

Apuntes sobre el COVID-19 en Bolivia durante las primeras 6 semanas

Juan Cristóbal Birbuet
Rafael López V.

11 de abril de 2020

1. Introducción

En sólo tres meses la epidemia del coronavirus (COVID-19) se propagó por el mundo mostrando sus devastadores efectos no sólo en el bienestar de las personas sino también en la economía de los países. En el corto plazo, los objetivos de salud pública apuntan a salvar vidas reduciendo la velocidad de propagación del virus para evitar que los sistemas de salud colapsen. Para ello, se han cerrado fronteras, bloqueado actividades económicas y aplicado medidas de aislamiento social con distintos grados de rigurosidad.

Bolivia es uno de los países más vulnerables a la epidemia; su sistema de salud es tan frágil que la única manera de evitar que la enfermedad se propague descontroladamente, con un alto costo en vidas humanas, es el bloqueo de actividades económicas y el aislamiento social estricto. Sencillamente no existe capacidad suficiente para atender los casos severos (14% del total de infectados) y críticos (5% del total de infectados) en los hospitales¹.

Con la capacidad actual, estimada aproximadamente en 253 camas de internación² y 150 respiradores artificiales en las unidades de terapia intensiva (UTI), el sistema de salud vería sobrepasada su capacidad en dos momentos críticos; i) cuando la cifra de infectados supere los 1,800, porque no habría espacio suficiente para internar al 14% de pacientes severos; ii) cuando la cifra de infectados llegue a 3,000, pues no habría la cantidad de respiradores artificiales necesarios para atender al 5% de pacientes en estado crítico (respiración asistida).

Por otra parte, la restricción selectiva de las actividades económicas produce interrupciones en la cadena de suministro y una fuerte contracción en la oferta. Como consecuencia, muchas empresas serán insolventes, aumentará el desempleo, crecerá la mora en el sistema bancario, disminuirá el ahorro, y se postergarán las decisiones de inversión, contrayéndose también la demanda agregada. Lo que empezó como un shock negativo de oferta generará un shock negativo de demanda, que, a su vez, afectará nuevamente a la oferta retroalimentando y amplificando la crisis.

Las posibilidades de Bolivia para enfrentar la crisis económica que se avecina, mediante la aplicación de medidas contracíclicas, son limitadas, el país presenta elevados déficits fiscales desde hace varios años y resulta difícil pensar

¹ Wu, Zunyou and Jennifer M. McGoogan. (2020).

² <https://www.reduno.com.bo/nota/coronavirus-bolivia-tiene-252-camas-de-internacion-y-35-unidades-de-terapia-intensiva-para-afrontar-la-fase-2--202031812177>

que una fuerte expansión del gasto y la inversión pública sean posibles sin grandes volúmenes de financiamiento externo. La estructura del empleo se caracteriza por una elevada proporción de trabajadores por cuenta propia (62.1%)³ que viven con lo que generan al día y que carecen de una red de seguridad social. Finalmente, el país tiene una fuerte dependencia de las exportaciones de commodities, los mismos que han experimentado una fuerte caída de precios⁴.

Todo esto configura un escenario muy complejo para tomar decisiones. Un bloqueo completo de las actividades económicas y sociales salva vidas humanas, pero produce daños severos en la economía. Por el contrario, permitir que las actividades económicas y sociales se desenvuelvan sin restricciones, puede reducir el impacto de la epidemia en la economía pero a expensas de muchas vidas humanas.

En este documento se efectúa un análisis del patrón de propagación del COVID-19 empleando el modelo compartimental SEIR⁵ de matriz de próxima generación. Se simulan escenarios en Bolivia para analizar cómo se ha propagado el virus en el periodo anterior y posterior a la declaración de cuarentena nacional. Así, se estima el efecto de la cuarentena en la reducción de la tasa de contagio y en la postergación del colapso del sistema de salud.

2. Modelo epidemiológico SEIR

La dinámica de la epidemia se resume de la siguiente manera: una o más personas infectadas se introduce en una comunidad de individuos sanos que es susceptible a contraer la enfermedad. La enfermedad se expande desde los infectados hacia los no infectados mediante el contacto directo entre unos y otros. Cada persona infectada recorre el curso de su enfermedad y finalmente es removido del grupo de personas infectadas bien sea porque se ha recuperado de ella o porque ha fallecido a causa de ella.

A medida que la epidemia se expande, el número de personas contagiadas aumenta, así como el número de recuperados y fallecidos. En el transcurso del tiempo la epidemia termina, y uno de los problemas más importantes es determinar si esta terminación ocurre solo cuando no quedan individuos susceptibles a contraer la enfermedad, o si la interacción de los diversos factores de infecciosidad,

³ <https://www.statista.com/statistics/1038319/share-self-employed-workers-bolivia/>

⁴ <http://resources.oxfordeconomics.com/em-coronavirus-rankings-bad-for-all-awful-for-some>

⁵ SEIR es el acrónimo de Susceptibles, Expuestos, Infectados y Removidos.

recuperación y mortalidad puede resultar en la terminación a pesar de que aún existan muchos individuos susceptibles dentro de la población no afectada.

Por lo tanto, la dinámica de la epidemia depende en gran medida de la interacción social entre personas infectadas y no infectadas. El modelo SEIR modela esta interacción ubicando a las personas de una comunidad o de un país en cuatro estados: susceptibles (S), expuestos (E), infectados (I) y removidos (R). Cada una de esas variables representa el número de personas en esos grupos.

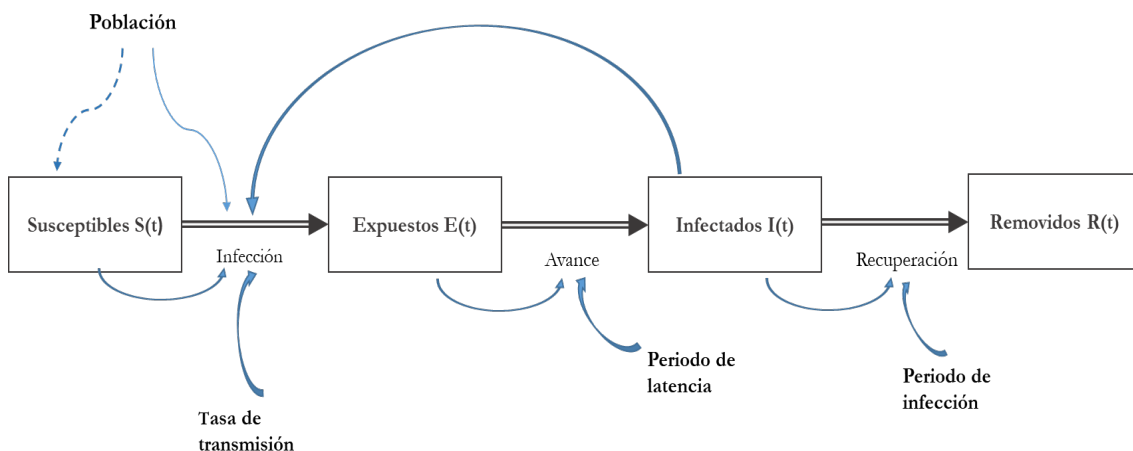


Figura 1. Diagrama de flujo de la epidemia en el modelo SEIR

Funcionamiento del modelo:

