

Evolución de la CoVid19 a partir de un Modelo SAIRV con tasa de transmisión variable ante precepción de riesgo, cuarentena y hospitalización. Caso Cuba

Evolution of the CoVid19 from a SAIRV model with variable transmission rate with risk perception, quarantine and hospitalization. Case Cuba

Daniel Menció Padrón¹, Gabriela Bayolo Soler², Aymée Marrero Severo^{2*}

Resumen A partir de la propuesta y estudio de una variante SEIR de modelo epidemiológico poblacional para representar la dinámica de transmisión de la CoVid19, con funciones que simulan acciones ante la percepción de riesgo y que distingue entre las poblaciones de infectados sintomáticos y asintomáticos (ver [5]), se presenta una nueva variante que considera exposición al virus y la diferenciación de personas en cuarentena y hospitalizados, además de infectados y asintomáticos libres en la población. Se realizó el ajuste de los parámetros, utilizando diferentes estrategias con vistas a simular el comportamiento de las variables esenciales para los objetivos de este estudio, según datos en Cuba.

Abstract Starting from a variant of epidemic population SEIR model proposed in [5], and its study to represent the dynamics of transmission of CoVid19, with functions that simulate actions of the perception of risk and distinguishing among the populations of infected symptomatic and asymptomatic, in this paper is proposed a new variant that considers exposition to the virus, and people's differentiation in quarantine and hospitalized and infected and asymptomatic free in the society. It realizes the adjustment of parameters, using different strategies with a view to simulating the behavior of the principal variables for our investigations, according to data in Cuba.

Palabras Clave

Modelo SAIRV, CoVid19, cuarentena, hospitalización, tasa de transmisión.

Keywords

Model SAIRV, CoVid19, quarantine, hospitalization, transmission rate.

¹ Departamento de Matemática, Universidad de la Habana, La Habana, Cuba, daniel.mencio@fec.uh.cu

² Departamento de Matemática, Universidad de la Habana, La Habana, Cuba, aymee@matcom.uh.cu, gabriela.bayolo@matcom.uh.cu

*Autor para Correspondencia, Corresponding Author

Introducción

La comunidad científica cubana ha trabajado intensamente para apoyar las acciones de las instituciones de Salud Pública y las instancias gubernamentales con vistas a diseñar una estrategia de enfrentamiento a la nueva enfermedad CoVid19, desde antes de que aparecieran los primeros casos en nuestro país.

A pesar de su reciente aparición y debido a la rapidez con que alcanzó la categoría de pandemia mundial, ha aparecido un gran número de estudios e investigaciones con alta difusión. Los trabajos ([1], [2], [4], [8]) nos motivaron a la primera propuesta de un modelo tipo SEIR que denotamos SEAIR

que adiciona la subpoblación de individuos en período de incubación o latencia, distinguiendo entre los infectados sintomáticos y asintomáticos, considerando estos últimos como una nueva subpoblación. Además, con la tasa de transmisión variable en función de parámetros que representan la fuerza de la acción de control y la percepción de riesgo (ver [5]).

A partir de los resultados obtenidos en ([5]) y del estudio de los artículos ([7], [6]), proponemos en este trabajo un nuevo modelo que considera una variante con exposición al virus y la diferenciación de personas asintomáticos e infectados libremente en la sociedad y en cuarentena y hospitalizados, conservando las principales definiciones de parámetros del modelo anterior.

1. La modelación biomatemática

Variables del Modelo

$S(t)$: Susceptibles

Personas sanas en la población en el instante de tiempo t que pueden ser infectadas al entrar en contacto con portadores asintomáticos, enfermos hospitalizados y personas en cuarentena, o el virus ambiental. Se considera una población flotante transmisora.

$A_L(t)$: Asintomáticos Libres

Personas con el SarsCov2 sin síntomas no detectados en la sociedad. Se nutre de los que dejaron de ser susceptibles por contacto con asintomáticos o infectados libres, población flotante transmisora o el virus ambiental en el instante de tiempo t , decreciendo en los que son detectados, emigran, mueren o se recuperan.

