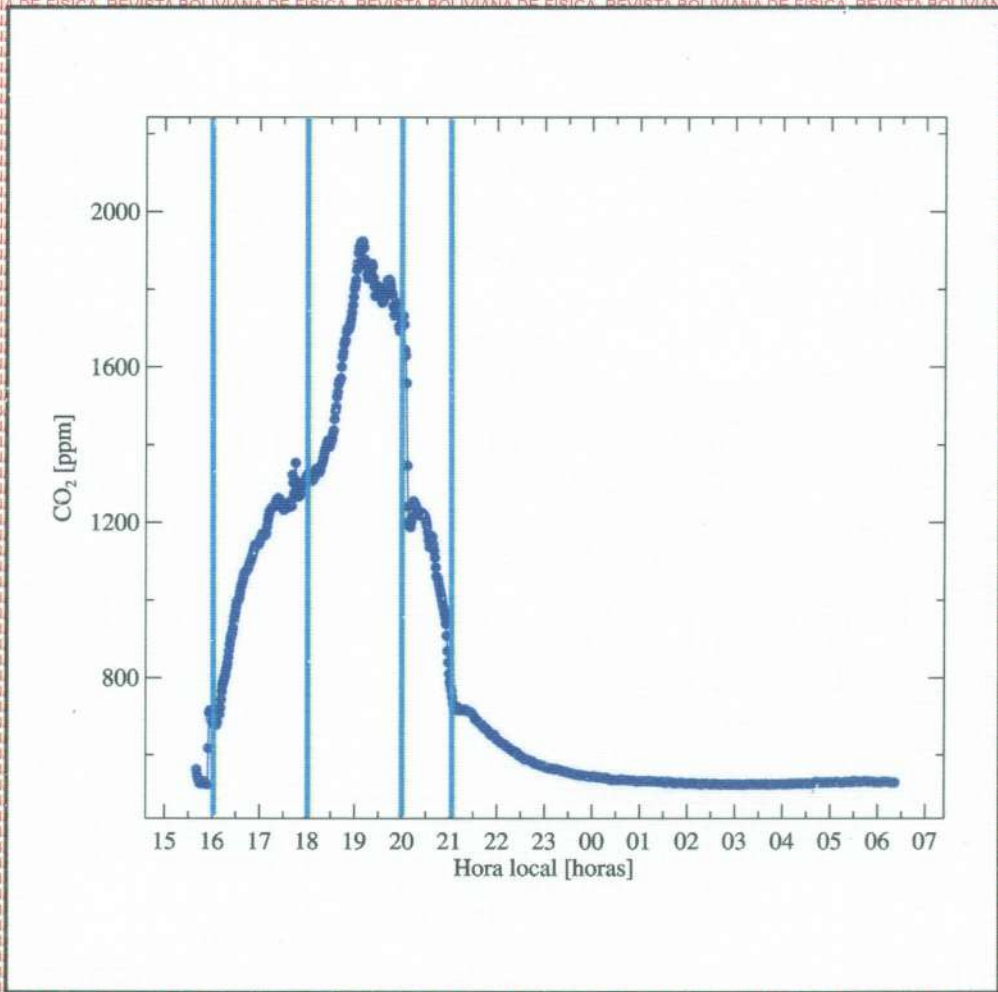


ISSN - 1562 - 3823

REVISTA BOLIVIANA DE FÍSICA

NUMERO 37

DICIEMBRE 2020 - LA PAZ - BOLIVIA



INSTITUTO DE INVESTIGACIONES FÍSICAS
CARRERA DE FÍSICA - UMSA

SOCIEDAD BOLIVIANA DE FÍSICA

REVISTA BOLIVIANA DE FÍSICA

Esta es una revista de la Unión Iberoamericana de Sociedades de Física

COMITÉ EDITORIAL

Sociedad Boliviana de Física

Lic. Alfonso Velarde Chávez

Email: avelarde@fiumsa.edu.bo

Instituto de Investigaciones Físicas

Dr. Flavio Ghezzi Moris

Email: fghezzi@fiumsa.edu.bo

Dr. Wilfredo Tavera Llanos

Email: witavera@fiumsa.edu.bo

Carrera de Física

Dr. Armando R. Ticona Bustillos

Email: aticona@fiumsa.edu.bo

Casilla 8635, La Paz – Bolivia. Tel.: (591-2) 2792999, Fax: (591-2) 2792622

CONSEJO EDITORIAL

Dr. Oscar Antonio Rondón

Institute of Nuclear and Particle Physics
University of Virginia
McCormick Road, Charlottesville, VA 22901
804 924-6787, USA
Email: or@virginia.edu