La población total es: $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$

Susceptibles (S): En un inicio, cuando $t=0$, toda la población del país es susceptible a contraer la enfermedad, pero nadie está enfermo aún. Cuando aparece el primer infectado las personas susceptibles $S(t)$ se van contagiando al entrar en contacto con una persona infectada $I(t)$, el parámetro que controla el flujo desde el estado $S(t)$ al estados $E(t)$, es β . β depende del número de personas con las que el infectado ha estado en contacto, de la probabilidad de contagio y del número de días que dure el periodo infeccioso de la enfermedad.

A medida que pasa el tiempo y la enfermedad avanza, $S(t)$ va disminuyendo porque la población ha transitado hacia otros estados. La dinámica de $S(t)$ puede representarse por la siguiente ecuación diferencial:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (1)$$

Donde: $\beta = \text{tasadecontacto} \times \text{probabilidaddetransmisión}$

Expuestos (E): Las personas que están en este estado son aquellas que han sido infectadas, pero se encuentran en un periodo de latencia de la enfermedad gobernado por el parámetro δ . El periodo de latencia significa que están incubando el virus y aún no presentan síntomas de la enfermedad, durante este periodo, no pueden transmitir la enfermedad a otras personas. La ecuación que representa el estado E(t) es la siguiente:

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - \delta E \quad (2)$$

Donde: $\delta = \frac{1}{\text{periododelatencia}}$

Infectados (I): Son las personas que han contraído la enfermedad. Una parte de ellas está incubando el virus y aún no presenta síntomas, la otra parte ya se encuentra en un periodo infeccioso, es decir, ya tienen la capacidad de infectar a otras personas. La ecuación que muestra la dinámica de este estado es la siguiente:

$$\frac{dI}{dt} = \delta E - \gamma I \quad (3)$$

Donde: $\gamma = \frac{1}{\text{periodoinfeccioso}}$

Removidos (R): Las personas que están en este estado son los recuperados, es decir, aquellos que han superado la enfermedad y han adquirido inmunidad, y, por lo tanto, ya no tienen la capacidad de transmitir el virus a otras personas. En este grupo también se encuentran las personas que han fallecido a causa de la enfermedad.

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (4)$$

La dinámica de este modelo está determinada por un parámetro crítico conocido como el número de reproducción básica (denotado por R_0), que se define como el número de casos secundarios generados por un individuo infectado en una población susceptible a contraer la enfermedad, R_0 puede calcularse de la siguiente manera:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (5)$$

Es decir:

$$R0 = \text{tasadecontacto} \times \text{probabilidadde transmisión} \times \text{periodode infección}$$

Cuando $R0$ es inferior a la unidad, una pequeña afluencia de individuos infectados no generará grandes brotes y la enfermedad desaparecerá antes de convertirse en una epidemia. Sin embargo, cuando $R0$ excede la unidad, la enfermedad persistirá y tendrá el potencial de afectar a toda la población susceptible si no se toman medidas adecuadas. Resulta evidente que mientras mayor sea $R0$, mayor será la velocidad de propagación de la enfermedad en la población.

Supuestos del modelo:

- La población es constante y su tamaño es igual a N , es decir, las tasas de nacimiento y muerte son iguales durante el proceso de propagación de la enfermedad.
- No se toma en cuenta las inmigraciones y emigraciones de la población, es decir, la población es cerrada.
- La población está mezclada de manera homogénea. El proceso de transmisión de la enfermedad está regido por la ley de acción de masas.
- Los individuos que se han recuperado de la enfermedad quedan inmunes a ella, es decir, no pueden contagiarse nuevamente ni pueden transmitir el virus después de que se han recuperado.

Lo que aún no conocemos del COVID-19:

- Se ha detectado que es posible que una persona transmita el COVID-19 mientras incuba el virus, es decir, durante el periodo de latencia de la enfermedad. No obstante, se desconoce la frecuencia y el alcance en que puede ocurrir esto.
- No existe consenso sobre el intervalo de tiempo en el que un individuo con COVID-19 permanece infeccioso.
- La evidencia preliminar sugiere que las personas que lograron recuperarse de la enfermedad generaron anticuerpos que los protegen frente a ella. No obstante, se desconoce si todos los recuperados tienen este escudo protector, y, si lo tuvieran, cuánto tiempo dura la protección.
- Se desconoce cuál es la duración óptima de las medidas de aislamiento social.

3. Consideraciones sobre el número de reproducción básico (R0)

El número de reproducción básico (R0), es la medida utilizada para describir el contagio o la transmisibilidad de un agente infeccioso, su magnitud, indica el alcance potencial de un brote o epidemia. En el modelo SEIR que aquí se utiliza, estimamos R0 del modo convencional, esto es, mediante 3 parámetros: (i) la tasa de contacto entre una persona infectada con otras susceptibles (medido en número de personas por día), (ii) el número de días que dura el periodo infeccioso en una persona infectada y (iii) la probabilidad de infección por contacto directo entre una persona infectada y otra susceptible.

La aparente simplicidad en el cálculo del valor R0 puede conducir a una interpretación errónea si no se toman en cuenta los supuestos que fueron utilizados para su cálculo⁶. En el modelo que aquí se ha utilizado los parámetros se definieron de la siguiente manera:

Periodo de infección = 7.5 días⁷

Periodo de incubación = 6 días⁸

Probabilidad de transmisión = 4%⁹

Tasa de contacto = Varía de 1 a 100 personas por día

Para estimar el R0 en los periodos pre y post cuarentena se hizo variar la tasa de contacto hasta que el modelo reproduzca el número de infectados registrados en realidad. Si bien es posible modificar los tres parámetros que componen el R0 simultáneamente, es preferible mantener el periodo infeccioso como una constante biológica, y no modificar la probabilidad de infección al mismo tiempo que la tasa de contacto, porque esto impediría ver el efecto marginal del aislamiento social sobre R0¹⁰.

