

Modelos para comprender el comportamiento de la Covid-19

David F. Delgado S.
7 de junio de 2020

El 11 de marzo, la [Organización Mundial de la Salud](#) (OMS) declaró a la COVID-19, enfermedad causada por un nuevo coronavirus denominado SARS-CoV-2, “la primera pandemia causada por un coronavirus”. Una enfermedad se considera pandemia cuando se propaga mundialmente.

Para responder a la emergencia de salud pública, investigadores del ámbito público y privado, alrededor del mundo, han trabajado incansablemente para desarrollar diversas herramientas que permitan comprender la evolución de la enfermedad así como la búsqueda de alternativas para el tratamiento y prevención de la enfermedad.

En este contexto, la Universidad Nacional Autónoma de México, a través de la Coordinación de Difusión Cultural, puso en marcha el mayor espacio de reflexión sobre COVID 19 con la cuarta entrega, y la primera virtual, de [El Aleph](#) Festival de Arte y Ciencia.

Con el título *Las Posibilidades de la Vida: COVID-19 y sus efectos*, el festival, dirigido a un público general, convocó a 170 académicos, artistas, humanistas y comunicadores provenientes de 20 naciones para que del 21 al 31 de mayo conjuntaran saberes y reflexionaran sobre las posibilidades y efectos adversos que representa la COVID-19 en la vida de las personas.

El C3 presente

Durante el festival, colaboradores del Centro de Ciencias de la Complejidad (C3) de la UNAM revisaron cómo diversas herramientas matemáticas y computacionales pueden utilizarse para desarrollar modelos que permitan comprender mejor el comportamiento de la enfermedad y cómo se disemina en la población a la que aqueja.

“Tenemos que ser inteligentes para reducir el virus o ir enfrentándolo con el cuidado debido”, destacó José Luis Mateos Trigos, investigador del Instituto de Física y coordinador de Investigación del C3 durante la videoconferencia [Modelos de propagación de pandemias: El caso de la COVID-19](#).

Por su parte, Juan Claudio Toledo Roy, investigador del Instituto de Ciencias Nucleares y colaborador del C3 explicó a los espectadores que las pandemias son problemas complejos que “requieren un abordaje desde disciplinas diferentes como las matemáticas, sociología o las políticas públicas” durante la videoconferencia [Entendiendo la epidemia de COVID-19 desde las matemáticas](#).





José Luis Mateos Trigos



Juan Claudio Toledo Roy

SARS-Cov-2 y COVID-19

[El último día de diciembre de 2019](#) se informó a la oficina regional de la OMS en China sobre varios casos de neumonía atípica detectados en la ciudad de Wuhan de la provincia de Hubei. Estos pacientes se convertirían en los primeros casos de COVID-19. Para el 3 de enero se habían identificado 44 casos, 11 de ellos enfermos graves.

“Era un virus que nadie había visto antes en la historia, pero muy parecido al SARS-CoV causante de la pandemia [de SARS en] 2002 en Asia”, explicó Toledo durante su ponencia. El doctor en astrofísica por la UNAM detalló que, desde esa fecha hasta el 22 de mayo, “más de 188 países había reconocido tener casos de COVID-19”, una nueva enfermedad causada por una cepa nueva de coronavirus que se comportaba como cualquier enfermedad infecciosa: creciendo exponencialmente.

Una persona infectada puede dispersar un gran número de virus “en pequeñas gotas de saliva y también se pueden depositar en superficies” y de esta manera contagiar a más personas. Por esta vía, en un día, pueden duplicarse o triplicarse el número de infectados.

“Los virus andan ahora en avión [...] no necesitan pasaporte, no necesitan boleto”, dijo Mateos, físico estadístico, en su conferencia. “Ahora, en vez de años, le puede tomar días abarcar completamente el mundo”. Tal es el caso de grandes ciudades donde hacen conexión cientos de vuelos procedentes de todo el mundo lo que las convierte en nodos de propagación a nivel mundial.

