



Rev Mex Med Forense, 2022, 7(2):125-146
DOI: <https://doi.org/10.25009/revmedforense.v7i2.2965>
ISSN: 2448-8011

Modelos dinámicos del brote de infección del COVID-19 en el estado de Veracruz

Artículo Original

Dynamic models of the COVID-19 infection outbreak in the state of Veracruz

Fuentes, Noé Arón ¹

Recibido: 17 noviembre 2022; aceptado: 8 febrero 2022; Publicado: 15 Julio 2022

1. Profesor e Investigador de El Colegio de la Frontera Norte, Tijuana, Baja California.
Corresponding author: Noé Arón Fuentes, afuentes@colef.mx

Revista Mexicana de Medicina Forense y Ciencias de la Salud.
Editorial Universidad Veracruzana
Periodo Julio-Diciembre 2022

RESUMEN

Objetivo: Aplicar los conceptos de Dinámica de Sistemas y usar el software STELLA para simular un conjunto de modelos epidemiológicos SIR de propagación del COVID-19 para Veracruz.

Métodos: La Dinámica de Sistemas es una metodología útil para analizar las causas estructurales que provocan el comportamiento dinámico de un sistema, y el software STELLA es una herramienta que permite construir los modelos a través de diagramas causales que facilita la comparación de los resultados de distintas simulaciones.

Resultados: Si bien en el estado alcanzó el pico máximo de propagación del virus en la semana 33 el contagio no desapareció. Existe un patrón de propagación por olas (o rebotes) decrecientes en el tiempo, que persistirá en el 0.56 % de la población estatal. La aplicación de una vacuna puede conseguir un descenso en las olas de infectados, que a su vez reducirá el número de fallecimientos.

Conclusión: el COVID-19 llegará a controlarse solo si la vacunación es mayor que el umbral del 47.6 % de la población estatal.

Palabras Clave: Modelo epidemiológico SIR, COVID-19, Dinámica de Sistemas y Vacunación.

SUMMARY

Objective: To apply the concepts of System Dynamics and use STELLA software to simulate a set of epidemiological SIR models of COVID-19 propagation for Veracruz.

Methods: System Dynamics is a useful methodology to analyze the structural causes that provoke the dynamic behavior of a system, and STELLA software is a tool that allows the construction of models through causal diagrams that facilitate the comparison of the results of different simulations.

Results: Although the maximum peak of virus spread in the entity was reached in week 33, the contagion did not disappear. There is a pattern of spread by decreasing waves (or outbreaks) over time, which will persist in 0.56% of the state population. The application of a vaccine may lead to a decrease in the waves of infection, which in turn will reduce the number of deaths.

Conclusion: COVID-19 will be brought under control only if vaccination is higher than the threshold of 47.6% of its population.

Keywords: Epidemiological SIR model, COVID-19, System Dynamics and Vaccination.

INTRODUCCIÓN

En el estado de Veracruz los dos primeros casos confirmados con la enfermedad infecciosa SARS-COV-2 (COVID-19) fueron registrados en la zona conurbada de la capital y Boca del Río el día 17 de marzo del 2020; y, el primer fallecimiento registrado por esta causa se reportó en la capital estatal el día 29 de marzo del 2020.

El brote de la infección estatal del COVID-19 fue un tanto errático con tan solo dos enfermos entre el 21 y el 25 de marzo del 2020. En las primeras 3 semanas (correspondiente a la 12-14 de la semana epidemiológica) se registró un pequeño brote pero fue parcialmente contenido debido a las medidas de detección y aislamiento implementadas. Sin embargo, entre las semanas de la 15 a la 18 se desencadenó un crecimiento exponencial en el número de infectados. En el Cuadro 1 se recogen los datos de individuos infectados de la semana 12 a la 18 de acuerdo a la Dirección General de Información de Salud (el número de infectados es un valor por cada 100,000 habitantes).

Cuadro 1. *Datos de infectados usados en el Modelo Epidémico COVID-19 para Veracruz*

Número de Semanas	Infectados	Inf/pob*100 mil habitantes
12	7	0.086
13	17	0.201
14	23	0.284
15	31	0.382
16	57	0.703
17	194	2.391
18	353	4.327

Fuente: DGSSa. La Población en Veracruz es 8, 112, 505 habitantes.

Ortigoza, Lorandi y Neri (2020) siguiendo estos datos ajustan un modelo epidémico SIR de propagación del COVID-19 al estado empleando datos semanales. Resaltando que el proceso de obtención de las estimaciones de los parámetros γ y β se realizó basándose en una regresión ajustada entre el grupo de infectados reales y el número de infectados ajustados de un modelo SIR inicial.

Los resultados obtenidos de los parámetros semanales fueron $\gamma=0.69$, es decir un tiempo de recuperación de la enfermedad de un poco más de 10 días, $\beta=1.33$ y $R_0=1.93$. De la simulación identifican que el pico máximo de infectados en esa entidad federativa se alcanza en la semana 33 suponiendo que la propagación del virus desaparece.

Modelo sir y sus variantes

El modelo epidemiológico SIR básico emplea un sistema de ecuaciones diferenciales aunadas a ciertos elementos de abstracción para describir, explicar y simular el comportamiento de una enfermedad infecciosa en una población. También funciona como instrumento de análisis que permite mejorar la percepción de las dinámicas que presentan las enfermedades, y así validar la relación de los sistemas predictores con la ocurrencia de la enfermedad, principalmente en relación con el manejo de la razón de reproducción básica de la infección (R_0), que debe ser considerado central para el control y/o la erradicación de la enfermedad infecciosa (García, 2014).

Originalmente (Kermack y McKendrick, op cit) formularon el modelo a partir de los postulados siguientes: 1) la enfermedad puede ser de carácter viral o bacteriana y es transmitida por contacto directo de persona a persona, 2) en el origen de la epidemia únicamente una fracción de la población era contagiosa, 3) la población es cerrada y, con excepción de los pocos individuos inicialmente infectados todas las demás son susceptibles de enfermarse, 4) la enfermedad tiene un ciclo de tres estados: susceptibles (S), infectados (I) y recobrados o fallecidos (R), 5) el enfermo sufre el ciclo completo de la enfermedad para al final recuperarse adquiriendo inmunidad o morir, y, 6) la población es constante o sin dinámica vital.

Este modelo ha sido la base para numerosas variantes creadas posteriormente, las cuales han agregado nuevos estados como periodos de latencia; cuarentena, y vacunación; nuevos elementos, como dinámica vital de la población, y nuevos enfoques al ser los parámetros no solo determinísticos sino estocásticos (Castro, Lodoño y Valdés, 2005; Catano y Rojas, 2020; Kang, Gunaseelen y Abbas, 2014).

Modelo epidémico sir

Al modelo SIR siguiente se le considera epidémico puesto que la duración de la enfermedad es corta comparada con la esperanza de vida del huésped (Pérez, 2012). Razón por la cual los nacimientos y muertes no son considerados, es decir, se considera que la población es constante.