⁶ Algunos estudios emplean para su cálculo parámetros adicionales relacionados con el aislamiento de pacientes en hospitales, la disponibilidad de recursos de salud pública, el entorno político, y otros factores que pueden influir en la dinámica de transmisión y, por lo tanto, afecta el valor de R0.

⁷ UMSA (2020). Situación y Proyecciones COVID – 19 Caso Bolivia.

⁸ Se emplea el valor utilizado por UMSA (2020). Un estudio, llevado a cabo por el Departamento de Epidemiología de la Escuela de Salud Pública Bloomberg de la Universidad Johns Hopkins, muestra que la estimación del periodo promedio de incubación del coronavirus es de 5,1 días. El 97,5 por ciento de las personas que desarrollan síntomas de infección por COVID-19 lo harán a los 11,5 días siguientes a la exposición.

⁹ No existe un consenso sobre este valor, se estima que está entre 1% y 5%.

¹⁰ Como la tasa de transmisión β = Tasa de contacto x Probabilidad de contagio, para efectos prácticos de simulación es indiferente modificar la tasa de contacto o la probabilidad de contagio.

Debido a que R_0 se ve afectado por numerosos factores biológicos, socioconductuales y ambientales que gobiernan la transmisión de la enfermedad, no es extraño que en la literatura científica se encuentren valores de R_0 diferentes para un mismo agente infeccioso. En el Cuadro 1 se muestra el rango calculado para R_0 para algunas enfermedades conocidas.

Cuadro 1 Valores de R_0 de enfermedades infecciosas conocidas

Enfermedad	Tipo de transmisión	R_0
Sarampión	Aérea	12-18
Varicela	Aérea	10-12
SARS	Gotitas en el aire	2-5
Influenza N1H1	Gotitas en el aire	1.4-1.6
MERS	Gotitas en el aire	0.3-0.8

Incluso si la infecciosidad del COVID-19 y la duración del contagio se consideraran constantes biológicas, R_0 fluctuará a medida que la tasa de interacciones humano-humano varíen con el tiempo. Como las variables que afectan en el valor de R_0 son contexto-específicas, no es recomendable aplicar los valores de R_0 calculados para unas regiones, en otras.

Factores como la densidad de población y la organización social afectarán la tasa de contacto y por esta vía a R_0 . Por otra parte, el uso de máscaras y barbijos, el lavado y desinfección de manos, y la desinfección de espacios públicos, alterarán la probabilidad de contagio y de esta manera también incidirán en el valor de R_0 . Por lo tanto, el valor de R_0 es una función del comportamiento y la organización social humana, así como de las características biológicas innatas del propio patógeno.

Finalmente, es importante tener en cuenta que rara vez existen sistemas de recopilación de datos suficientes para capturar el valor de R_0 con precisión durante la primera etapa del brote. Como resultado, R_0 se estima casi siempre retrospectivamente a partir de datos seroepidemiológicos o mediante el uso de modelos matemáticos como el que aquí se presenta. Sin embargo, muchos de los parámetros incluidos es éste y otros modelos son sólo conjeturas; los verdaderos valores a menudo son imposibles de medir directamente con exactitud.

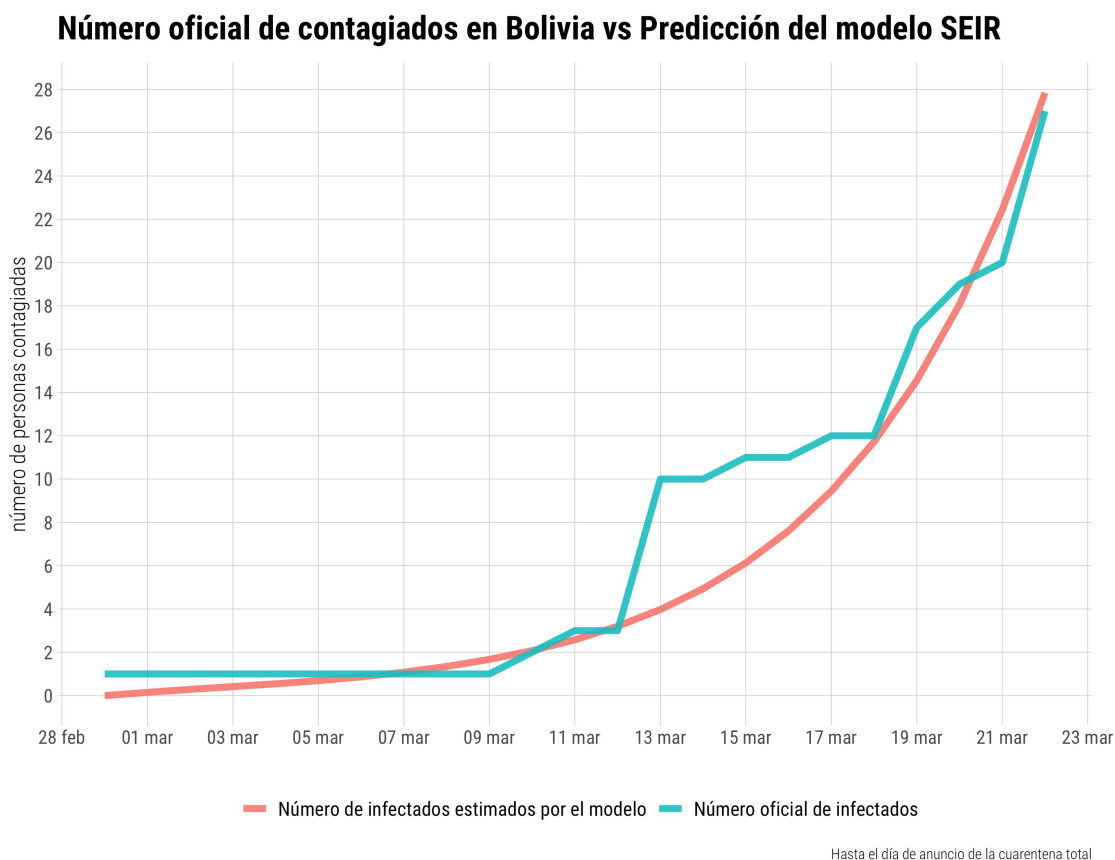
En resumen, estimar R_0 es equivalente a tener un objetivo en movimiento. El seguimiento de cada caso y la transmisión de una enfermedad es difícil, por lo que

estimar R_0 es complejo y desafiante. Las estimaciones a menudo cambian a medida que se dispone de nuevos datos.