Mateos, también especialista en series de tiempo y simulación por computadora, explicó a los asistentes virtuales que al ser inhalado el SARS-CoV-2 viaja por las vías respiratorias hasta las células de los pulmones. Al llegar a la zona donde se intercambia el oxígeno, el coronavirus “se pega a la membrana [celular] y la abren para dejar su material genético dentro de la célula. Los virus son los hackers del mundo microbiológico” al ser capaces de utilizar la maquinaria de las células para reproducirse. “Millones de partículas virales salen al exterior de la célula para infectar nuevas” provocando que “en muy poco tiempo se alcance una población gigantesca”.

Por su parte, Toledo, también especialista en series de tiempo, dijo durante su ponencia que la COVID-19, es una enfermedad que puede ser letal para personas mayores, con enfermedades cardíacas, diabetes o afecciones respiratorias. Ésta genera un cuadro de síntomas en los que destaca fiebre, tos seca y cansancio. Sin embargo, “en la COVID-19 muchos casos son leves” y la “letalidad está entre 1 y 2%”.

Alrededor del mundo, muchos de los casos son asintomáticos. En México, “representan aproximadamente el 90% de todas las posibles infecciones”. Así lo reportan los autores de un [artículo de investigación](#) publicado en preprint (es decir, sin haber sido aún sometido a revisión por pares) y cuyos autores son miembros de la Facultad de Matemáticas de la Universidad Autónoma de Yucatán y el Programa de Doctorado en Ciencias Biológicas por la UNAM.

Esto es relevante ya que “un virus más peligroso es aquel que no es tan letal pero es altamente contagioso”, explicó Toledo durante su ponencia. Por ello, investigadores en todo el mundo buscan comprender el comportamiento de la enfermedad y, con ello, tratar de brindar información para la toma de decisiones ante un problema tan grave.

Modelos epidemiológicos

Una aproximación son las herramientas de modelado matemático y computacional. “Los modelos matemáticos nos permiten ver cómo cambian en el tiempo y espacio los sistemas”, dijo durante su participación en la mesa de diálogo *Biomatemáticas. Las matemáticas de la vida* la doctora en ciencias biomédicas por la UNAM y especialista en modelado matemático y computacional Mariana Benítez.

Benitez, investigadora del Instituto de Ecología y miembro del C3 explicó cómo los modelos permiten integrar y sintetizar información diversa además de ayudar “a entender el comportamiento colectivo de elementos que interactúan entre sí”.

Mateos planteó como ejemplo los modelos de compartimentos donde “se divide a la población en tres tipos, la población susceptible a infectarse, los que están infectados y los recuperados”. Con ellos se puede modelar el cambio de estas poblaciones a lo largo del tiempo a través de ecuaciones diferenciales.

Estas ecuaciones son funciones derivadas con respecto al tiempo, donde se consideran la dinámica día a día de diversas variables que afectan directamente a la enfermedad, como es la tasa de contagio entre los grupos de personas susceptibles e infectados, cuánto dura la etapa de infección y también el grupo de decesos que indican la letalidad de la enfermedad.

El modelo del comportamiento de la enfermedad es una simulación construida con estas ecuaciones. Y los resultados cambian según las variables que se utilizan, entre ellas el ritmo de reproducción o propagación del virus.

“Para la COVID-19, la tasa de reproducción es de entre 2.5 y 3”, dijo Toledo durante su presentación, explicando que este valor es alto con respecto a otras enfermedades como la influenza, “suficiente para que 4/5 partes de la población [mundial] se pueda infectar”.

Los modelos epidemiológicos permiten generar pronósticos de una enfermedad, “generalmente el arranque es muy pronunciado y decae lentamente”, aseveró Mateos sobre la gráfica con una curva de contagios. Con



Mariana Benítez

el paso del tiempo “el número de infectados deja de crecer porque el virus ya no tiene a quien infectar en la población”.