$I_L(t)$: Infectados(Sintomáticos) Libres

Personas con el SarsCov2 con síntomas no detectados en la sociedad. Se nutre de los que dejaron de ser susceptibles por contacto con asintomáticos o infectados libres, población flotante transmisora o el virus ambiental en el instante de tiempo t , decreciendo en los que son detectados, mueren o se recuperan.

$A_C(t)$: Asintomáticos en Cuarentena

Personas con el SarsCov2 sin síntomas. Se nutre de los que dejaron de ser susceptibles por contacto con asintomáticos e infectados controlados en el instante de tiempo t y los detectados que pasan a hospitalización, decreciendo en los que se recuperan.

$I_h(t)$: Infectados Hospitalizados (Testados)

Tributan a esta población los infectados libres, los asintomáticos libres y los asintomáticos en cuarentena detectados, en el instante de tiempo t . Abandonan esta población los que pasan el período de hospitalización y los que mueren.

$R(t)$: Recuperados

Infectados sintomáticos, asintomáticos y confirmados que pasado el período de infestación se recuperan de la enfermedad

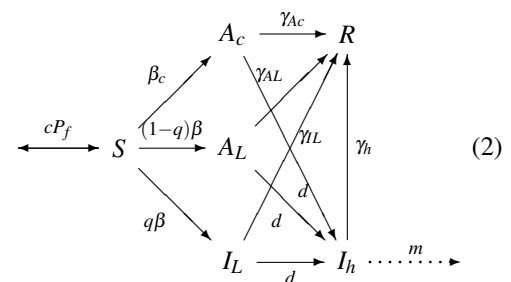
$V(t)$: Concentración de virus en el ambiente

Concentración de virus en el entorno debido a los asintomáticos y a los hospitalizados, en el instante de tiempo t , disminuyendo en la disipación del virus en el ambiente por factores ambientales.

El Modelo

$$\left\{ \begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{SI}{N}[\beta(t)(I_L + \theta A_L + cP_f) + \beta_c A_C + \beta_h I_h + \beta_v V] \\ \frac{dA_L}{dt} &= (1-q)\frac{S}{N}[\beta(t)(I_L + \theta A_L - cP_f) + \beta_v V] - (d + \gamma_{AL})A_L \\ \frac{dI_L}{dt} &= q\frac{S}{N}[\beta(t)(I_L + \theta A_L - cP_f) + \beta_v V] - (d + \gamma_{IL})I_L \\ \frac{dA_C}{dt} &= \frac{S}{N}(\beta_c A_C + \beta_h I_h) - (d + \gamma_{AC})A_C \\ \frac{dI_h}{dt} &= d(I_L + A_L + A_C) - (\gamma_h + m)I_h \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma_{AL}A_L + \gamma_{IL}I_L + \gamma_{AC}A_C + \gamma_h I_h \\ \frac{dV}{dt} &= \xi_1(A_L + A_C) + \xi_2(I_L + I_h) - \nu V \end{aligned} \right. \quad (1)$$

Diagrama del modelo SAIRV propuesto



Condiciones Iniciales:

$$S_0 = N - I_{h0}, \quad A_{L0} = 0, \quad I_{L0} = 0, \quad A_{C0} = 0, \quad I_{h0} = 3, \quad R_0 = 0, \quad V_0 = 1000.$$

Donde

$$\beta(t) = b_0(1 - \alpha(t)) \left(1 - m \frac{I_L(t) + A_L(t)}{N} \right)^k$$

define el coeficiente de contagio o transmisión.

$\alpha(t) = 1 - e^{-\gamma t}$ describe la fuerza de la acción gubernamental.

