuevos datos. En general tratar de estimar el día o semana cuando se alcanza el pico (máximo número de infectados) de la epidemia no es una tarea fácil. Sin bien en el caso de una epidemia donde no se toman medidas para prevenir contagios, el ajuste del modelo SIR nos daría el máximo y su fecha probable (en una epidemia el número de infectados comienza a decaer al comenzar a agotarse el número de susceptibles). En el caso del Estado de Veracruz, el gobierno alienta y promueve medidas para reducir el número y movilidad de las personas en espacio público, todo esto con la finalidad de aplanar la curva, es decir evitar picos muy

altos que pudieran saturar los servicios de salud, así en lugar de tener una epidemia corta con un pico alto se busca una epidemia larga en tiempo con picos bajos.

Una forma intuitiva de monitoreo reside en la observación de que la curva de infectados en los modelos SIR /SEIR luce como una curva Gaussiana de la forma

$$f(x) = a_1 * \exp\left(-\left(\frac{x-b_1}{c_1}\right)^2\right)$$

Usando este ajuste a curvas Gaussianas, en la figura 7 de la semana 21 a la 22 se apreciaba que Veracruz alcanzaba el pico de la curva de infectados. Sin embargo, como se aprecia en la figura 8 a la semana 23 se tuvo un súbito repunte de la curva de contagios, una explicación para este suceso es el hecho de que el anuncio del fin de la campaña nacional de sana distancia (últimos días de la semana 22), dio a los ciudadanos una falsa percepción de seguridad incrementando considerablemente la cantidad de personas y su movilidad en el espacio público. Esta

tendencia de haber alcanzado el pico se vuelve a manifestar en la semana 24, en esta ocasión incluso de presenta una disminución del número de casos

semanales lo cual nos indicaría un posible inicio de descenso (dos semanas consecutivas de disminución de casos nos darían una tendencia de descenso).