Sin embargo, este escenario solo sucede en el caso de que no se tome ninguna acción en contra de la enfermedad.

Simulaciones

Desde que iniciaron los brotes a nivel mundial, las simulaciones computacionales han buscado reducir el ritmo de propagación controlando variables como la tasa de contagio disminuyendo y así el crecimiento exponencial de personas infectadas. Un ejemplo es lo que se conoce como aplanar la curva, al reducir la transmisión y con ello disminuir el número de enfermos aún cuando la epidemia “dure más”, dijo Toledo.

Carlos Gershenson, doctor en ciencias por la *Centrum Leo Apostel de la Vrije Universiteit Brussel*, Bélgica, comentó en entrevista vía correo electrónico: “Es difícil hacer modelos de COVID-19 porque no se tenían datos hasta hace poco y todavía hay muchos faltante. Todo lo que no sabemos, nos da margen de error”.

Para poder hacer una buena aproximación a la dinámica de contagio del virus no basta con el análisis por modelos epidemiológicos convencionales. “Las cosas son más complicadas y los modelos se han sofisticado”, explicó en su exposición Mateos.

La dinámica de la enfermedad causada por el nuevo coronavirus es un tema complejo que requiere entender más sobre el comportamiento de las personas, así como de “la densidad poblacional en un área, la movilidad, aspectos culturales y las intervenciones de salud”, señaló Toledo a los asistentes a la charla virtual. Estas variables han sido contempladas para elaborar políticas públicas de sanidad, como el famoso “quédate en casa”.

Sin embargo hay limitantes. “Cuando tu reduces la movilidad, ciertamente el pico de la curva puede disminuir”, explicó Mateos. Pero si no se cuenta con datos suficientemente detallados se requieren otras opciones como redes para generar mapas donde pueda observarse mejor la incidencia en tiempo y espacio.

Gershenson, especialista en sistemas autoorganizantes y miembro del C3, comentó vía correo electrónico: “mientras más detalles tengamos sobre las redes actuales de contactos, nuestros modelos serán más confiables”.

Análisis de las redes de contacto

Para seguirle los pasos al virus se ha propuesto seguir la movilidad de las personas y los contactos que tienen con otras personas. “Usando tecnología podemos muestrear, hacer trazamientos y obtener datos”, explicó Mateos en su ponencia. Entre estas tecnologías destacan la huella digital de apps, internet o redes sociales.

También “ha surgido la idea de usar la tecnología del siglo XXI: el uso de teléfonos celulares”, una aproximación en la que se está trabajando desde la [iniciativa privada](#) dijo el académico del Instituto de Física.

Las compañías *Apple* y *Google*, desarrolladores de los sistemas operativos de la mayoría de dispositivos móviles, han creado un sistema que utiliza la ubicación de sus dispositivos y la comunicación vía bluetooth para informar del posible contacto con personas que hayan sido infectadas.

Sin embargo, para establecer estas redes de contacto, se requiere de un esfuerzo muy grande por parte del usuario ya que la persona sospechosa de tener SARS-Cov-2 tiene que reportarlo a una app y la infección debe ser confirmada a través de una prueba clínica realizada en el sector salud.

“Si la persona no fue a que le hicieran su prueba confirmatoria se quedan fuera de los datos de contagiados”, dijo Toledo. Además y, por el momento, estos datos no pueden ser utilizados para investigación ya que “no son de acceso abierto”, debido a la importancia de proteger la privacidad de los usuarios agregó Mateos.

Sin embargo, Mateos no lo considera una limitante ya que es posible utilizar otro tipo de datos para construir redes de contacto. En dos artículos de investigación publicados en 2016 en la revista PLOS ONE y en 2020 en la revista Scientific Reports, Mateos y A. P. Riascos describen cómo utilizando datos públicos de ubicación provenientes de usuarios de la red social *Foursquare* en [Tokyo](#) y datos de viajes de taxistas de [Nueva York](#) se puede entender la movilidad de las personas. A través de trazar la movilidad “emergen redes de encuentro entre las personas”, dijo.