Nótese que la función que describe la variación del contagio en el tiempo $\beta(t)$ depende de la fuerza de la acción gubernamental $\alpha(t)$ e individual k , ante la percepción de riesgo.

$$\beta_c(t) = \beta_{c0}(1 - \alpha(t))(1 - \rho A_c),$$

$$\beta_h(t) = \beta_{h0}(1 - \alpha(t))(1 - \rho I_h),$$

$$\beta_v(t) = \beta_{v0}(1 - \alpha(t))(1 - \rho V).$$

Las funciones anteriores definen las tasas de contagio respectivas para confinados, hospitalizados y el virus ambiental,

Tabla 1. Parámetros del modelo

	Definición	Valor	Fuente
θ	Cte. de transmisión para asintomáticos	19,5	estimado
C	Proporción de transmisores en población flotante	0,2	asumido (según [5])
β_{c0}	Cte. de contagio por asintomáticos en confinamiento	$3,72 \cdot 10^{-8}$ (pers/día)	estimado
β_{h0}	Cte. de contagio por infectados hospitalizados	0,9482 (pers/día)	estimado
β_{v0}	Cte. de contagio por virus en el ambiente	$2,5 \cdot 10^{-7}$ (pers/día)	estimado
q	Proporción de infectados con síntomas	0.2	asumido (según [5])
d	Tasa de detección	0.06	estimado
m	Tasa de muerte por la enfermedad	0.0325	estimado
γ_{AL}	Tasa de recuperación en asintomáticos libres	0.36	estimado
γ_{IL}	Tasa de recuperación en infectados libres	0.27	estimado
γ_{AC}	Tasa de recuperación en asintomáticos en confinamiento	0.106	estimado
γ_h	Tasa de recuperación en hospitalizados	0.29	estimado
ξ_1	Dispersión ambiental del virus por infectados asintomáticos	2.3 (por persona por día por ml)	asumido (según [7])
ξ_2	Dispersión ambiental del virus por infectados hospitalizados	10^{-8} (por persona por día por ml)	asumido (según [7])
ν	Tasa de eliminación del virus ambiental	1 (por día)	asumido (según [7])
b_0	Cte. inicial de transmisión	0.05	estimado
δ	Cte. de intervención del gobierno	0,0149	estimado
k	Fuerza acción individual	100,4	asumido (según [5])
ρ	Coefficiente de ajuste de la transmisión	$1,01 \cdot 10^{-4}$	asumido (según [7])

variables en el tiempo y los valores β_{c0} , β_{h0} , β_{v0} representan las constantes iniciales respectivas.

Teniendo en cuenta los datos de los últimos años en Cuba con respecto a la emigración e inmigración de personas, se consideró una población flotante, con distribución normal, con media -2 , dado que como promedio salen más personas que las que ingresan, en ese rango aproximadamente.

Estimación de los parámetros del modelo

El problema general de estimación de parámetros para modelos descritos por ecuaciones diferenciales ordinarias se formula como un problema de optimización asociado a encontrar el vector de parámetros u óptimos en el modelo en cuestión.

Minimizar el error residual que se comete al aproximar estos parámetros teniendo en cuenta datos existentes conlleva al siguiente problema de optimización conocido como el Problema de Estimación de Parámetros (PEP):

$$\min_p \varphi(u) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^m (X_{dato_i} - X(t_i, p))^T (X_{dato_i} - X(t_i, p))$$

$$\text{s.a: } \dot{X}(t, u) = f(X, t, u), \quad 0 \leq t \leq T$$

$$X(0) = X_0$$

$$X \in \mathbb{R}^n, u \in \mathbb{R}^k, f: \mathbb{R}^n \times \mathbb{R}^k \times [0, T] \rightarrow \mathbb{R}^n$$

donde: X_{dato_i} son los datos observados de las funciones X en los instantes t_i y $X(t_i, u)$ son los valores obtenidos mediante la solución numérica del sistema de ecuaciones diferenciales (EDO).

Esto significa que se está modelando un proceso dinámico definido por un sistema n-dimensional de ecuaciones diferenciales ordinarias, las cuales dependen de un vector k-dimensional de parámetros desconocidos u.

La idea general de la estrategia de solución es integrar las EDO usando esquemas de integración numérica, de manera que estas se conviertan en restricciones, así se transforma el problema continuo en un problema discreto que puede resolverse de una manera más sencilla.