$dS/dt = -\beta SI$	[1]
$dI/dt = \beta SI - \gamma I$	[2]
$dR/dt = \gamma I$	[3]

Donde las variaciones de sanos (S), infectados (I), y recuperados (R) se describen por el sistema de ecuaciones [1] a [3] y los parámetros β y γ denotan las tasas de infección y de recuperación, respectivamente.

Además, las condiciones poblacionales iniciales en el tiempo t_0 requeridas en el modelo son: total de sanos (S_0), total de infectados (I_0), y total de Recuperados (R_0) y total de población ($N = S_0 + I_0 + R_0$). (Pérez, op cit.)

A. Modelo endémico sir

Se denomina modelo SIR endémico cuando se considera que la enfermedad estará persistentemente presente en la población. En este caso se considera la dinámica vital. Para mantener a la población constante, asumimos sencillamente que el número de nacimientos y muertes son iguales.

$dS/dt = \mu N - \beta SI - \mu S$	[4]
$dI/dt = \beta SI - \mu I - \gamma I$	[5]
$dR/dt = \gamma I - \mu R$	[6]

Donde el parámetro N es el tamaño de la población y μ representa la tasa a la que nacen y mueren los individuos. Además, las condiciones poblacionales iniciales en el tiempo t_0 son: sanos (S_0), infectados (I_0), y Recuperados (R_0) (Pérez, 2012).

Modelo sir endémico con vacunación

Se denomina modelo SIR endémico con vacunación cuando se realiza una inmunización para evitar una infección, una enfermedad o cualquier otra invasión biológica no deseada (Pérez, 2012). A continuación presentamos un modelo particular en el que una parte ρ de la población es vacunada una única vez, y la vacuna es efectiva en una fracción v de la población. Además, se incluye una fracción θ de fallecidos por causa de la enfermedad (Kang, Gunaseelen y Abbas, 2014).

$dS/dt = \mu - \beta SI - \mu S$	[7]
$dI/dt = \beta SI - \mu I - \theta \gamma I - (1-\theta)\gamma I = \beta SI - \mu I - \gamma I$	[8]
$dR/dt = \rho S_0 + (1-\theta)\gamma I - \mu R$	[9]

Suponemos que en la condición inicial se verifica que la cantidad de los individuos susceptibles en el estado inicial está dado por la ecuación [4], en la que se resta el número inicial de individuos inmunes producto de la vacunación única.

$$S_0 = S_0 - v_p S_0 \quad [10]$$

Obsérvese que la vacunación no es una transición en el tiempo, sino que solo se produce una vez al principio, reduciendo así la cantidad inicial en el grupo de individuos susceptibles a contagiarse, haciéndolos inmunes por la aplicación de la vacuna masiva y se agregan al grupo de recuperados.

Finalmente, es importante discutir el número reproductivo básico (R_0) que la cantidad umbral para que tengamos control o no de una epidemia o alguna enfermedad. La cantidad umbral es el valor crítico de R_0 que debe ser rebasado para que ocurra el brote epidémico o una enfermedad.

Según estudios epidemiológicos se entiende por R_0 al número promedio de infecciones secundarias producidas por un individuo durante su periodo infeccioso en una población totalmente susceptible (García, 2014; Pérez, 2012).

En el modelo epidémico SIR se define a R_0 como:

$$R_0 = \beta / \gamma \quad [11]$$

Así el valor de R_0 dependerá de las características epidemiológicas de la enfermedad reflejadas en los parámetros β , γ , y de la población total N . Por tanto entonces R_0 tomará un valor constante (García, 2014)

En el modelo endémico SIR se define a R_0 como:

$$R_0 = \beta / (\gamma + \mu) \quad [12]$$

Donde μ es representa la tasa a la que nacen y mueren los individuos.

En el modelo endémico SIR con vacunación se define a R_0 como:

$$[R']_0 = (\beta(1-p)) / (\gamma + \mu) = R_0 (1-p) \quad [13]$$

Cuando se introduce la vacunación a través del parámetro ρ que se define como el porcentaje de la población susceptible que son vacunados y en los que la vacuna funciona correctamente para desarrollar la inmunidad contra la enfermedad se observa que $\beta \rightarrow \beta(1-\rho)$. Realizando la sustitución mencionada del parámetro β en la razón de reproducción básica calculada en el modelo endémico sin vacunación.

La importancia del parámetro R_0 radica en que con base en él podamos afirmar si existe brote epidémico cuando se realiza un análisis cualitativo de los modelos anteriores, observándose que si

$$R_0 > 1$$

Habría un brote de contagios, y sí

$$R_0 < 1$$

No habría un brote de contagios. En la práctica el número reproductivo básico se calcula en base a estadísticas y no mediante el desarrollo analítico de las ecuaciones diferenciales. Además, en el caso de los últimos dos modelos SIR presentados, si $R_0 < 1$ la enfermedad no será endémica y acabará desapareciendo. Mientras que si $R_0 > 1$ la enfermedad será endémica, es decir, durará un periodo de tiempo indefinido (García, 2014; Pérez, 2012).

MATERIAL Y MÉTODOS

Uno de los enfoques para obtener información relevante de cada modelo SIR expuesto, es simularlo numéricamente mediante el método de Dinámica de Sistemas (DS) que nos permita comprender las causas estructurales que provocan el comportamiento de cada sistema. Esto implica aumentar el conocimiento sobre el papel de cada elemento del sistema, y ver como diferentes acciones, efectuadas sobre partes del sistema, acentúan o atenúan las tendencias de comportamiento implícitas en cada uno (Cárdenas, et al, 2020; Delgado, 2017).

Para alcanzar el conocimiento de las causas estructurales que provocan el comportamiento de los sistemas, la metodología de SD se basa en la resolución de ecuaciones diferenciales empleando una estructura basada en la descomposición de estas ecuaciones en tipos de variables, de stock o estado, y de flujo o transferencia; además, de variables auxiliares que permiten almacenar fórmulas o parámetros, y de arcos que representan los lazos causales.

Específicamente adoptamos el Software STELLA que es una herramienta visual de modelaje que permite conceptualizar, documentar, simular, analizar y optimizar modelos de DS. El Software STELLA provee una forma simple y flexible de construir modelos de simulación, basados en los diagramas de Forrester o diagramas de stock y flujos. Los elementos del diagrama son mostrados en la Figura 1.

Figura 1. Elementos del diagrama de Forrester



Fuente: Elaboracion propia.