El análisis de los investigadores está basado en la coincidencia de personas en el mismo espacio y tiempo, identificando interacciones entre personas y así formando redes de contacto. Mateos explicó: “existen una red ya que hubo un punto donde se encontraron”. Así con estos datos aumentan las variables que se utilizan para el desarrollo de modelos epidemiológicos.

Vía correo electrónico Gershenson comentó: “los modelos epidemiológicos tradicionales asumían que todos los miembros de una población tenían la misma probabilidad de contagiar y contagiarse. Variaciones en la distribución de contactos (e.g. pocos con muchos contactos y muchos con pocos vs. Todos con un número similar de contactos) puede llevar a resultados muy diferentes”.



Apps para seguirle los pasos al virus

Frente a la política de la cuarentena en el país, Mateos explicó a los asistentes a su charla: “Tenemos el caso de miles de personas confinadas y es algo que ha funcionado, pero que no puede durar para siempre”.

Para el investigador, el virus llegó para quedarse y por ello, desde el inicio de la pandemia “en la UNAM estamos haciendo muchos esfuerzos” para apoyar al entendimiento de la problemática.

En el C3 UNAM, desde inicios de marzo se ha desarrollado una [app web](#) “con la finalidad de que la gente se registre y reporte su estado frente la enfermedad y se puedan rastrear las redes de contacto”, comentó el físico estadístico.

Toledo agregó en entrevista vía correo electrónico: “La app que hizo el C3 inicialmente estaba pensada sólo para medir la evolución de síntomas y servir de ‘diagnóstico rápido’”. Sin embargo, los investigadores vieron el potencial de esta plataforma para poder “incluir información que sirva para construir esas redes de contacto y patrones de movilidad”.



La app está “hecha para que la gente nos ayude a medir esto”. A través del [portal web](#) el usuario contesta una serie de encuestas sobre síntomas y susceptibilidad a la COVID-19. “La app pide a los usuarios que actualicen los datos semanalmente así podremos ver cómo cambian esos patrones con el tiempo”, dijo el astrofísico.

Toledo explicó que uno de los objetivos de la investigación es que la información recabada ayude a formular modelos epidemiológicos más detallados para la población mexicana. “Los modelos epidemiológicos más avanzados que queremos usar se llaman ‘metapoblacionales’”. Para el académico [estos modelos](#) sirven para que se analicen a grupos más pequeños, “empiezas a distinguirlos según sus diferentes patrones de contacto y movilidad y también según su distribución geográfica”.

La idea, explicó el investigador, es a través de simulaciones computacionales “modelar poblaciones más pequeñas y más heterogéneas que pueden intercambiar personas”. Estas “‘metapoblaciones’ puede ser, por ejemplo, la población de un municipio del país y de un cierto grupo de edad”, describiendo de forma más detallada cómo pueden interactuar con grupos pequeños de poblaciones vecinas, como el caso de adultos mayores y su movilidad diaria en las alcaldías en la Ciudad de México.

Tomando en cuenta los patrones de movilidad sociales y demográficos de los mexicanos, el modelo serviría “para hacer proyecciones de la epidemia en México (para la segunda mitad de 2020 de entrada, con la ‘nueva normalidad’)", dijo Toledo en entrevista.

La pandemia ha dejado impactos muy grandes a nivel salud y social, es por ello que se requiere de la colaboración entre especialistas de diversas áreas y de la ciudadanía, y así elaborar acciones políticas que permitan adaptarse a las actividades rutinarias

“Mientras más gente la use y llene los cuestionarios de síntomas y de movilidad se podría obtener más información para los modelos y así estimar mejor la evolución de la pandemia y los efectos de las medidas para contrarrestarla”, explicó Gershenson.

De esta forma, considera Toledo, será posible explorar diferentes estrategias de política pública para ver cuáles funcionan mejor para la población específica del país.