Un criterio a tener en cuenta a la hora de elegir la función de ajuste φ es, sin dudas, la posibilidad de afrontar matemáticamente situaciones particulares del PEP específico que se desea resolver. En el caso de este estudio, no se cuenta con todos los datos necesarios de las variables de estado del modelo propuesto, pues por ejemplo se hace imposible tener datos reales de los infectados sintomáticos y asintomáticos que conviven libremente en la población sin ser diagnosticados. Por lo tanto, la elección de la función objetivo debe admitir el tratamiento de situaciones experimentales de este tipo, o sea, donde no todas las componentes del vector de estado pueden ser medidas u observadas; esa es la razón por la cual se apuesta por la formulación clásica de mínimos cuadrados ponderados no lineales

$$\min_p \varphi(u) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^m (X_{dato_i} - X(t_i, p))^T W_i (X_{dato_i} - X(t_i, p))$$

$$\text{s.a: } D_h X - F(X, u) = 0$$

$$u_1 \leq u \leq u_2$$

donde las matrices W_i son matrices diagonales de ponderaciones con elementos no negativos, X^T es la solución numérica de las restricciones diferenciales del problema de acuerdo con una discretización que las convierte en las restricciones algebraicas, D_h es la matriz correspondiente a la discretización de X y F es una función de X y u , cuya forma depende del método de discretización empleado.

Cuando hay ausencia de datos, como se explicó anteriormente, se otorga una ponderación igual a 0 en los elementos diagonales correspondientes a las componentes que no han sido medidas. Por supuesto, es posible elegir pesos distintos de cero acorde a las diferentes precisiones de las componentes del sistema, por ejemplo, sobre la base de alguna información estadística.

Aunque se han utilizado varios métodos para resolver el PEP en EDOs basados en formulaciones con restricciones algebraicas, que devienen de restricciones diferenciales, en este caso se resuelve el problema sin las restricciones algebraicas a través de la formulación con restricciones solo para las cotas de los parámetros.

En los estudios y estimaciones realizadas con este modelo, se minimizó el error relativo con respecto al valor máximo de los datos obtenidos para la norma 2, según la expresión

$$\left\| \frac{X_{dato_i} - X(t_i, u)}{\max(X_{dato_i}, \epsilon)} \right\|_2, i = 1, 2, \dots, n \text{ (n es el número de variables)}$$

para evitar división por cero. En nuestro trabajo, sólo se ponderó con peso diferente de cero la variable Infectados Hospitalizados, que es para la que se dispone de datos precisos. Para resolver el problema de optimización, se usaron diferentes variantes, en ocasiones hibridizando heurísticas como Recocido Simulado y Algoritmos Genéticos con métodos quasinewton implementados en Matlab, con el objetivo de utilizar el punto óptimo obtenido en las primeras como punto inicial para los métodos clásicos en funciones como $fminsearch$ y $fmincom$.

1.1 Simulaciones y análisis de resultados. Datos Cuba

Para este trabajo se utilizaron datos disponibles hasta el día 93 de la pandemia en nuestro país. Teniendo en cuenta que a partir del día 75 se originaron determinados eventos de transmisión local, por el no cumplimiento estricto de las acciones de control establecidas, trabajamos con una variante continua a trozos para la función que mide la acción gubernamental de modo que se adecuara a dicha situación.

A continuación se muestran figuras con los resultados obtenidos para los Infectados Hospitalizados, los Acumulados y el resto de las variables, utilizando el mejor ajuste que se obtuvo con la variante $fminsearch$.