Así, el conjunto de variables de los tres modelos SIR vistos se transforman en los elementos del diagrama de Forrester siguientes:

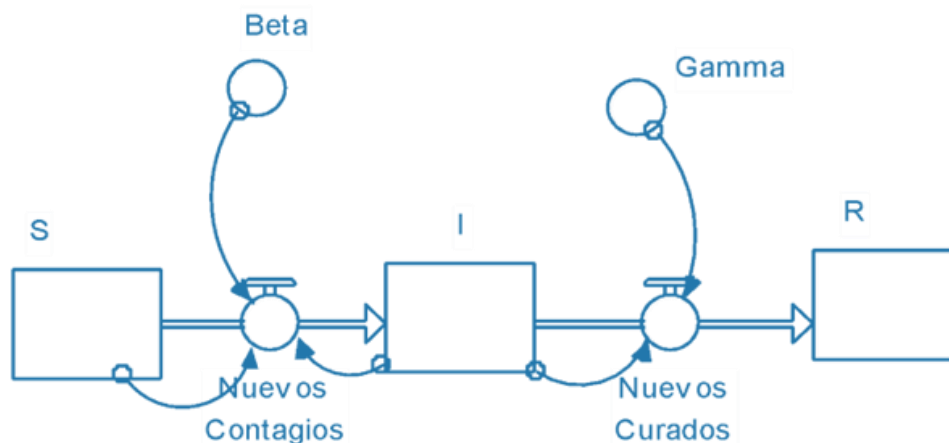
- Susceptibles (variable de estado) que representa la población total que no cuenta con defensas biológicas para rechazar el contagio de la enfermedad.
- Infectados (variable de estado) que incluye a los enfermos contagiosos no controlados por los servicios de salud.
- Recobrados o Fallecidos (variable de estado) que son enfermos que se han curado, que quedan inmunizados o que fallecen.
- Nuevos Contagios (variable flujo) que denota la tasa de infección.
- Nuevos Curados (variable flujo) que indica la tasa de recuperación

Cuando la población de infectados pudiese disminuir por causa de la enfermedad se incluyó la variable siguiente:

Fallecidos COVID-19 (variable de estado) que representa las muertes por esta enfermedad.

En la Figura 2 se representa el Modelo epidémico SIR con base en el diagrama de flujo de Forrester y usando el interfaz modelación de STELLA.

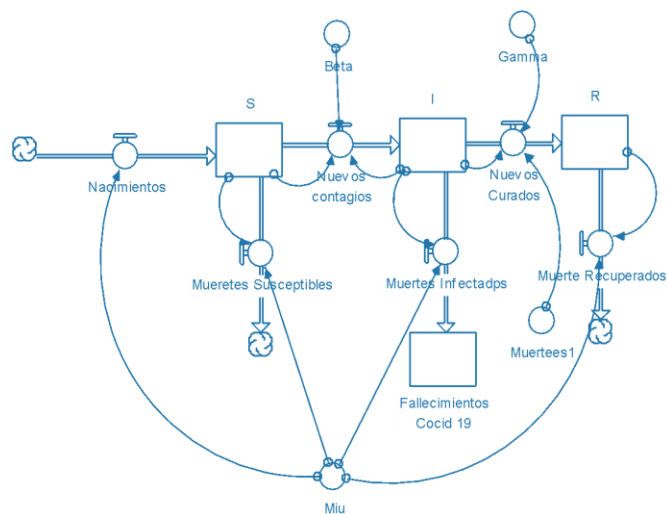
Figura 2. Diagrama de Flujo de Forrester para modelo epidémico SIR



Fuente: Elaboración propia.

En la Figura 3 se muestra el Modelo SIR endémico en base al diagrama de flujo de Forrester diseñado en el software STELLA.

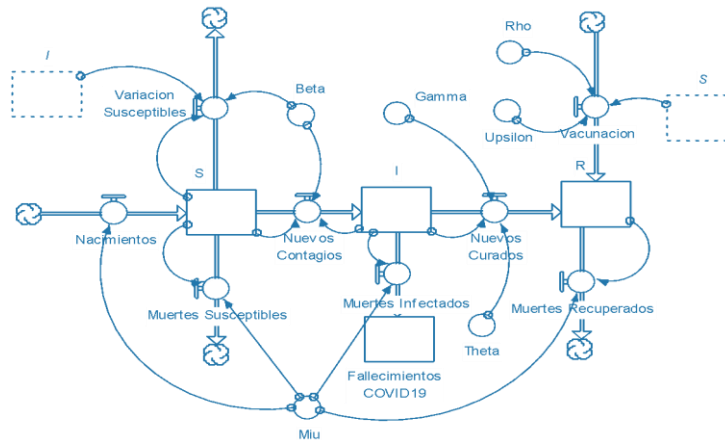
Figura 3. Diagrama de Flujo de Forrester para modelo endémico SIR



Fuente: Elaboración propia.

En la Figura 4 se muestra el Modelo endémico SIR con vacunación de acuerdo al diagrama de flujo de Forrester.

Figura 4. Diagrama de Flujo de Forrester para modelo endémico SIR con vacunación



Fuente: Elaboración propia. Nota: los parámetros son; Beta (β), Gamma (γ), Theta (θ), Rho (ρ), y Upsilon (ν).

En cada uno de los diagramas de Forrester se muestra que la variable de nuevos contagios es un acumulador en el cual se suman para cada nueva interacción, los sanos o susceptibles que se infectaron más los infectados de la interacción anterior—cuando se consideró que la población pudiese cambiar se agregó un parámetro constante relativo a la dinámica vital (llamado μ o μ). La variable nuevos curados es un acumulador de los infectados que se recuperaron—cuando se consideró que la población de infectados pudiese cambiar por causa de la enfermedad se agregó un parámetro constante relativo a la dinámica vital (llamado μ o μ). Los datos de poblaciones se almacenan en las variables stock S, I y R. Por lo tanto un infectado acumulado puede ser el resultado o de un sano o de un infectado en la interacción anterior.

Como resultado de la simulación numérica se obtendrán las variaciones de las poblaciones de S, I y R involucradas en cada modelo SIR con respecto al tiempo, debido a la simulación dinámica de las interacciones entre las variables de cada estado.

Parámetros usados

Los parámetros obtenidos de Ortigoza et al (2021) son un $\gamma=0.69$, es decir, un periodo de recuperación de 10.12 días; y una $\beta=1.33$. Además, podemos encontrar el valor de R_0 en ausencia de una vacuna.

$$R_0 = \beta/(\gamma) = 1.93$$

Por último, determinan un pico o máximo de infectados que se alcanza aproximadamente en la semana 33.

En el caso del modelo endémico SIR con y sin vacuna aplicado al caso de Veracruz y con motivo de enriquecer el análisis, se usó en enfoque de Ruiz, (2020) y Kang, Gunaseelen y Abbas, 2014). Es decir, asumiendo ciertas condiciones iniciales de susceptibles e infectados por semana epidemiológica, es necesario derivar el valor de los parámetros para realizar la simulación de la propagación del COVID-19 en el estado considerando la dinámica poblacional (nacimientos y muertes). Las fórmulas y valores de los parámetros de la simulación se presentan en Cuadro 2.