4. Resultados

4.1 Propagación del virus y aislamiento social

El 29 de febrero de 2020 ingresó al país la primera persona infectada con COVID-19 de la que se tiene registro, tomando ese día como el día cero, se simuló la expansión del virus hasta llegar a un R_0 que se ajuste al número de personas reportadas como infectadas en las estadísticas oficiales hasta el día 23 de marzo de 2020, fecha en la que entró en vigencia la cuarentena total a nivel nacional.



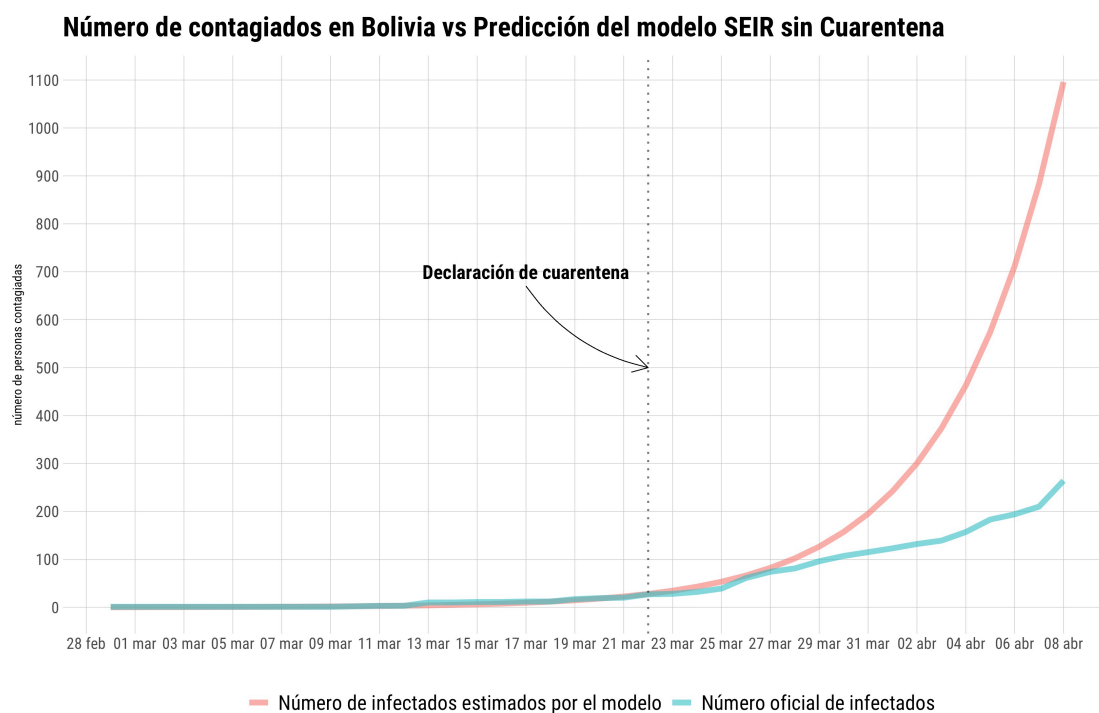


Figura 1. Evolución de la epidemia a la tasa de expansión de las tres semanas anteriores a la cuarentena total

El número básico de reproducción desde el día cero hasta la entrada en vigencia de la cuarentena total fue seis ($R_0 = 6$), lo que implica que cada persona infectada, durante el ciclo que dura su enfermedad, podía contagiar a otras 6 personas más.

Cuadro 2. Infectados al 23/03/2020

Variable	Infectados (I)
Valor real	27
Valor estimado	27.8
R_0	6

Si R_0 se mantuviera constante al nivel de 6 durante el ciclo completo de la epidemia, el pico de la curva de contagio se produciría el día 87, momento en el cual el 28% de la población estaría contagiada. La Figura 2 ilustra el ciclo de duración de la epidemia en ese escenario.

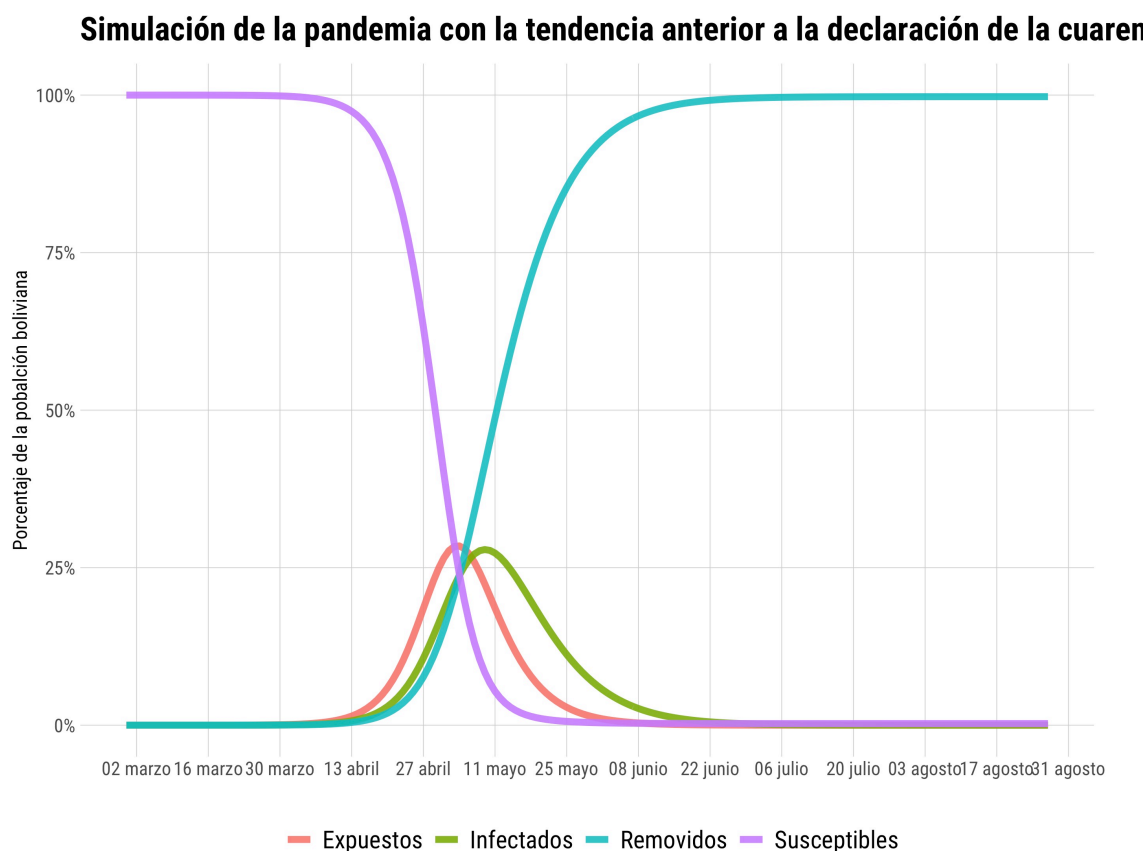


Figura 2. Dinámica de la epidemia – Ciclo Completo $R_0 = 6$

El gobierno de Bolivia informó el 18 de marzo de 2010 que el país dispone de 252 camas de internación en 35 unidades de terapia intensiva (UTI), además, se estima que se cuenta con 150 respiradores artificiales en las UTI a nivel nacional. Por otra parte, se conoce que un 81% de los infectados con el virus presentará síntomas leves o moderados, el 14% síntomas severos que requerirán hospitalización, y el 5% necesitará cuidados críticos con respiración asistida.