Manteniendo la metodología del trabajo anterior de los propios autores, citado en ([5]), se realizó una simulación para variantes en un $\pm 5\%$ de los valores óptimos obtenidos para los parámetros que simulan las acciones de las instancias gubernamentales y de salud, así como la de percepción de riesgo en la población. Esta estrategia, además de dar continuidad

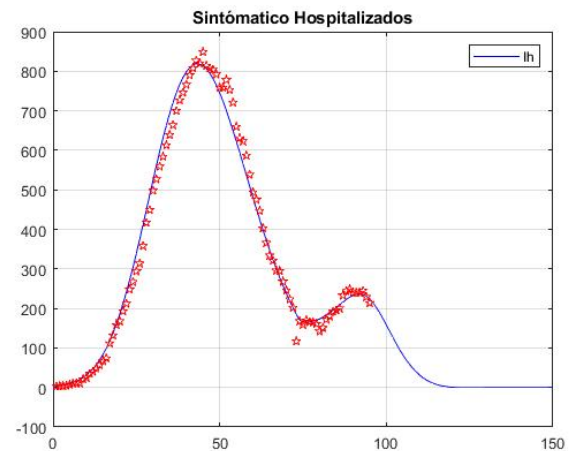


Figura 1. Gráfica de Infectados Hospitalizados en cada instante de tiempo (días), los puntos rojos corresponden a los datos disponibles hasta el momento del corte de la investigación.

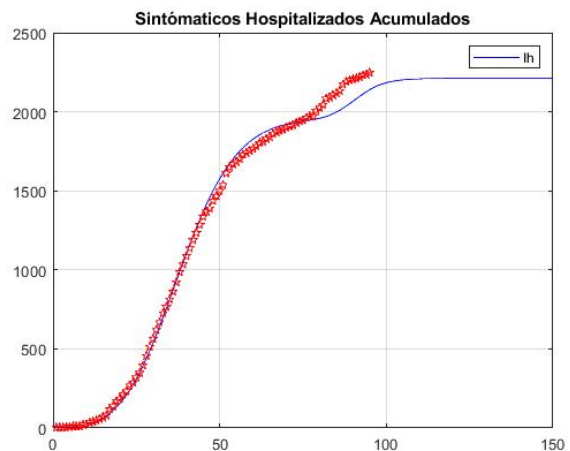


Figura 2. Conjunto de gráficas que muestran las estimaciones para las poblaciones de Infectados Sintomáticos y Asintomáticos Libres y Controlados.

a lo realizado en ([5]), permite comprender cómo variaría el comportamiento y la predicción de la pandemia en nuestro país y cómo nos mantenemos en un escenario favorable.

Por último, la figura 7 muestra el comportamiento de algunos de los parámetros del modelo que se han definido por funciones variables en el tiempo, en particular la fuerza de la acción gubernamental y las tasas de contagio y transmisión por las vías fundamentales.

1.2 Algunas consideraciones finales

En este trabajo se presenta un modelo para simular la dinámica de transmisión de la CoVid19, del tipo SEIR con la particularidad de que incorpora la variable que simula la contaminación ambiental del virus y subdivide las poblaciones de Asintomáticos e Infectados en los que se encuentran libres en la sociedad y los que son controlados y tratados por las

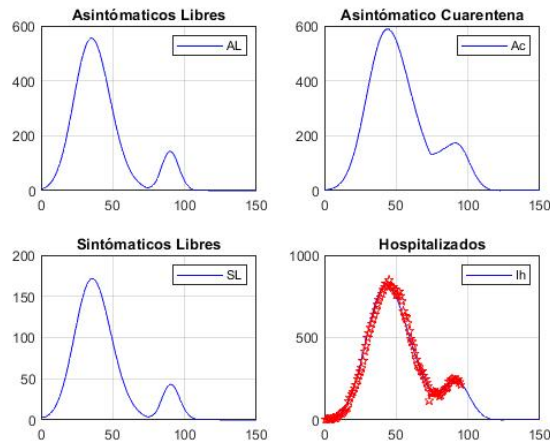


Figura 3. Gráfica de Infectados Hospitalizados Acumulados en cada instante de tiempo (días), los puntos rojos corresponden a los datos disponibles hasta el momento del corte de la investigación.