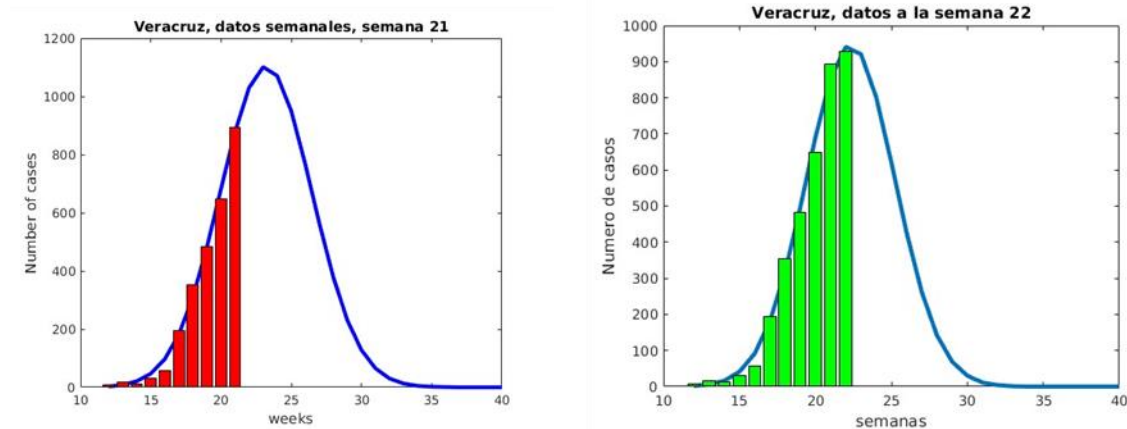


Figura 7. Curvas Gaussianas semanas 21 y 22

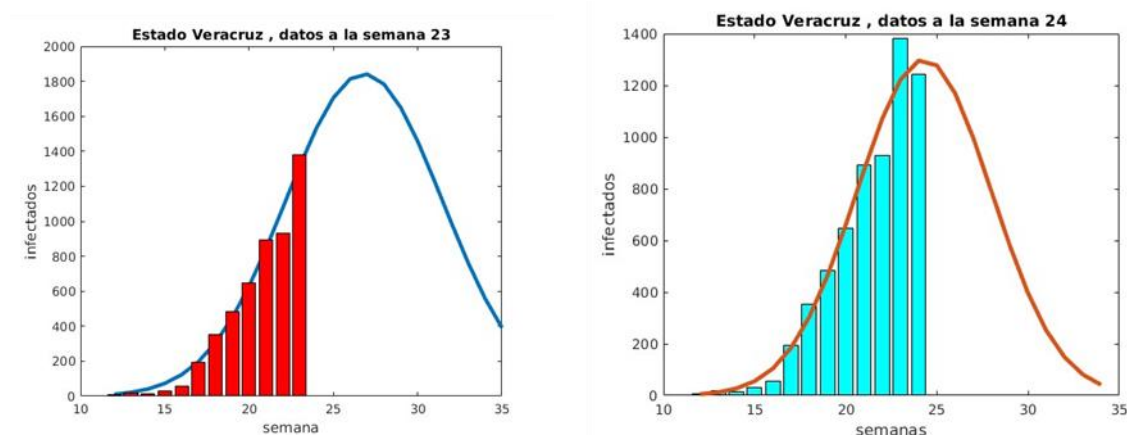


Figura 8. Curvas Gaussianas semanas 23 y 24

Los valores de los parámetros y sus intervalos de confianza para el ajuste de la curva Gaussiana a la semana 24 son:

General model Gauss1:

$$f(x) = a1 * \exp(-((x-b1)/c1)^2)$$

Coefficients (with 95% confidence bounds):
 $a1 = 1300$ (1117, 1483)
 $b1 = 24.3$ (22.68, 25.91)
 $c1 = 5.224$ (3.807, 6.641)

Goodness of fit: SSE: 5.478e+04

R-square: 0.9813

Adjusted R-square: 0.9775

RMSE: 74.01

La figura 9 nos muestra la curva de infectados obtenida con el modelo SIR usando los datos de las semanas 10 a la 24, se aprecia también un posible descenso a partir de la semana 25. Mientras que la figura 10 nos presenta 4 métodos de un algoritmo de machine learning, ajuste a los datos hasta la semana 24 y una proyección

de 4 semanas donde se incluyen los intervalos de confianza y se observa la posibilidad de alcanzar el máximo en las semanas 25 o 26. Machine Learning es una

disciplina científica del ámbito de la Inteligencia Artificial que crea sistemas que aprenden automáticamente (11).