Por lo anterior, resulta evidente que el primer cuello de botella del sistema es la capacidad hospitalaria medida en número de camas disponibles, pues si el 14% de los infectados requiere hospitalización, el sistema colapsaría cuando se llegue a 1,800 infectados. El segundo cuello de botella es la capacidad para brindar respiración asistida al 5% de enfermos que puede requerirla, en este caso, el sistema colapsaría cuando se llegue a 3,000 pacientes infectados.

Si R_0 se hubiera mantenido en el nivel promedio que tuvo hasta la puesta en vigencia de la cuarentena, el primer cuello de botella se habría alcanzado el día 43, es decir, el 12 de abril de 2020, y el segundo cuello de botella se habría alcanzado el día 45, esto es, el 14 de abril de 2020. No obstante, el número registrado de personas infectadas es de 300.

Si hacemos el mismo ejercicio de simulación de expansión del virus, pero esta vez tomando como día cero el inicio de la cuarentena, momento en el cual había 27 infectados registrados, y ajustamos R_0 para que el modelo se aproxime al número de personas reportadas como infectadas en las estadísticas oficiales hasta el 14 de abril de 2020, vemos que el nuevo régimen de expansión de la epidemia es $R_0 \sim 2.4$, esto equivale a la reducción en la tasa de contacto entre personas infectadas y susceptibles de 60%.

Cuadro 3. Infectados al 12/04/2020

Variable	Infectados (I)
Valor real	300
Valor estimado	290
R_0	2.4

En la Figura 3 se muestra el ajuste entre el valor real de infectados registrados y la predicción del modelo.

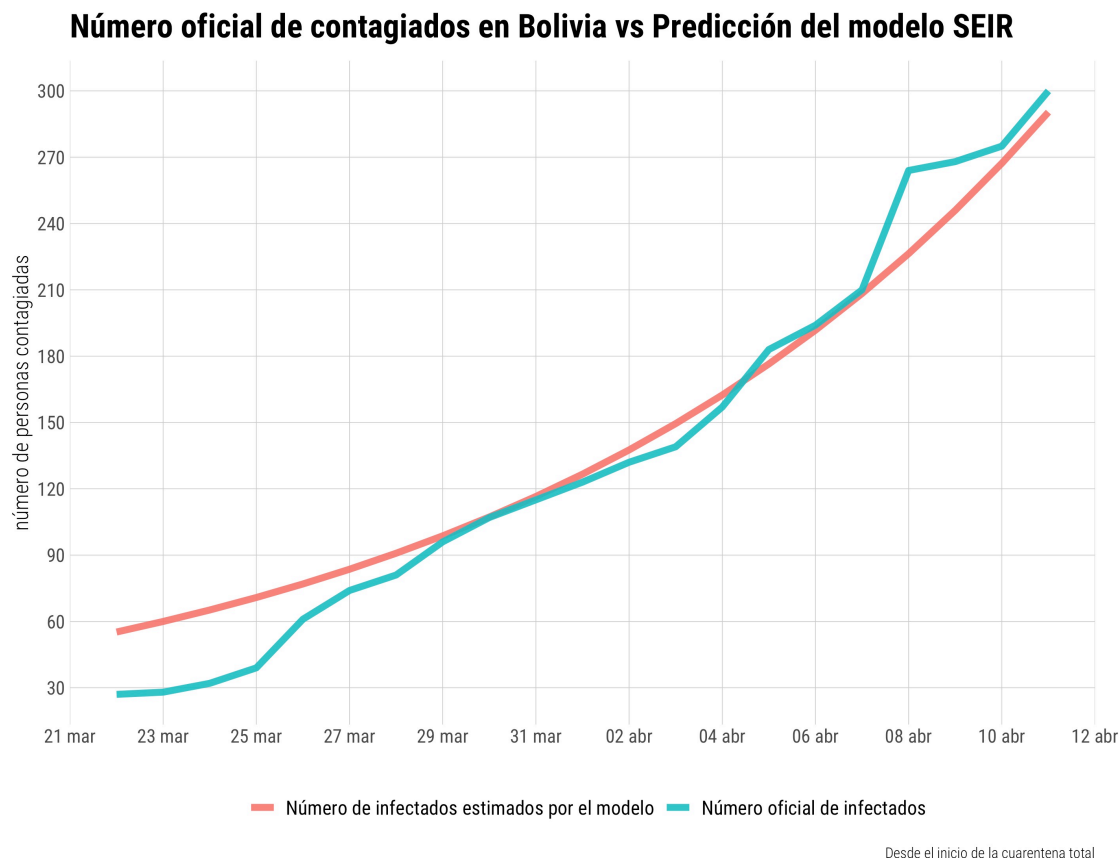


Figura 3. Evolución de la epidemia a la tasa de expansión de las tres semanas posteriores a la cuarentena total

Como $R_0 > 1$, cabe esperar que el número de contagios vaya en aumento, pero a menor rapidez. En este nuevo escenario, el pico de la curva se alcanzaría el día 185 posterior al ingreso de la primera persona infectada a Bolivia, momento en el cual el 12% de la población estaría infectada. El nuevo ciclo de la epidemia sería como el que se muestra en la Figura 3.