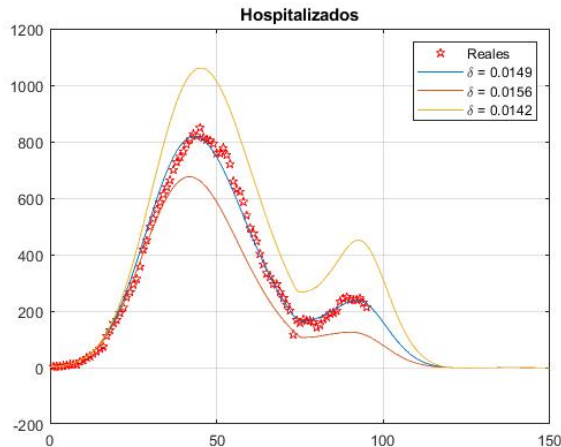


Figura 4. Gráfica de Infectados Hospitalizados en cada instante de tiempo (días), para diferentes valores de las acciones gubernamentales e individuales de control y percepción de riesgo. La curva azul corresponde al valor del parámetro que mejor ajuste proporciona.

instancias de Salud.

Se planteó además una estrategia de ajuste de parámetros a partir de formular el problema de estimación de parámetros ponderado por la falta de datos para algunas de las variables fundamentales del modelo. Sin embargo, la calidad de los resultados obtenidos, acorde con los datos de la pandemia en el país, permitió estimar e inferir el comportamiento futuro de la enfermedad.

Debe tenerse en cuenta que se ha trabajado con un coeficiente o tasa de transmisión variable y que depende de factores que simulan la fuerza de las acciones gubernamentales, de las entidades de salud y la percepción de riesgo de la población, por lo que los resultados obtenidos varían si esos factores

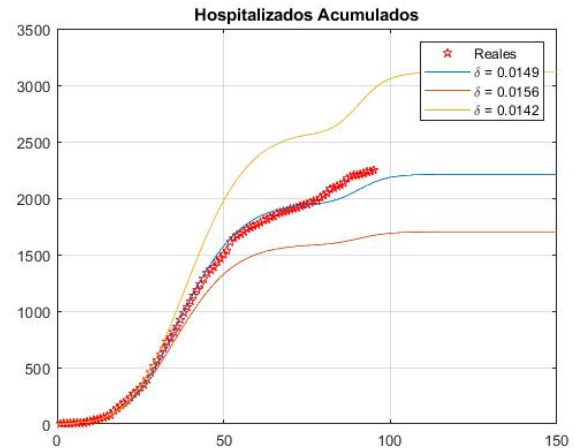


Figura 5. Gráfica de Infectados Hospitalizados Acumulados en cada instante de tiempo (días), para diferentes valores de las acciones gubernamentales e individuales de control y percepción de riesgo. La curva azul corresponde al valor del parámetro que mejor ajuste proporciona.

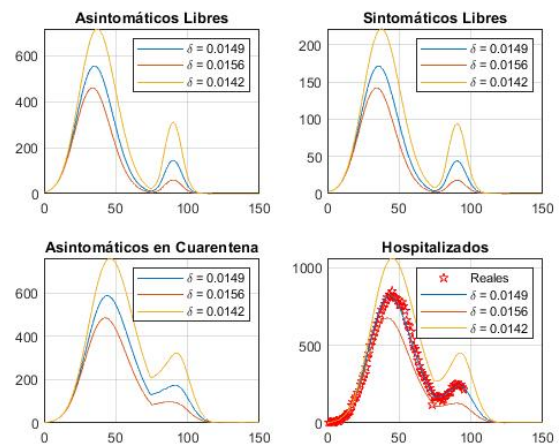


Figura 6. Conjunto de gráficas que muestran las estimaciones para las poblaciones de Infectados Sintomáticos y Asintómicos Libres y Controlados, para diferentes valores de las acciones gubernamentales e individuales de control y percepción de riesgo.

cambian.

Los resultados que se muestran para la variable Infectados Hospitalizados, subpoblación para la cual se dispone de datos precisos, permiten inferir la sensibilidad de las simulaciones y predicciones a la estrategia de ajuste de parámetros. Conclusiones definitivas precisarán de estudios más profundos y el empleo de técnicas de estadística y análisis de datos.

Dada la sensibilidad de los métodos de optimización no lineal a los puntos iniciales, se utilizaron variantes de hibridar algunas metaheurísticas con métodos clásicos del tipo quasinewton para resolver el problema de Estimación de parámetros, usando diferentes units implementadas en MatLab.