Cuadro 2. *Parámetros del Modelo Endémico COVID-19 para Veracruz*

Parámetros	Descripción	Valor	Fuente/Supuesto/Condición
μ	t. de nacimientos y muertes	0.002/semana	CONAPO, 2017
θ	tasa de letalidad	0.26/semana	Chang, 2020
γ	tasa de recuperación	0.20/semana	Estimación propia
β	tasa de transmisión	0.36/semana	Estimación propia
ρ	tasa de vacunación	0 a 100 %	Instrumento de Política
v	eficiencia vacuna	0.90 %	Pfizer-BioTech y Moderna
S	condición	S_0 $= S_0 * v * \rho$	Kang et al, 2020
$S(0)$	susceptibles iniciales	99 %	Ruiz, 2020
$I(0)$	infectados iniciales	1 %	Ruiz, 2020
$R(0)$	recuperados iniciales	0 %	Ruiz, 2020
R_0	tasa reproducción	$S_0 * v * \rho$	Kang et al, 2020

Fuente: CONAPO (2020), Chang (2020), Ruiz (2020), Vargas et al (2020), y DGSSa (2020).

Del cuadro 2 se hacen las consideraciones siguientes: 1) la estimación del parámetro μ se calcula como el inverso de la esperanza de vida. El Consejo Nacional de Población (CONAPO, 2020) estima que en promedio se alcanzan 75 años en el país, luego la probabilidad de muerte natural por semanas es $\mu = 1/(75 \cdot 365/7) = 0.002$ (Saralegui, 2015). 2) La estimación del parámetro θ , se determinó en base a un estudio que estimó que México ocupaba el último lugar de resiliencia ante este virus en una lista de 53 países evaluados. Lo anterior debido a una alta tasa de mortalidad del COVID-19, entre otros elementos evaluados.

El valor se establece en $\theta = 0.26$ por cada 100 mil habitantes (Chang, 2020). 3) Los parámetros semanales γ y β , requieren la minimización de la suma de cuadrados residuales (RSS), siendo estos la diferencia entre el número real de personas infectadas por semanas según los datos mostrados en el cuadro 2 y el número de personas infectadas que se obtiene resolviendo numéricamente el modelo (asumiendo que $\gamma = 0.200$ y $\beta = 0.500$). En otras palabras, minimizamos la suma de residuales al cuadrado: $\min \text{RSS} = \sum [(I(t) - \hat{I}(t))]^2$ (Ortigoza, et al, 2020). Los resultados de la regresión muestran un $\gamma = 0.20$ y $\beta = 0.36$. 4)

Las condiciones iniciales son $S_0 = 0.99$ y $I_0 = 0.01$ (Ruiz, 2020). Y 5) finalmente, podemos encontrar el valor de R_0 dependiendo del valor ρ , es decir, ausencia o presencia de la vacuna.

$R_0 = \beta / (\gamma + \mu)$	si $\rho = 0$
$[R']_0 = R_0 (1 - \rho)$	si $\rho > 0$

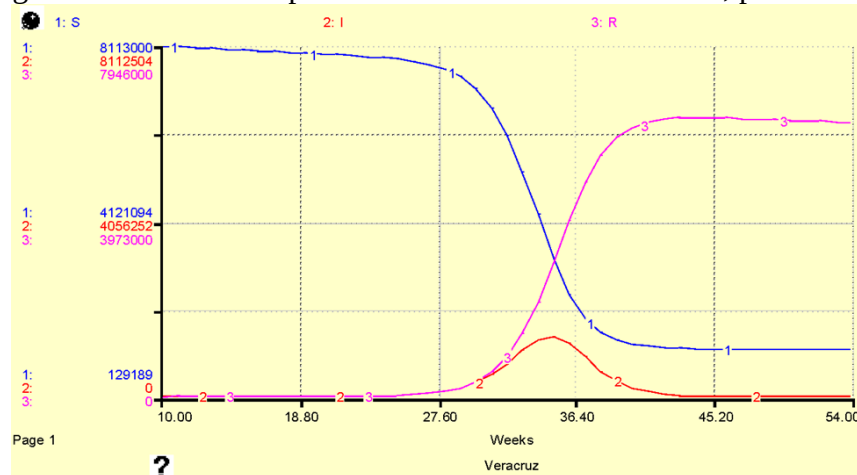
En nuestro caso tenemos un $R_0 = \beta / (\gamma + \mu) = 0.360 / (0.20 + 0.002) = 1.78 > 1$ (sin vacunación)

Observando el valor de los parámetros estimados tenemos que el $R_0 > 1$, por lo que la enfermedad no desaparecerá, es decir, se obtiene un equilibrio endémico. Con esta $[R']_0$ analizamos el desarrollo temporal de la epidemia del COVID-19 en Veracruz.

RESULTADOS

Con base en los datos del Cuadro 1 se realizan las simulaciones numéricas de los modelos SIR. Un primer escenario o simulación presenta la propagación inicial de la pandemia del COVID-19 en Veracruz, empleando el modelo epidémico SIR durante las 54 semanas epidemiológicas de 2020. En la Figura 5 se muestra la simulación del número de individuos susceptibles (1.S), infectados (2.I) y recuperados (3.R) de COVID-19 en la entidad durante el periodo considerado.

Figura 5. Modelo SIR epidémico COVID-19 en Veracruz, por semana.

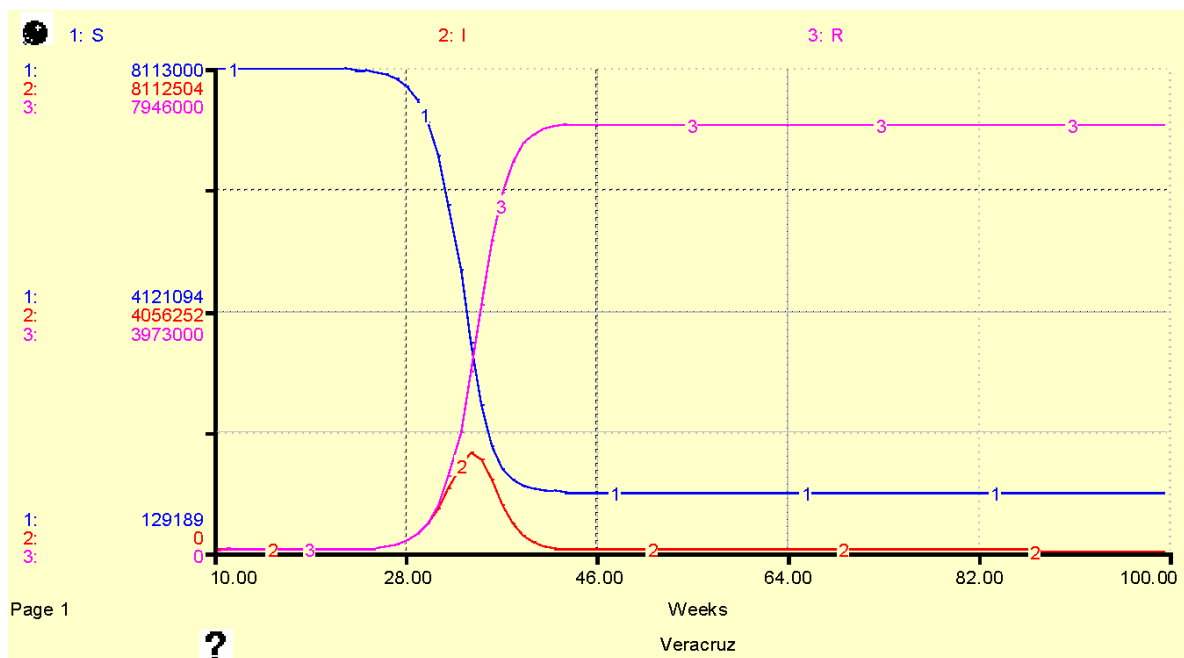


Fuente: Elaboración propia. Nota: 1.S son susceptibles; 2.I son infectados y 3.R son recobrados.