Dr. Carlos Navia

Instituto de Física
Universidade Federal Fluminense
Av. Gen. Milton Tavares de Souza
24210-340, Niterói, RJ-Brasil
Email: gfcnoj@if.uff.br

Dr. Paulo Murilho Castro de Oliveira

Instituto de Física
Universidade Federal Fluminense
Av. Gen. Milton Tavares de Souza
24210-340, Niterói, RJ-Brasil
Email: pmco@if.uff.br

Dr. Daniel Adrián Stariolo

Instituto de Física
Universidade Federal Fluminense
Av. Gen. Milton Tavares de Souza
24210-346, Niterói, RJ-Brasil
Email: danielstariolo@id.uff.br

Dr. Marcus Werner Beims

Departamento de Física
Universidade Federal do Paraná
81531-990, Curitiba, Paraná, Brazil
Email: mbeims@fisica.ufpr.br

ISSN 1562-3823



Revista Boliviana de Física

PUBLICACIÓN DE
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES FÍSICAS
CARRERA DE FÍSICA
UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN ANDRÉS
Y
SOCIEDAD BOLIVIANA DE FÍSICA

NÚMERO 37
DICIEMBRE DE 2020

Revista Boliviana de Física

ISSN 1562-3823

Indexada en: SciELO, Latindex, Periódica

<http://www.scielo.org.bo>

<http://www.latindex.unam.mx>

Publicación del Instituto de Investigaciones Físicas, la Carrera de Física de la Universidad Mayor de San Andrés y de la Sociedad Boliviana de Física.
Casilla 8635, La Paz, Bolivia.

Diseño: A. Ticona

Dirección: Carrera de Física, Campus Universitario, Calle 27, Cota Cota, La Paz.

Tel: (591 2) 2792999; FAX: (591 2) 2792622.

Portada: Medidas de CO_2 en un teatro de la ciudad de La Paz.

Formato $\text{\LaTeX}2_{\epsilon}$. *Tipo de fuente utilizada:* newcentury

Impreso por: **Imprenta Antofagasta**

Dirección: Canónigo Ayllón No. 524. Tel. (591 2) 2493609.

CONTENIDO

EDITORIAL	<i>Editor</i>	1
-----------	---------------	---

A. ARTÍCULOS

COVID-19 EN BOLIVIA: ESTUDIOS Y CONSECUENCIAS DEL MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIRASD <i>M. L. Peñafiel & G. M. Ramírez-Ávila</i>		3
MODELO DE AUTÓMATA CELULAR PARA LA PROPAGACIÓN DE COVID-19 <i>Alejandra Vargas, Flavio Ghezzi & Armando R. Ticona-Bustillos</i>		12
ESTIMACIÓN DE LA PROBABILIDAD DE CONTAGIO DE COVID-19 POR AEROSOLES EN AMBIENTES CERRADOS: APLICACIONES A CASOS EN LA CIUDAD DE LA PAZ, BOLIVIA <i>Fernando Velarde, Rubén Mamani-Paco & Marcos Andrade-Flores</i>		22
NÚMERO EFECTIVO DE REPRODUCCIÓN DEL COVID-19 EN BOLIVIA <i>Daniel Bellot</i>		31

B. CONTRIBUCIONES Y REVISIONES

ANÁLISIS DE UN MODELO MATEMÁTICO SIMPLE PARA LA DESCRIPCIÓN DE PROPAGACIÓN DE COVID-19 <i>Juan Dennis Tejeira-Huacani</i>		41
--	--	----