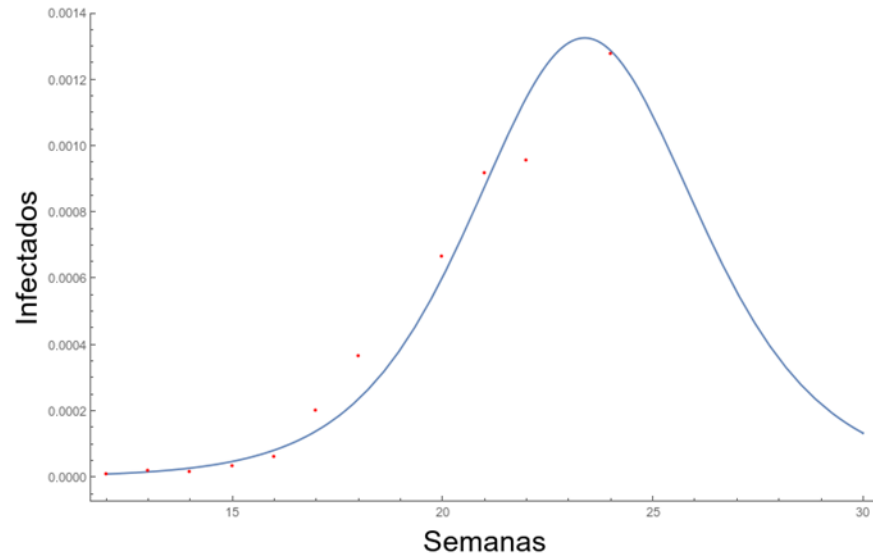


Figura 9 Modelo SIR ajustado a la semana 24

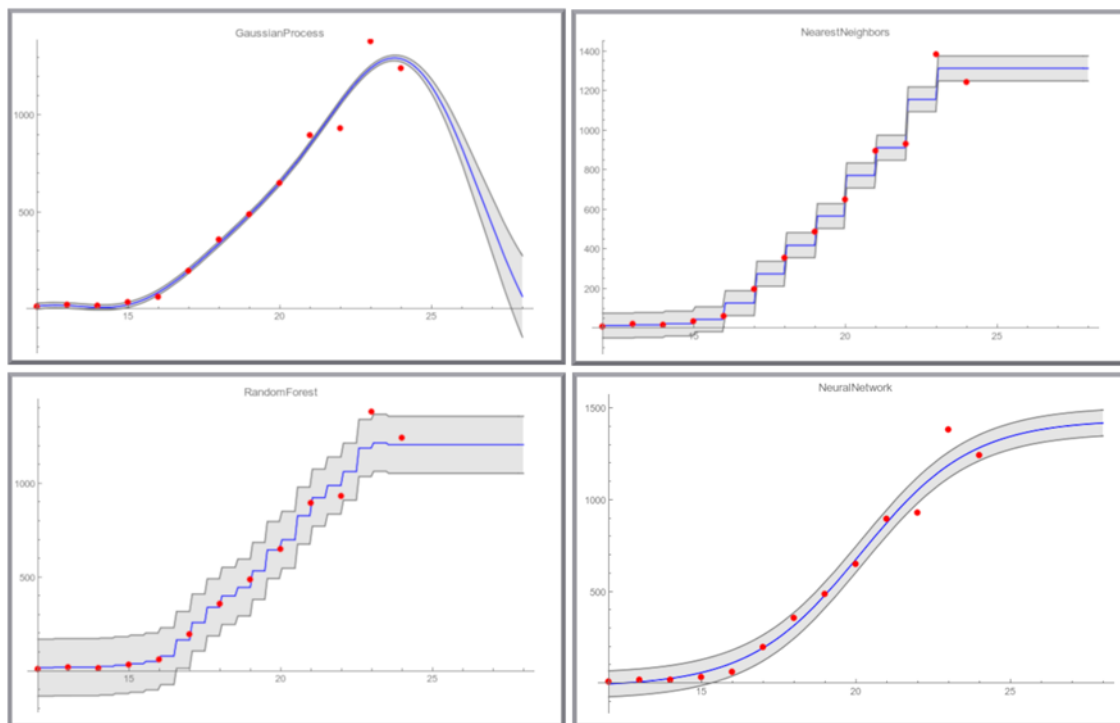


Figura 10 Machine Learning algoritmos usando 4 métodos diferentes ajustados a la semana 24

Además de la estimación del tamaño y fecha del pico máximo de una

infección, también es importante conocer un estimado del número de defunciones

que podrían presentarse. Una herramienta útil es el modelo de Richard (12), (13) definido por la siguiente ecuación diferencial del tipo logística:

$$\frac{dC(t)}{dt} = rC(t) \left[1 - \left(\frac{C(t)}{K} \right)^a \right]$$

donde $C(t)$ es el número acumulado de decesos al tiempo t y r, K, a son parámetros a ser determinados.

Usando los datos diarios de decesos en Veracruz reportados al 16 de

junio del 2020, realizamos un ajuste de mínimos cuadrados de este modelo a los datos para obtener:

$$r = 0.172655 \quad K = 2987.33 \quad a = 0.218225$$

Este modelo ejecutado a una simulación de 160 días nos dice que podrían esperarse un total de 2,987 defunciones en el estado de Veracruz. Aquí los intervalos de confiabilidad del 95% están dados respectivamente por:

$$[0.147836, 0.197475 \quad 2416.1, 3558.56 \quad 0.153908, 0.282543]$$

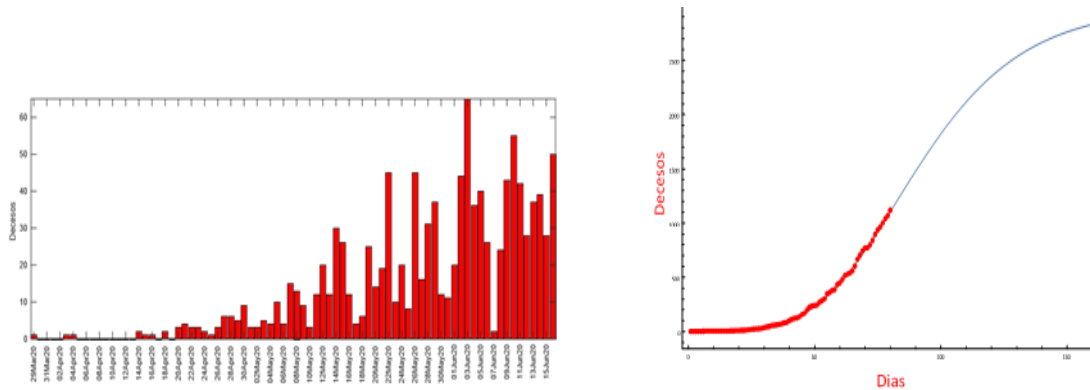


Figura 11 Defunciones diarias, estimado de defunciones acumuladas

Un modelo Espacio temporal

Los modelos SIR y SEIR son modelos determinísticos temporales expresados como sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias, dado un estado inicial de las variables podemos conocer el estado de las variables del sistema a un tiempo determinado en el futuro. La propagación de una enfermedad involucra incertidumbres (en etapas iniciales) que pueden expresarse con modelos probabilísticos, los modelos determinísticos nos dan por así decirlo el comportamiento promedio de la evolución de las variables del sistema. Una de las restricciones más importantes de los modelos determinísticos se encuentra en

su suposición básica: asumen una población homogénea (una población perfectamente mezclada distribuida uniformemente sobre todos y cada uno de los puntos de un dominio espacial sin movimiento de sus individuos). Así pues, buscando obtener una descripción más detallada de la realidad se pueden adoptar modelos donde se relaja esta restricción permitiendo densidades de población, así como características particulares del movimiento de los individuos, con ello la transmisión de la enfermedad podría mostrar diferencias significativas.

Autómata Celular No estructurado

Un autómatas celular es un sistema dinámico discreto en espacio y tiempo. El espacio es discretizado en un número finito de celdas, cada celda puede tomar un número finito de estados, los valores de las celdas se actualizan a cada tiempo mediante una función de transición que depende del valor presente de la celda así como los valores en su vecindad (conjunto de celdas que rodean a la celda considerada). En su trabajo, Ortigoza et.al (14) usaron celdas triangulares no estructuradas para la implementación de un autómatas celular de un modelo SEIR sei para simular la propagación del Chikungunya. De manera análoga definimos aquí un modelo de autómatas celular SIR basado en el modelo SIR de ecuaciones diferenciales. Nuestro autómatas celular triangular no estructurado para simular la propagación de Covid se define por las suposiciones siguientes:

1. Usando un sistema de información geográfica (GIS) el estado de Veracruz es definido por una curva polinomial, el dominio encerrado por esta curva es discretizado usando un mallador triangular no estructurado, cada celda es un triángulo habitado o no por personas.
2. Se asumen vecindades de tipo Neumann (una celda con sus tres vecinos).
3. A cada tiempo, cada celda contiene tres números enteros positivos que son la cantidad de susceptibles, infectados y recuperados.
4. Dos probabilidades, p_i probabilidad de infectarse y p_r probabilidad de recuperación son asignadas a cada celda.
5. El estado de cada celda (número de S, I, R) al tiempo $t+1$ se actualiza usando los valores de las celdas

vecinas (vecindad) al tiempo t y las siguientes reglas de transición probabilísticas:

- $S \rightarrow I$ En una celda con S personas susceptibles ($S > 0$) la fracción βS se infecta con probabilidad $1 - (1 - p_i)^{N_i}$, aquí N_i es el número de infectados en la vecindad, así el número de susceptibles decrece en esta cantidad mientras que el de infectados crece la misma cantidad.
 - $I \rightarrow R$ En una celda con I infectados ($I > 0$) la fracción γI se recupera con probabilidad γ , el número de infectados decrece esta cantidad mientras que el de recuperados aumenta en la misma cantidad.
 - mobility Para la movilidad de personas adoptamos un enfoque Euleriano. Si $I > 0$, una porción λ de los infectados se mueve con probabilidad p_{mob} a una celda elegida aleatoriamente en la cual se queda.
6. Cada iteración es de un día.
 7. Condición Inicial: las celdas son inicializadas usando densidades de población para cada uno de los 212 municipios del estado de Veracruz, dos humanos infectados son localizados en la zona conurbada Veracruz Boca del Río.
 8. Se asumen condiciones de frontera cerradas: no hay flujo a través de las fronteras, las celdas de la frontera pueden tener uno o dos vecinos.