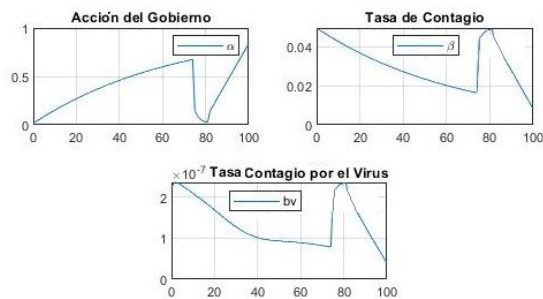


Figura 7. Conjunto de gráficas que muestran las variaciones de parámetros esenciales en el contagio de la enfermedad, según el modelo propuesto.

Aunque los resultados que presentamos como óptimos y que mostraron los mejores ajustes se obtuvieron para las hibridaciones con *fminsearch*, es precipitado establecerla como definitiva, teniendo en cuenta que los resultados presentados son aún preliminares. Así mismo se debe tratar de trabajar con un mejor y más confiable conjunto de datos, que por ejemplo discrimine entre los controlados para que el ajuste de parámetros se haga a partir de un número mayor de variables.

Es importante reconocer que el proceso de estimación de parámetros óptimos en cada modelo y la elección del "mejor" modelo, retroalimenta el proceso de modelación, y en este sentido, cualquier resultado no será definitivo, sino que contribuye a la perfectibilidad de los mismos en aras de alcanzar un comportamiento más cercano a la realidad.

Todos las investigaciones y resultados, aun los parciales y preliminares tributarán a brindar variadas y múltiples herramientas a los decisores para conocer y controlar los procesos epidémicos, en bien de la salud pública.

Referencias

- [1] Chen, T., Rui, J., Wang, Q., Zhao, Z., Cui, J. and Yin, L. A mathematical model for simulating the phase-based transmissibility of a novel coronavirus. Infectious Diseases of Poverty. <https://doi.org/10.1186/s40249-020-00640-3>
- [2] Gutiérrez, J.M. and Varona, J.L. Análisis del Covid-19 por medio de un modelo SEIR. Blog del Instituto de Matemáticas de la Universidad de Sevilla, 20 de marzo 2020
- [3] Hellewell, J., Abbott, S., Gimma, A., Bosse, N., Jarvis, C., Russell, T., Munday, J., Kucharski, A. and Edmunds, J. Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts. Centre for the Mathematical Modelling of Infectious Diseases COVID-19 Working Group, Sebastian Funk, Rosalind M Eggo. Published Online February 28, 2020 [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(20\)30074-7](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(20)30074-7).
- [4] Lin, Q., Zhao, S., Gao, D., Lou, Y., Yang, S., Musa, S., Wang, M., Caig, Y., Wang, W., Yang, L. and Hee, D. A conceptual model for the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in Wuhan, China with individual reaction and governmental action. International Journal of Infectious Diseases journal, home page: www.elsevier.com/locate/ijid
- [5] Marrero, A., Menció, D., Bayolo, G. Modelo SEAIR con percepción de riesgo para la CoVid19. Caso Cuba. Presentado a la revista Ciencias Matemáticas, mayo 2020.
- [6] Tang, B., Bragazzi, N.L., Li, Q., Tang, S., Xiao, Y. and Wu, J. An updated estimation of the risk of transmission of the novel coronavirus (2019-nCoV). Infectious Disease Modelling 5 (2020) 248e255. Journal homepage: www.keaipublishing.com/idm
- [7] Villatoro, F. El modelo SEIRV aplicado a la epidemia de coronavirus en Wuhan, China. 14 marzo, 2020. <https://francis.naukas.com/2020/03/14/el-modelo-seirv-aplicado-a-la-epidemia-de-coronavirus-en-wuhan-china/>
- [8] Wu, J.T., Leung, K. and Gabriel M Leung. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modeling study. Published Online January 31, 2020. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30260-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30260-9)