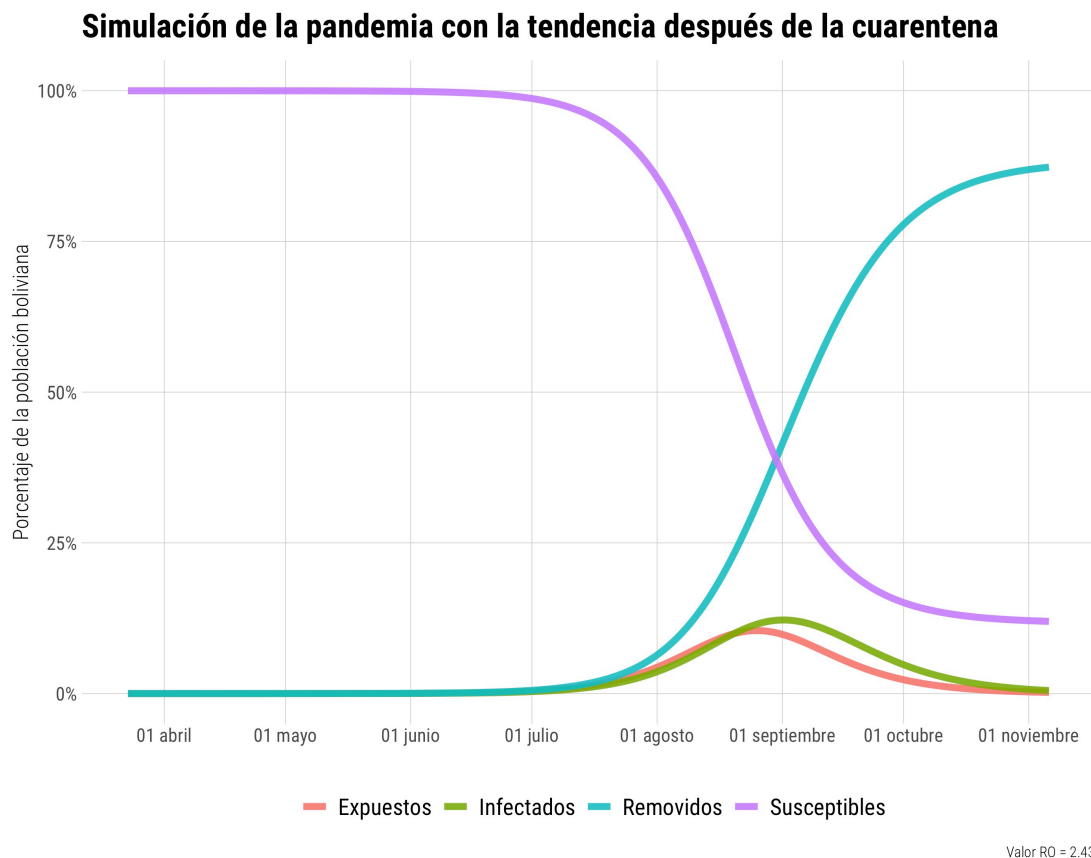


Figura 4. Dinámica de la epidemia - Ciclo completo $R_0 = 2.43$

El efecto de aplanar la curva también contribuye a postergar el colapso del sistema de salud. De mantenerse el escenario de $R_0 \sim 2.4$, el primer cuello de botella del sistema de salud se alcanzaría el día 86 desde iniciada la epidemia (25 de mayo de 2020), y el segundo cuello de botella se alcanzaría el día 93 (1 de junio de 2020). Esto otorga algo más de tiempo para mejorar la capacidad de respuesta en hospitales.

Si se mantienen las medidas de aislamiento, es probable que R_0 disminuya aún más en las próximas dos semanas, principalmente, porque en las dos semanas y media que van del periodo post-cuarentena, se contabilizan efectos rezagados del periodo pre-cuarentena, es decir, personas infectadas en el periodo anterior que estaban incubando el virus y que mostraron síntomas después.

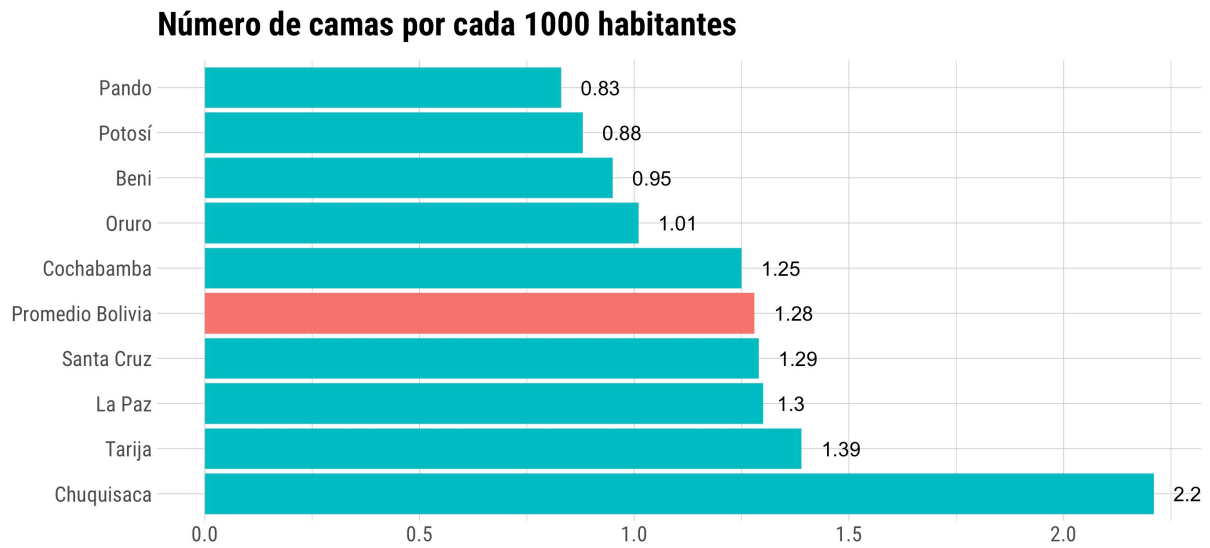


Figura 5. Disponibilidad de camas por cada 1000 habitantes por Departamento

Los cálculos que aquí se han realizado no dejan de ser estimaciones promedio-país bajo los supuestos establecidos en el modelo. Sin embargo, cuando se habla de capacidad del sistema de salud en Bolivia es necesario tener en cuenta que no todos los departamentos, municipios y/o localidades tienen la misma capacidad “promedio” de respuesta, que ya es baja a nivel nacional. Conocer la ubicación exacta de los hospitales que pueden tratar a los pacientes con COVID-19 en estado severo, y los que cuentan, además, con unidades de terapia intensiva equipadas con respiradores artificiales para atender a los pacientes en estado crítico, es imprescindible para hacer un análisis diferenciado.