Tomando como condiciones iniciales $S(0)=8112503$, $I(0)=2$, $R(0)=0$, realizamos simulaciones a 60 días, considerando escenarios sin y con movimiento (se asume un 50 % de movilidad). La figura 12 nos muestra la densidad inicial de población, así como una malla con 67,098 celdas. Por otra parte, las figuras 13 y 14 muestran la

evolución en tiempo y espacio del número de infectados. Para el escenario sin movimiento se aprecia un brote localizado y compacto que crece paulatinamente; por otra parte, el movimiento de infectados crea nuevos brotes, la movilidad acelera la evolución de la epidemia, así como aumenta considerablemente el número de infectados.

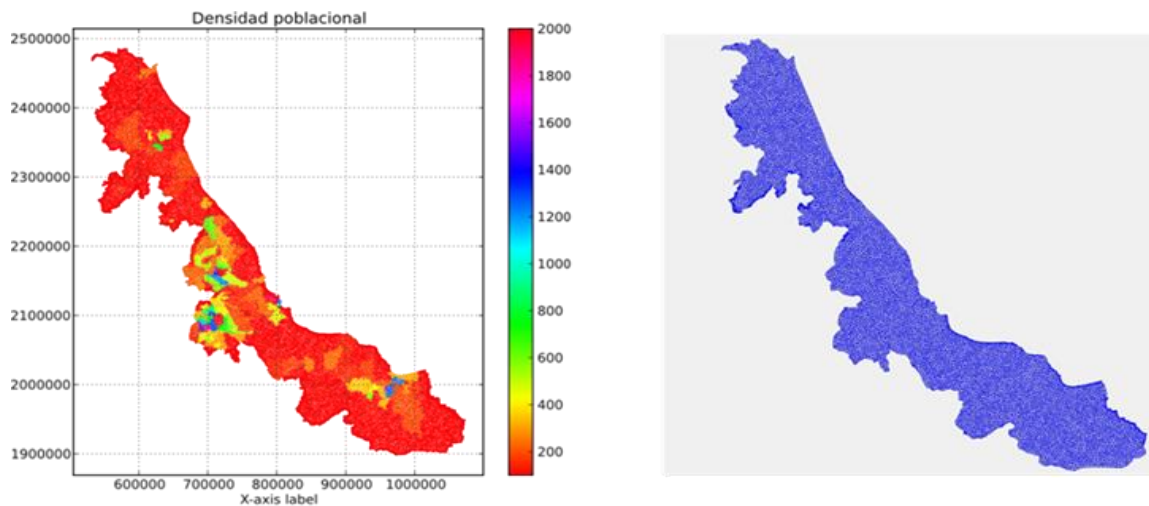


Figura 12 Densidad poblacional, 212 municipios del estado de Veracruz, malla triangular