En la Figura 5 se observa una curva típica de infectados en la cual el pico de infectados se produce alrededor de la semana 33 debido a que la simulación se realizó bajo el supuesto de que el parámetro β está fijo durante las 54 semanas epidemiológicas. El pico de la pandemia se da aproximadamente en la semana 33. Sin embargo, debemos aclarar que se han aplicado políticas sanitarias anti-epidémicas en el país, por lo que se puede deducir que el parámetro β tiende a cambiar en el tiempo, es decir, decrecer de acuerdo a las políticas instrumentadas en cada fase epidemiológica (Vargas, et al, 2020 y Miramontes, 2020).

Un segundo escenario se refiere al límite del modelo epidémico SIR que supone que en un corto plazo deja de haber transmisión de la enfermedad, es decir, deja de haber casos incidentes. Este hecho se presentará cuando se agote la población de susceptibles o bien cuando deje de haber infectados. En la Figura 6 las condiciones de simulación son las mismas que se emplearon anteriormente pero en 100 semanas.

Figura 6. Estado Estacionario del Modelo epidémico SIR COVID-19 en Veracruz

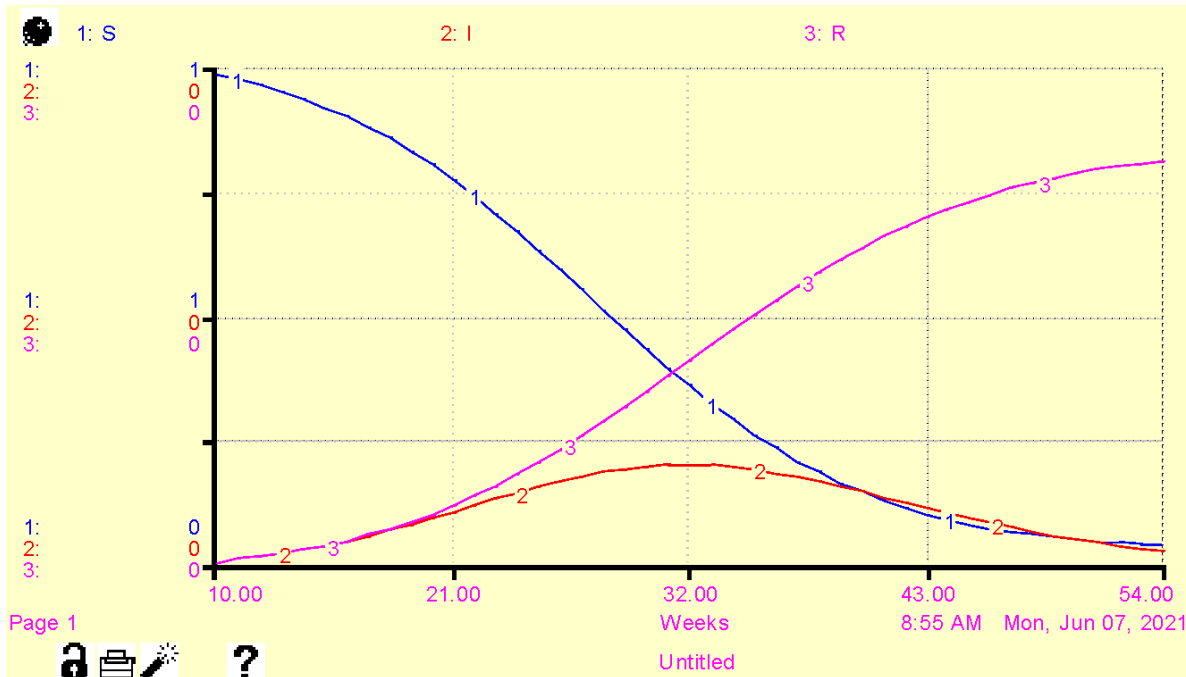


Fuente: Elaboración propia. Nota: 1.S son susceptibles; 2.I son infectados y 3.R son recobrados.

De la figura 6, establecemos que el estado estacionario en el modelo epidémico SIR se alcanza cuando desaparece la transmisión, es decir cuando el flujo de individuos infectados, toma el valor nulo. Pero si no hay casos infecciosos, eventualmente tampoco habrá casos de curación pues se terminará agotando la población de susceptibles.

Y si no hay susceptibles quiere decir que todos los que ya lo estuvieron se habrán recuperado y habrá población susceptible que no se haya visto afectada por la enfermedad. El corolario del modelo SIR epidémico es que la transmisión desaparece en el corto plazo. En el tercer escenario se muestra el modelo endémico SIR del COVID-19 para Veracruz simulado numéricamente para las 54 semanas epidemiológicas de 2020. Aquí es importante resaltar que la endemia se caracteriza porque la transmisión no desaparece nunca; se alcanza un estado estacionario en el que continua y simultáneamente se están presentando casos de todo tipo (infecciosos, contagiados, curaciones y vueltas a la susceptibilidad). Esta situación es posible porque las poblaciones de susceptibles están en constante renovación sin llegar a agotarse —debido a que existe dinámica de población—. En la figura 7 se muestra la evolución para los distintos grupos de población durante un periodo de 54 semanas.

Figura 7. Evolución Modelo endémico SIR COVID-19 en Veracruz.