5. Observaciones finales

Bibliografía

- Delamater, P. L., Street, E. J., Leslie, T. F., Yang, Y., & Jacobsen, K. H. (2019). Complexity of the Basic Reproduction Number (R_0). *Emerging Infectious Diseases*, 25(1), 1-4. <https://dx.doi.org/10.3201/eid2501.171901>.
- Coburn BJ; Wagner BG; Blower S. (2009). Modeling influenza epidemics and pandemics: insights into the future of swine flu (H1N1). *BMC Medicine*. 7. Article 30.
- Eichenbaum, Martin S. Sergio Rebelo, Mathias Trabandt. (2020). The macroeconomics of epidemics. National Bureau of Economic Research. Working Paper 26882. <http://www.nber.org/papers/w26882>
- Guerra, Fiona M.; Bolotin, Shelly; Lim, Gillian; Heffernan, Jane; Deeks, Shelley L.; Li, Ye; Crowcroft, Natasha S. (2017). "The basic reproduction number (R_0) of measles: a systematic review. *The Lancet Infectious Diseases*. 17 (12): e420–e428. [https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(17\)30307-9/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(17)30307-9/fulltext)
- Hu Z, Song C, Xu C, Jin G, Chen Y, Xu X, Ma H, Chen W, Lin Y, Zheng Y, Wang J, Hu Z, Yi Y, Shen H. (2020). Clinical characteristics of 24 asymptomatic infections with COVID-19 screened among close contacts in Nanjing, China. *China Life Sci*. <https://link.springer.com/article/10.1007/s11427-020-1661-4>
- Ireland's Health Services (2020). *Health Care Worker Information*.
- Kucharski, Adam J, Timothy W Russell, Charlie Diamond, Yang Liu, John Edmunds, Sebastian Funk, Rosalind M Eggo. (2020). Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study. <https://www.thelancet.com/action/showPdf?pii=S1473-3099%2820%2930144-4>
- Li Z, Yi Y, Luo X, Xiong N, Liu Y, Li S, Sun R, Wang Y, Hu B, Chen W, Zhang Y, Wang J, Huang B, Lin Y, Yang J, Cai W, Wang X, Cheng J, Chen Z, Sun K, Pan W, Zhan Z, Chen L, Ye F.(2020). Development and Clinical Application of A Rapid IgM-IgG Combined Antibody Test for SARS-CoV-2 Infection Diagnosis. *Journal of Medical Virology*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed?term=32104917>
- M. H. A. Biswas, L. T. Paiva and MdR de Pinho. (2014). A SEIR model for control of infectious diseases with constraints. *Mathematical Biosciences and Engineering*, Volume 11, Number 4.
- Kucharski, Adam and Althaus, Christian L. (2015). The role of superspreading in Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) transmission". *Eurosurveillance*. 20(26): 14–8.
- Pengpeng, Shi, Cao Shengli and Feng Peihua. (2020). SEIR Transmission dynamics model of 2019 nCoV coronavirus with considering the weak infectious ability and changes in latency duration. <https://doi.org/10.1101/2020.02.16.20023655>
- Universidad Mayor de San Andrés (UMSA). (2020). Situación y Proyecciones COVID – 19 Caso Bolivia.

Vynnycky, Emilia, Amy Trindall¹, and Punam Mangtani. 2007. Estimates of the reproduction numbers of Spanish influenza using morbidity data. *International Journal of Epidemiology* 2007; 36:881–889.

Wallinga J, Teunis P .(2004). "Different epidemic curves for severe acute respiratory syndrome reveal similar impacts of control measures". *Am. J. Epidemiol.* 160 (6): 509–16.

Wu, Zunyou and Jennifer M. McGoogan. (2020). Characteristics of and Important Lessons From the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Outbreak in China Summary of a Report of 72 314 Cases From the Chinese Center for Disease Control and Prevention. *Journal of the American Medical Association*, Volume 323, Number 13.

<https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2762130>

Anexo 1: Código del modelo

El modelo está programado en el lenguaje R, el código se presenta a continuación:

Parámetros del modelo:

Tasa de contacto = Varía de 1 a 100 personas por día

Probabilidad de transmisión = 4%

Periodo de latencia = 6 días

Periodo de infección = 7.5 días

```
library(deSolve)

library(tidyverse)

library(magrittr)

#-----

# preparacion y simulacion de la pandemia

#-----

options(scipen = 999) # remover notacion exponencial

modelo_seir <- function (current_timepoint, state_values, parameters)

{

  # creacion de variables

  s = state_values[1]      # susceptibles

  e = state_values[2]      # expuestos

  i = state_values[3]      # infectados

  r = state_values[4]      # removidos/recuperados

  with (

    as.list(parameters),    # para usar nombres de las variables
    dentro de los parametros

    {
```

```

# sistema de ecuaciones diferenciales del modelo

dS = (-beta * s * i)

dE = (beta * s * i) - (delta * e)

dI = (delta * e) - (gamma * i)

dR = (gamma * i)


# combinacion de resultados

results <- c(dS, dE, dI, dR)

list(results)

}

)

}

# calculo de valores iniciales

w <- 11595000      # susceptibles : dato del ine del 7.4.20
x <- 1             # infectados
y <- 0             # removidos
z <- 100           # expuestos

n <- w + x + y + z

valores_iniciales <- c(s = w/n, e = x/n, i = y/n, r = z/n)


# calculo de duracion: 6 meses

duracion <- seq(0, 180, 1)


# simulacion de la epidemia

parameter_list <- list()

ro <- numeric()

```

```

secuencia <- c(1:100) # variacion del ratio_contacto

for(a in secuencia) {

  ratio_contacto <- a

  probabilidad_transmision <- 0.04

  periodo_infeccion <- 7.5

  periodo_latencia <- 6

  valor_beta <- ratio_contacto * probabilidad_transmision

  valor_gamma <- 1 / periodo_infeccion

  valor_delta <- 1 / periodo_latencia

  parameter_list[[a]] <- c(beta = valor_beta, gamma = valor_gamma,
delta = valor_delta)

  ro[a] <- valor_beta / valor_gamma

  cat(a, "\n")

}

rm(a)

# almacenaje de resultados

resultados <- list()

# variacion ro con rango 1:100

for(b in 1:length(parameter_list)) {

  resultados[[b]] <- lsoda(valores_iniciales, duracion, modelo_seir,
parameter_list[[b]])

  resultados[[b]] %<>% as.data.frame()

  resultados[[b]]$ro <- ro[b]

  cat(b, "\n")

```

```

}

rm(b)

# añadir el nombre del modelo a cada base

for(a in secuencia) {resultados[[a]] %<>% mutate(modelo =
secuencia[a])}

rm(a)

# compilado de base de datos

resultados %>%

  bind_rows() %>%

  gather(sigla, valor, -time, -ro, -modelo) %>%

  mutate(

    valor = valor*n

  ) %>%

  spread(sigla, valor) -> df

# creacion de variables auxiliares para visualizacion y otros

df %<>%

  mutate(

    criticos = i + 0.05,

    severos = i + 0.14,

    mortalidad = i * 0.025,

    porcentaje_poblacion_infectada = i/n,

    modelo_etiqueta = paste0("Contacto con ", modelo, " personas"),

  ) %>%