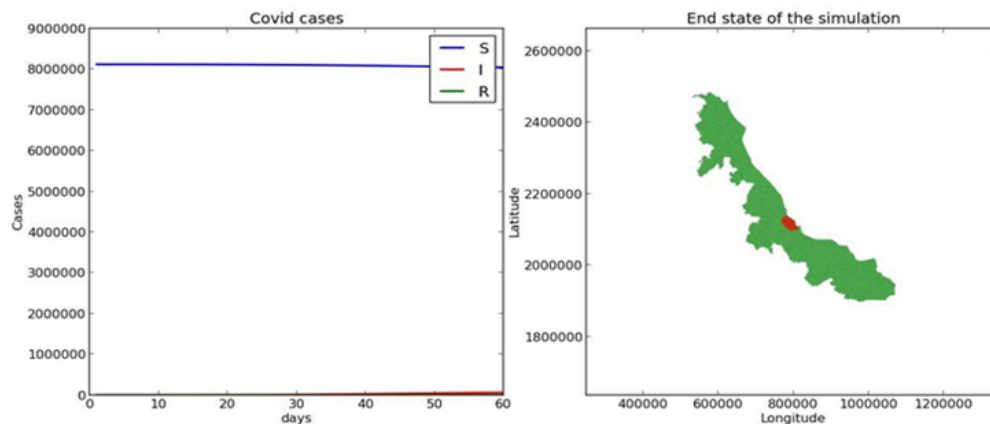


Figura 13 Simulación a 60 días sin movimiento de los infectados

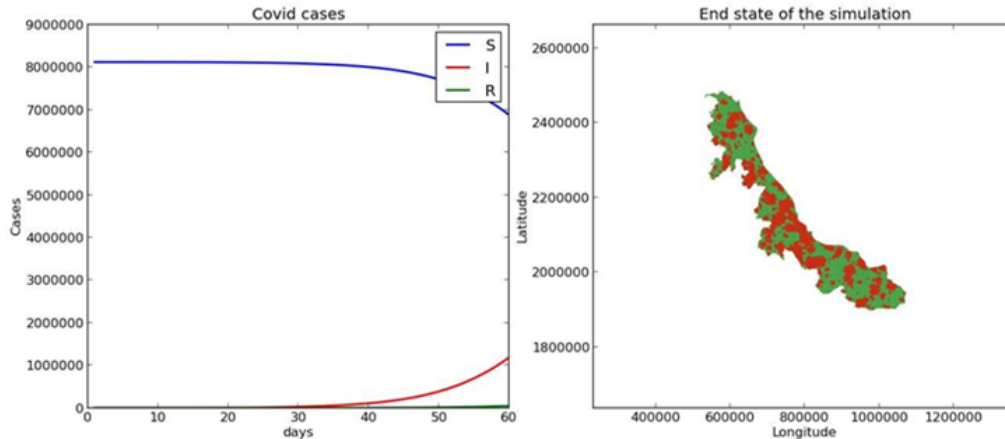


Figura 14 Simulación a 60 días con movimiento de los infectados

El método de autómatas celulares permite transformar modelos temporales como el SIR y el SEIR en modelos espacio-temporales, esta flexibilidad permite la simulación y experimentación con modelos epidemiológicos más complejos. La figura 15 muestra una simulación a 240 días de un modelo autómatas celulares SEIRD (15) con condiciones iniciales $S(0)=8112503$, $I(0)=2$, $R(0)=0$, $D(0)=0$ y 50% de movilidad.

$$S' = -\beta SI$$

$$E' = \beta SI - \eta E$$

$$I' = \eta E - \gamma I$$

$$R' = (1-\phi)\gamma I$$

$$D' = \phi\gamma I,$$

donde se ha agregado el compartimento D =decesos, ϕ es la fracción de infectados que mueren y $1-\phi$ la fracción que se recupera. Los datos históricos nos dan para ϕ una media de 0.1038, con desviación estándar =0.039 y un intervalo de 95% de confianza $[0.09, 0.11]$, los valores usados para β, η, γ son los previamente obtenidos en los ajustes a los datos.

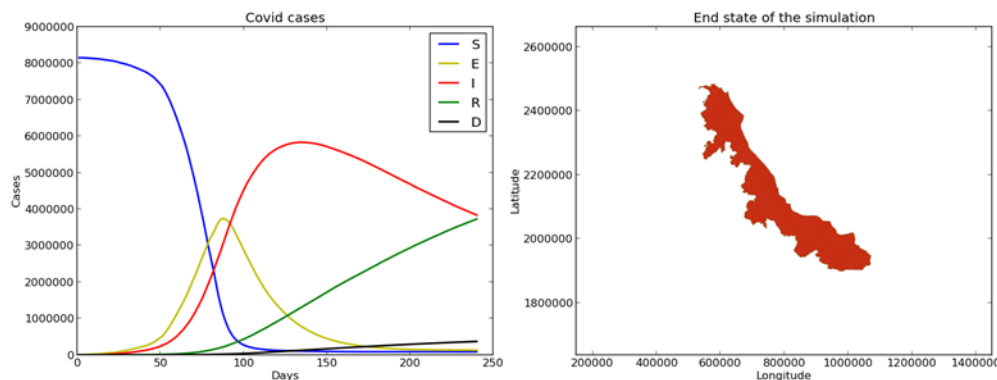


Figura 15 Simulación a 240 días con movimiento de los infectados

DISCUSIÓN

Los parámetros de dos modelos diferentes (SIR/SEIR) han sido ajustados a los datos históricos de propagación de Covid en Veracruz, estos valores son cercanos a los reportados en la literatura. Combinaciones de diferentes modelos como son ajuste a curvas Gaussianas, modelo SIR y algoritmos de inteligencia artificial aplicados solo a los datos, pueden usarse para realizar un monitoreo de la evolución de la epidemia, el conocer diferentes escenarios permite la toma de decisiones para implementar medidas restrictivas o relajar las medidas. Como muestran las simulaciones con autómatas celulares la movilidad de los infectados juega un papel central y esta movilidad puede romper cualquier tendencia o pronóstico obtenido a partir de los datos.