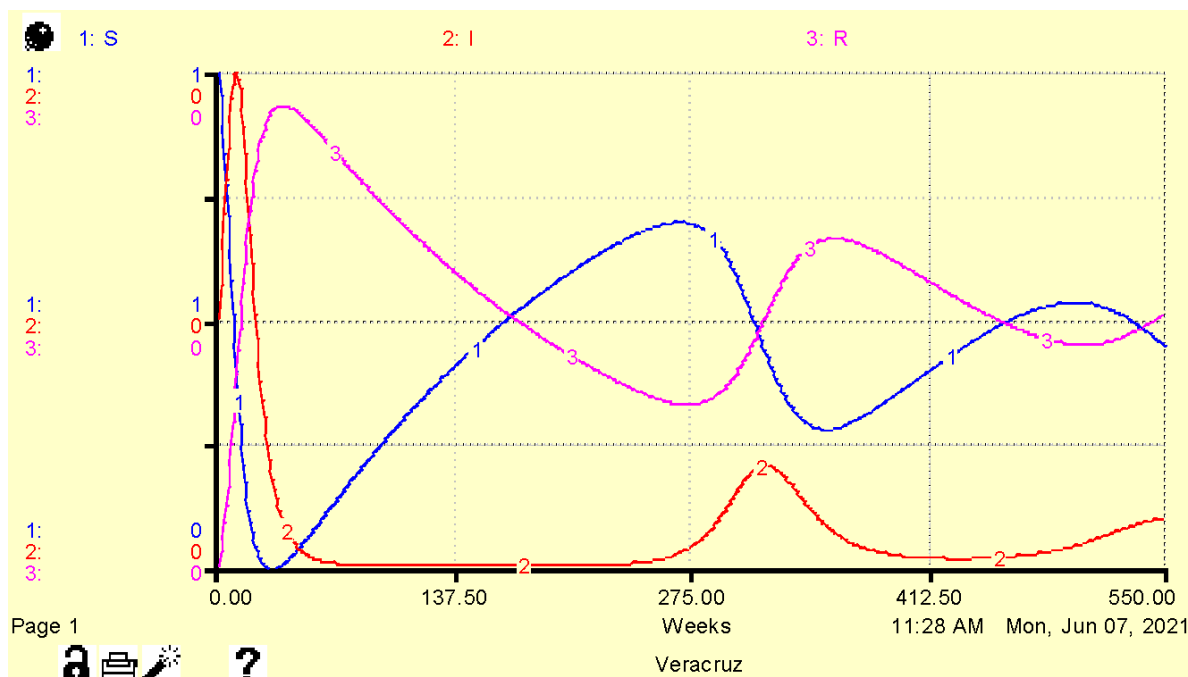
Fuente: Elaboración propia. Nota 1.S = susceptibles, 2.I = Infectados y 3.R= recobrados.

La figura 7 muestra que el pico de infectados se produce de nuevo alrededor de la semana 32 debido a que la simulación se realizó con un parámetro β fijo. Sin embargo, como se estableció anteriormente se han aplicado políticas sanitarias en el país, por lo que se puede deducir que el parámetro β tiende a cambiar en el tiempo, es decir, decrece de acuerdo a las políticas instrumentadas en cada fase epidemiológica (Vargas, et al, 2020).

Realizando un análisis de sensibilidad para distintos β los resultados arrojan un pico de infectados que se produce entre la semana 33 y 39 según el calendario epidemiológico de 2020.

En el cuarto escenario se muestra una ampliación temporal de la evolución de la epidemia del COVID-19 en Veracruz para los próximos diez años. En la figura 8 se observa como la enfermedad se desarrolla de una manera oscilante (con carácter recurrente, en rebrotes u oleadas) con el máximo absoluto en el primero obtenido. Con el paso del tiempo las oscilaciones decrecen, pero no se anulan, sino que persisten.

Figura 8. Evolución proyectada del COVID-19 en Veracruz por semanas



Fuente: Elaboración propia. Nota 1.S = susceptibles, 2.I = Infectados y 3.R= recobrados.

Entonces se puede inferir que después de que la curva de transmisión de contagios baja, ésta subirá de nuevo. Este efecto de una segunda oleada o rebrote de contagios se ha producido en Veracruz, en México, como en el resto de los países del mundo; por lo que es poco probable que desaparezca la epidemia del COVID-19 en febrero de 2021, como lo señala (Ruiz, 2020).

Analizando los datos de la simulación, se obtienen las poblaciones finales del equilibrio endémico en diez años: $S_{\text{final}}=0.0033.1$, $I_{\text{final}}=0.0056$, y $R_{\text{final}}=0.0066.3$, es decir, que se mantendrá en el 0.0056 (0.56 por ciento) de la población (afectando en números actuales a unos 45 mil habitantes de los 8.1 millones de habitantes del estado).

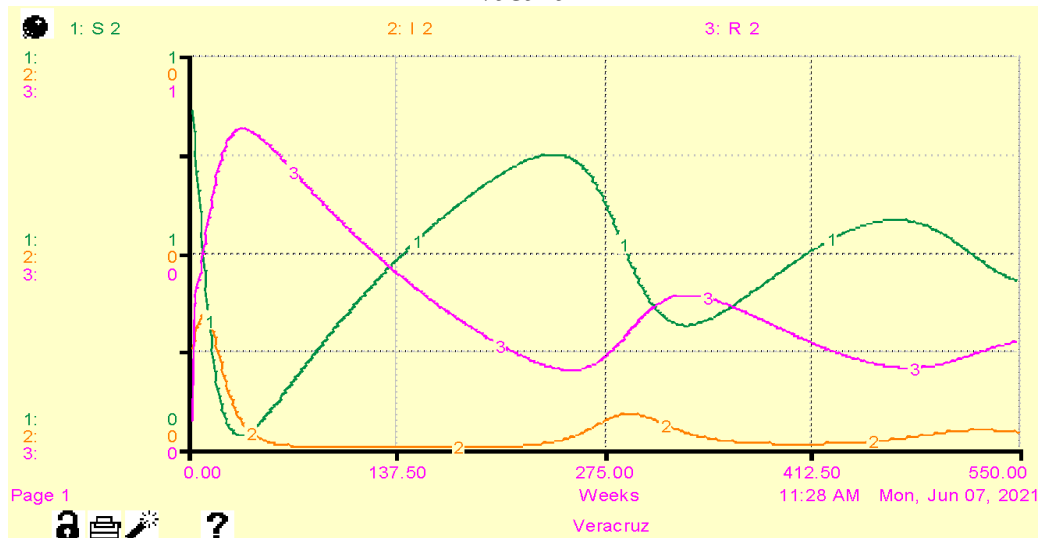
Por lo tanto, debido a que la enfermedad será persistente en el tiempo será necesario aplicar una medida de control para eliminar la enfermedad.

De lo anterior surge una pregunta central ¿qué podemos hacer para terminar con la pandemia del COVID-19 que con el paso del tiempo muestra oscilaciones decrecientes, pero no desaparecen, sino que persisten? Es aquí es donde entra en juego la vacunación de la población.

Como se ha propuesto en la literatura epidemiológica, las vacunas son un medio para prevenir tanto la transmisión epidémica como la enfermedad misma (Saralegui, 2015). Para la simulación se requiere la introducción en el modelo endémico SIR anterior del parámetro p con el cual un porcentaje de la subpoblación de susceptibles es vacunado y en ellos la vacuna ha funcionado correctamente para desarrollar inmunidad contra la enfermedad.

En el quinto escenario se presenta el cambio que supone la inserción de una estrategia de control mediante la aplicación de una vacuna de una única vez en el desarrollo de largo plazo de COVID-19 en la entidad. En la Figura 9 mostramos por motivos de exposición el caso de una aplicación de la vacuna a un 20 por ciento de la subpoblación de susceptibles.

Figura 9. Impacto en la evolución proyectada del COVID-19 por la aplicación de una vacuna



Fuente: Elaboración propia. Nota 1.S = susceptibles, 2.I = Infectados y 3.R= recobrados.

Como se puede observar la enfermedad no se anula completamente, sino que persiste. Pero con el paso del tiempo, las oscilaciones tienden a desaparecer lográndose un equilibrio endémico, es decir, no desaparece totalmente pese a que su influencia sea menor.