```

```

rename(dia = time) %>%

arrange(modelo, dia)

# añadir fechas desde el caso 0 hasta el fin de la simulacion

temp <- as.Date("2020-02-29")

df$fecha <- seq(temp, temp + 180, 1) %>% rep(., 100)

# remover lo inservible

rm(valor_beta, ratio_contacto, valor_delta, valor_gamma,
periodo_infeccion, valores_iniciales, temp,
    periodo_latencia, secuencia, duracion, probabilidad_transmision, w,
x, y, z, parameter_list, resultados, n, ro, modelo_seir)

```


Anexo 2: Código para la visualización y animación

```
# sobre:
visualización

library(gganimate)

library(hrbrthemes)

source("modelo.R")

Sys.setlocale(locale = "es_ES.UTF-8") # para tener fechas en
español

# Vis 1: propagación con cuatro niveles de interacción

df %>%

  filter(modelo %in% c(3, 10, 20, 30)) %>%

  mutate(

    modelo_etiqueta = as.factor(modelo_etiqueta)

  ) -> temp

# estática: porcentaje población

(temp %>%

  ggplot(aes(fecha, porcentaje_poblacion_infectada, color =
modelo_etiqueta)) +

  geom_line(size = 2, alpha = 0.9) +

  scale_x_date(date_labels = "%d %B", date_breaks = "1 month")
+

  scale_y_continuous(labels = scales::percent_format(accuracy
= 1)) +

  hrbrthemes::theme_ft_rc(grid = "XY", axis_text_size = 12,
axis_title_size = 12) +

  hrbrthemes::scale_color_ft() +

  theme(
```

```

    plot.title = element_text(color = "#d8d8d8", size = 20,
family = "Roboto Condensed"),

    plot.subtitle = element_text(color = "#d8d8d8", size = 25,
family = "Roboto Condensed", face = "bold")

) +

facet_wrap(~fct_reorder(modelo_etiqueta, modelo, .desc =
TRUE), ncol = 1) +

labs(

    title = "Efecto del aislamiento social en la expansión del
COVID19",

    x = "Inicio computado desde el caso 0: 29 de Febrero",

    y = "Porcentaje población boliviana infectada"

) +

theme(legend.position = "none") +

ggsave(here::here("img/estatico_1.jpg"), width = 10, height
= 10))

```

```

# estática2: población neta

```

```

(temp %>%

    ggplot(aes(fecha, i, color = modelo_etiqueta)) +

    geom_line(size = 2, alpha = 0.9) +

    scale_x_date(date_labels = "%d %B", date_breaks = "1
month") +

    scale_y_continuous(labels = scales::unit_format(unit =
"M", scale = 1e-6)) +

    hrbrthemes::theme_ft_rc(grid = "XY", axis_text_size = 12,
axis_title_size = 12) +

    hrbrthemes::scale_color_ft() +

    theme(

        plot.title = element_text(color = "#d8d8d8", size = 20,
family = "Roboto Condensed"),

```

```

    plot.subtitle = element_text(color = "#d8d8d8", size =
25, family = "Roboto Condensed", face = "bold")
  ) +

  facet_wrap(~fct_reorder(modelo_etiqueta, modelo, .desc =
TRUE), ncol = 1) +

  labs(

    title = "Efecto del aislamiento social en la expansión
del COVID19",

    x = "Inicio computado desde el caso 0: 29 de Febrero",

    y = "Personas infectadas"

  ) +

  theme(legend.position = "none") +

  ggsave(here::here("img/estatico_2.jpg"), width = 10,
height = 10))

# animación: porcentaje de población infectada

temp %>%

  ggplot(aes(fecha, porcentaje_poblacion_infectada, color =
modelo_etiqueta)) +

  geom_line(size = 2, alpha = 0.9) +

  scale_x_date(date_labels = "%d %B", date_breaks = "1
month") +

  scale_y_continuous(labels =
scales::percent_format(accuracy = 1)) +

  hrbrthemes::theme_ft_rc(grid = "XY", axis_text_size = 20,
axis_title_size = 20, base_size = 40,

    ) +

  hrbrthemes::scale_color_ft() +

  theme(

    plot.title = element_text(color = "#d8d8d8", size = 30,
family = "Roboto Condensed"),

```

```

    plot.subtitle = element_text(color = "#d8d8d8", size =
25, family = "Roboto Condensed", face = "bold"),
    strip.text = element_text(size = 22)
  ) +

  facet_wrap(~fct_reorder(modelo_etiqueta, modelo, .desc =
TRUE), ncol = 1) +

  labs(

    title = "Efecto del aislamiento social en la expansión
del COVID19",

    x = "Inicio computado desde el caso 0: 29 de Febrero",

    y = "Porcentaje población boliviana infectada"

  ) +

  theme(legend.position = "none") +

  transition_reveal(fecha) -> anim_1

anim_save(animation = anim_1, filename = "img/
animacion_porcentaje.gif",

          width = 1500, height = 1000, fps = 35, duration =
2)

# animacion: cantidad neta población infectada

temp %>%

  ggplot(aes(fecha, i, color = modelo_etiqueta)) +

  geom_line(size = 2, alpha = 0.9) +

  scale_x_date(date_labels = "%d %B", date_breaks = "1 month")
+

  scale_y_continuous(labels = scales::unit_format(unit = "M",
scale = 1e-6)) +

  hrbrthemes::theme_ft_rc(grid = "XY", axis_text_size = 20,
axis_title_size = 20, base_size = 40,

```

```

) +

hrbrthemes::scale_color_ft() +

theme(

  plot.title = element_text(color = "#d8d8d8", size = 30,
family = "Roboto Condensed"),

  plot.subtitle = element_text(color = "#d8d8d8", size = 25,
family = "Roboto Condensed", face = "bold"),

  strip.text = element_text(size = 22)

) +

facet_wrap(~fct_reorder(modelo_etiqueta, modelo, .desc =
TRUE), ncol = 1) +

labs(

  title = "Efecto del aislamiento social en la expansión del
COVID19",

  x = "Inicio computado desde el caso 0: 29 de Febrero",

  y = "Población boliviana infectada"

) +

theme(legend.position = "none") +

transition_reveal(fecha) -> anim_1

anim_save(animation = anim_1, filename = "img/
animacion_poblacion.gif",

          width = 1500, height = 1000, fps = 35, duration =
2)

```