Conclusiones

Conocer exactamente el curso que toma una epidemia es una tarea extremadamente difícil; no hay un modelo perfecto para ello. Más aun hay demasiadas incertidumbres en los datos reportados, por ejemplo durante la pandemia Covid México usó un sistema centinela para estimar el número de infectados y se mencionaba un factor de 8.33 para escalar los casos reportados con el aproximado a casos reales. Los modelos SIR y SEIR son los más comúnmente utilizados para estimar cantidades epidemiológicas importantes.

Una vez realizado el ajuste de los modelos, los valores de estos parámetros deben verificarse para que tengan sentido epidemiológico. Las técnicas de machine learning se basan en entrenamiento de los datos, no hay interpretación

epidemiológica solo el análisis de patrones en los datos. La importancia de la movilidad de los infectados ha quedado expuesta mediante las simulaciones con autómatas celulares. Estimar el número de infectados es de gran utilidad para asignar recursos médicos y hospitalarios en áreas geográficas específicas.

Todos estos modelos pueden usarse de manera conjunta para definir criterios y ayudar a la toma de decisiones tales como implementar, reducir o reforzar medidas en puntos georreferenciados con alta concentración de población y aparición de casos.

REFERENCIAS

- 1 Gobierno_del_Estado_de_Veracruz.
. Coronavirus Noticias. [Online] Acceso 19 de junio de 2020. Disponible en: <http://coronavirus.veracruz.gob.mx/category/noticias/>.
- 2 Brauer F, van-den-Driessche P, Wu J.
. Compartmental Models in Epidemiology. En Lecture notes in mathematical epidemiology. Berlin, Heidelberg,: Springer Verlag; 2008. p. 19 - 76.
- 3 Martcheva M. An introduction to
. mathematical epidemiology New York: Springer Verlag; 2015.
- 4 Brauer F, van-den-Driessche P, Wu J. Mathematical epidemiology. En Mathematical Epidemiology. Berlin: Springer Verlag; 2008. p. 19 - 76.
- 5 Bacaër N. McKendrick and Kermack
. on epidemic modelling (1926–1927). En A Short History of Mathematical

- Population Dynamics. London: Springer Verlag; 2011. p. 89 - 96.
- 6 van-den-Driessche P. Reproduction . numbers of infectious disease models. Infectious Disease Modelling. 2017; 2(3): p. 288 - 303.
- 7 Chowell G, Brauer F. The basic . reproduction number of infectious diseases: computation and estimation using compartmental epidemic models. En Mathematical and statistical estimation approaches in epidemiology. Dordrecht: Springer Verlag; 2009. p. 1 - 30.
- 8 Chowell G. Fitting dynamic models to . epidemic outbreaks with quantified uncertainty: A primer for parameter uncertainty, identifiability, and forecasts. Infectious Disease Modelling. 2017; 2(3): p. 379 - 398.
- 9 INEGI. Cuentame (Veracruz). . [Online] Acceso 18 de juniode 2020. Disponible en: <http://cuentame.inegi.org.mx/monografias/informacion/ver/poblacion/>.
- 1 Batista M. Estimation of the final size 0 of the second phase of coronavirus . epidemic by the logistic model. MedRxiv (Internet). 2020;; p. 1 - 11.
- 1 Wolfram. Wolfram Machine learning 1 manual. [Online].; 2020. Acceso 19 de . junio de 2020. Disponible en: <https://reference.wolfram.com/language/guide/MachineLearning.html>.
- 1 Ying-Hen H, Fisman DN, Wu J. On 2 epidemic modeling in real time: An . application to the 2009 Novel A (H1N1) influenza outbreak in Canada. BMC research notes. 2010; 3(1): p. 283.
- 1 Hsieh YH. Richards model: a simple 3 procedure for real-time prediction of . outbreak severity. Modeling and dynamics of infectious diseases. 2009;; p. 216 - 236.
- 1 Ortigoza G, Brauer F, Neri I. 4 Modelling and simulating . Chikungunya. Infectious Disease. 2020; 5: p. 197 - 220.
- 1 Piccolomiini EL, Zama F. Monitoring 5 Italian COVID-19 spread by an . adaptive SEIRD model. medRxiv. 2020.