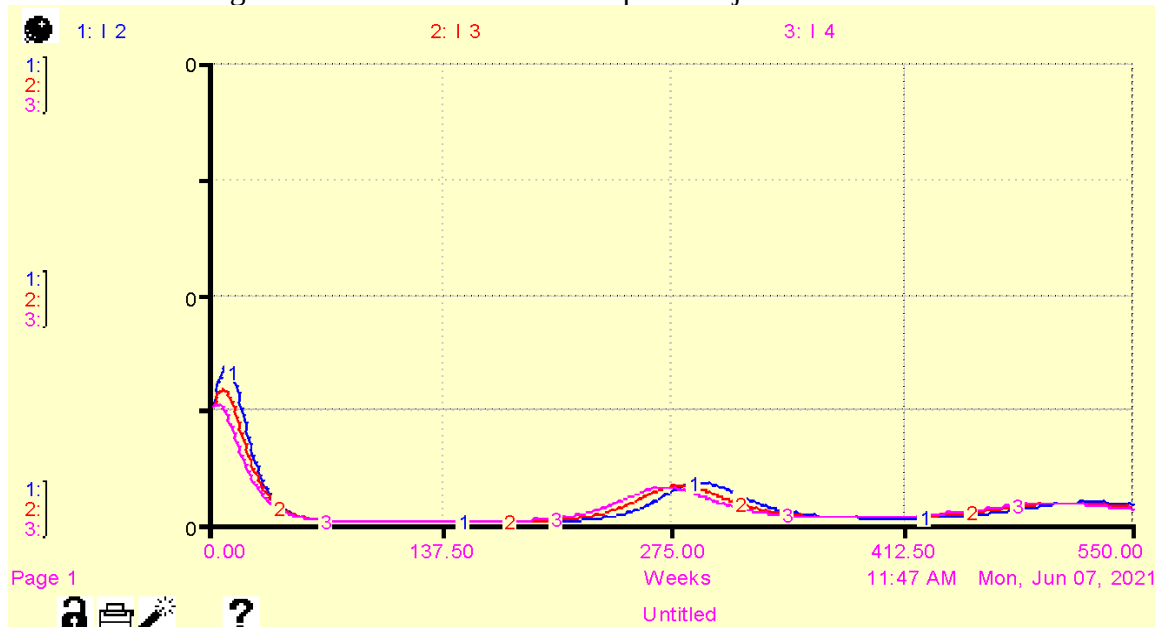
La pandemia del COVID-19 tiende a equilibrio endémico cuando $R_0 > 1$. Partiendo de $R_0 = R_0 (1-p)$ se obtiene la siguiente relación que determinará la efectividad de la vacunación:

$$R_0 = R_0 (1-p) < 1 \rightarrow 1-p > 1 - 1/R_0$$

De esta manera, existe una proporción crítica de población que determina la validez del control con la vacuna. En nuestro caso equivale a vacunar al 47.8 % de la población para que el COVID-19 desaparezca totalmente. Es decir, debido a que es alta la tasa de contagios entre la población, mayor es el porcentaje de población que hay que vacunar para que el control sea efectivo.

En el sexto escenario para conocer mejor la influencia de la aplicación de la vacuna en el desarrollo del COVID-19, se ha simulado la evolución de los infectados ante diversos porcentajes de vacunación. En la Figura 10 se realiza la simulación para tres escenarios de la aplicación de vacunación de varios tamaños de población del: 20 por ciento (1.I.3), 30 por ciento (2.I.4), y 40 por ciento (3.I.5), respectivamente.

Figura 10. Efecto con diferentes porcentajes de vacunación



Fuente: Elaboración propia. Nota 1.I.3 = vacunados (10 %), 2.I.4 = vacunados (20 %) y 3.I.5.= vacunados (40 %).

Como se observa en la figura en el caso de vacunación masiva, cuanto mayor es la cobertura de vacunación menor es el pico inicial de infectados, y a su vez, el aumento de este parámetro reduce el número final de personas contagiadas por semana de manera considerable y los picos secundarios de infectados son menores. La curva correspondiente a la vacunación de 40 % (3.I.5) muestra que el número de infectados casi no existen.

En síntesis, se ha comprobado que es necesario vacunar a un umbral crítico de población para erradicar al COVID-19. En este caso, el COVID-19 no llega a eliminarse si la vacunación no es mayor que el umbral de población calculado de ($\rho > 47.6\%$). Además, la vacunación tiene un gran efecto en la evolución del COVID-19, ya que logra disminuir los picos secundarios, es decir, los rebrotes u oleadas.

DISCUSIÓN

Para predecir la propagación del COVID-19 en Veracruz, se ha aplicado un conjunto de modelos epidemiológicos SIR. El objetivo del texto se centra en la aplicación de conceptos de Dinámica de Sistemas al modelo SIR y sus variantes para el análisis de la situación actual y futura del estado de Veracruz de la propagación de esta enfermedad. Utilizamos el software STELLA para este propósito. Para obtener los parámetros necesarios que regulan la dinámica de la pandemia se optó por usar los publicados en Ortigoza et al (2020).

La DS es un instrumento importante y útil para determinar el comportamiento presente y futuro del COVID-19, y la aplicación y simulación numérica del software STELLA permitió construir el conjunto de modelos SIR vistos a través de diagramas causales que facilitan la comparación visual de los resultados bajo distintos escenarios.

Se muestra que la trayectoria estatal de COVID-19 exhibe un patrón de un pico de infectados primario pero también de picos secundarios decrecientes; pero que no se anularán, estando presente permanentemente en el 0.56 % de la población. Sin embargo, mediante la aplicación de una vacuna eficiente y segura se puede conseguir un descenso en los picos de infectados, que a su vez, reduce el número final de personas contagiadas y fallecidas. Se concluye el COVID-19 no llegará a controlarse completamente en el estado de Veracruz si la vacunación no es mayor que el umbral de población de ($\rho > 47.6$ por ciento).

REFERENCIAS

1. Abelló, I., Gionovart, R y Morales, W. (2020). “El modelo SIR básico y políticas anti epidémicas de salud pública para el COVID-19 en Cuba”. Revista Cubana de Salud Pública. Vol. 46 supl.1 Ciudad de la Habana.
2. Álvarez, A., Campos D., Dormido S. y Morillas F. (2018). “Modelos Dinámicos de Salud Pública” UNED, abril de 2018.

3. Cárdenas Bohórquez, S. J., Muñoz Morales, D. M., Reales Arrieta, C. A., Zabala Prieto, A. T. y Gelves Alarcón, O. M. (2020). “Modelo de dinámica de sistemas para el progreso del sras-cov-2 (covid-19) en Colombia” <http://hdl.handle.net/11634/27257>. DOI: 10.13140/RG.2.2.33665.89448. Consultado: 15 de diciembre de 2020.
4. Castro, C., Lodoño, A. y Valdés, J. C. (2005). “Modelación y simulación computacional usando sistemas de información geográfica con dinámica de sistemas a fenómenos epidemiológicos”. Revista Facultad de Ingeniería Universidad de Antioquia, Colombia. ISSN: 0120-6230.
5. Catano, A. y Rojas, D. (2020). “Modelos discretos de transmisión de COVID-19 y publicaciones preliminares en la ciencia: una búsqueda sistematizada”. Preprints.cielo.org, DOI:10.1590/SciELOPreprints.1076
6. Consejo Nacional de Población, (CONAPO, 2020). Indicadores de la esperanza de vida de la población mexicana y las principales causas de defunción en los distintos grupos de edad. Secretaría de Gobernación, México. Disponible en <https://www.gob.mx/segob/prensa/informa-conapo-sobre-la-esperanza-de-vida-de-la-poblacion-mexicana> . Consultado: 12 de diciembre de 2020.
7. Core System Dynamics Modeling Software. System Dynamics Society.©2017. Disponible en: <https://www.systemdynamics.org/core-software>. Consultado: 20 de diciembre de 2020.
8. Delgado, J. A. (2017). Dinámica de sistemas aplicado a la epidemiología. Seminario Permanente: Las matemáticas aplicadas a la epidemiología. Facultad de Matemática. UMC. Colombia.
9. Dirección General de la Secretaría de Salud-México (DGSS, 2020). Información sobre el COVID-19. [Http://coronavirus.gob.mx](http://coronavirus.gob.mx). Consultado el 15 de diciembre de 2020.
10. FDA. (2020). Pfizer-BioTech y Moderna COVID-19 Vaccine. Disponible en <https://www.fda.gov/emergency-preparedness-and-response/coronavirus-disease-2019-covid-19/pfizer-biontech-covid-19-vaccine>. Consultado: 5 de enero de 2021.
11. Forrester, J. W. (1960). The impact of feedback control concepts on the management sciences. Foundation for Instrumentation Education and Research, 1960.
12. García, Piñera, A. (2014). Modelos de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades infecciosas. Trabajo de Grado en Matemáticas. Facultad de Ciencias. Universidad de Cantabria, España.
13. Ibero. (2020). Breve cronología de la pandemia 28 de febrero/14 de setiembre. El recuento de los daños: 200 días de COVID-19 en México [Datos]. Disponible en: <http://revistas.iberro.mx/ibero/uploads/volumenes/55/pdf/breve-cronologia-de-la-pandemia.pdf> Consultado: 2 de octubre de 2020.
14. iThink. isee systems inc.©2018. Disponible en: <https://www.iseesystems.com/store/products/ithink.aspx> . Consulta: 11 de marzo de 2020.

17. Kang, G. J., Gunaseelan, L., y Abbas, K. M. (2014). Epidemiological Modeling of Bovine
18. Brucellosis in India. Proceedings: IEEE International Conference on Big Data. IEEE International Conference on Big Data, 2014, 6–10. <https://doi.org/10.1109/BigData.2014.7004420> Consultado: 12 de diciembre de 2020.
19. Kermack, W. O., y McKendrick, A. G., (1927)."A contribution to the
20. mathematical theory of epidemics." Proceedings of the royal society of London. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character 115.772 (1927): 700-721.
21. Manrique, F., Agudelo, C., González, V., Gutiérrez, O., Téllez, C. y Herrera, G. (2020). Modelo SIR de la Pandemia de COVID-19 en Colombia. Revista de Salud Pública, volumen 22, pág. 1-9.
22. Martin-Barroso, V. (2020). Una breve introducción al modelo SIR aplicado al caso del COVID-19 en España. Instituto Complutense de Estudios Internacionales (ICEI). Facultad de Economía. Universidad Rey Juan Carlos. España.
23. Miramontes, O. (2020). Entendamos el COVID-19 en México. Instituto de Física. Universidad Nacional Autónoma de México.
24. National Institute of Health. (2020). COVID-19 is an emerging, rapidly evolving situation. Media Advisory, January 23, 2020. <https://khn.org/news/analisis-expertos-desestimaron-al-coronavirus-hasta-que-fue-demasiado-tarde/> Consultado: 15 de diciembre de 2020.
25. Organización Mundial de la Salud (OMS, 2020). Coronavirus: OMS declara la pandemia a nivel mundial por COVID-19. Redacción Médica] disponible en: <https://www.redaccionmedica.com/secciones/sanidad-hoy/coronavirus-pandemia-brote-de-covid-19-nivel-mundial-segun-oms-1895>. Consulta: 18 de enero de 2021.
26. OPS/OMS. (2020). Vacunas contra el COVID-19. Disponible en <https://www.paho.org/es/vacunas-contracovid-19>. Consultado: 10 de enero de 2021.
27. Ortigoza G, Lorandi A, Neri I. (2020). Simulación numérica y modelación matemática de la propagación del Covid 19 en el estado de Veracruz. Rev Mex Med Forense, 2020, 5(3): 21-37. ISSN: 2448-8011 DOI: <https://revmedforense.uv.mx/index.php/RevINMEFO/article/view/2772>
28. Consultado: 20 de diciembre de 2020.
29. Pereda, D. (2010). Modelización matemática de la difusión de una epidemia de peste porcina entre granjas. Fin de Master en Investigación Matemática. Facultad de Matemáticas. Universidad Complutense de Madrid.
30. Pérez, V. (2012). Estrategia de Vacunación para una Epidemia de Influenza. Tesis de Grado de Maestría. CIMAT, México.
31. Pliego, E. (2011). Modelos epidemiológicos de enfermedades virales Infecciosas. Tesis para obtener el título de Licenciado en Matemáticas. Facultad de Ciencias Físico-Matemáticas. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.

32. Rojas, S. (2020). The epidemiological SIR model on coronavirus COVID-19 pandemic data. Physics Department, University Simón Bolívar, Caracas, Venezuela.
33. Ruiz, V. R. (2020). COVID-19 México, modelo matemático. Revista Contra Línea. Disponible en <https://www.contralinea.com.mx/archivo-revista/author/victorruizllamas/>. Consultado: 10 de diciembre de 2020
34. Sevillano, R. C. y Terán, A. (2020). Proyección y evolución del COVID-19 en Bolivia mediante un modelo SEIR modificado. https://www.udape.gob.bo/portales_html/ReporteCOVID/Macro/PAPER_COVI19_LATEX.pdf. Consultado: 10 de diciembre de 2020.
35. Saralegiui, U. (2015). Modelos Epidemiológicos con control de vacunación. Trabajo de Grado en Física .Universidad del País Vasco. España.
36. Vargas Magaña R. M., Vargas, M. y Fromenteau, S. (2020). Impacto de las medidas de control en la evolución del brote COVID-19. En colaboración con el Colectivo Científicos Mexicanos en el Extranjero <https://mexiciencia.github.io/y> Laboratorio ConCiencia Social <https://concienciasocialla.wixsite.com/misitio>. Consultado: 10 de enero de 2020.



**Revista Mexicana de Medicina Forense
y Ciencias de la Salud**