EDITORIAL

Sin lugar a dudas, la pandemia de CoVid 19 es un hecho que está causando estragos socio-económicos y afectando gravemente la salud de una gran parte de la población planetaria. Sin embargo, también ha activado respuestas desde diferentes campos de la ciencia que pretenden comprender mejor el fenómeno y las consecuencias subyacentes, así como proponer soluciones para alivianar la crisis generada por esta pandemia. Los físicos bolivianos no son la excepción y dentro de su conocimiento en diferentes áreas han dedicado esfuerzos importantes para contribuir a la lucha contra la pandemia y sus secuelas. Principalmente, la formulación de modelos ha sido el fuerte de estas contribuciones que no sólo plantean descripciones hipotéticas sino también a partir de los resultados proponen soluciones que las autoridades tomadoras de decisiones deberían considerar.

Justamente, esta nueva entrega de la Revista Boliviana Física (RBF), la segunda del año 2020 y la número 37 en su historial, está completamente dedicada a la problemática de la pandemia de CoVid 19. Los grupos de física teórica, de dinámica no lineal y sistemas complejos, de física aplicada y de física de la atmósfera han contribuido para esta nueva edición de la RBF con contribuciones que tocan el tema de CoVid 19 desde diferentes perspectivas. También es importante destacar en los trabajos presentados, la participación protagónica de profesionales en física jóvenes, algunos de ellos desarrollando sus estudios de posgrado en Bolivia y en el exterior del país; incluso, se tiene el trabajo de un estudiante de pregrado que hace sus primeras armas en lo que a publicación científica se refiere.

Tenemos a bien presentar el número 37, correspondiente al segundo número de 2020 de la RBF, en un escenario en el cual la pandemia continúa y aún cuando la mayoría de las actividades tiende a normalizarse, como científicos estamos concientes que para alcanzar la normalidad completa (al menos como se la concebía antes de la pandemia), se tiene todavía un largo camino por recorrer y este recorrido debe caracterizarse por la precaución y prudencia frente al CoVid 19 para así procurar la no repetición de situaciones dramáticas en lo que al sistema de salud atañe.

En este número de la RBF, se presentan cuatro artículos científicos sometidos a proceso de arbitraje internacional y una contribución. Respecto a los trabajos aprobados por arbitraje, se tiene un primer artículo donde Peñafiel & Ramírez-Ávila (2020) plantean y analizan un modelo compartimental denominado SIR-ASD (Infectados Sintomáticos–Infectados Asintomáticos–Recuperados Susceptibles–Decesos), en el cual introducen factores que dan cuenta de comportamientos de grupos sociales en relación al acatamiento o no de las medidas de contención. Con estos elementos aplicados a la situación socio-política que se vivía en Bolivia, logran hacer predicciones acertadas en cuanto a los máximos posibles dependiendo de los comportamiento sociales. El trabajo anterior corresponde a una extensión de lo expuesto por Peñafiel & Ramírez-Ávila (2020a). En el segundo artículo presentado por Vargas, Ghezzi & Ticona-Bustillos (2020), se esboza un modelo basado en autómatas celulares aplicado al crecimiento de poblaciones microbianas, adaptándolo a la propagación de Covid 19 en sistemas cerrados, considerando cinco grupos de interés: individuos sanos (S), vacunados (V), en proceso de incubación (I), enfermos (E) y recuperados (R). Los autores muestran entre sus resultados principales que la movilidad y el aumento de población de individuos en espacios cerrados constituyen los factores relevantes para un contagio masivo. En el tercer artículo, Velarde, Mamani-Paco & Andrade-Flores (2020), integrantes del grupo de física de la atmósfera, presentan los resultados estimados de la probabilidad de contagio de Covid 19 por aerosoles en diferentes ambientes cerrados, a saber: aula, teatro y transporte público, obteniendo como conclusión principal que la ventilación de los ambientes es la manera más simple de reducir la probabilidad de contagio. Finalmente, completa las contribuciones arbitradas el trabajo presentado por Bellot (2020) quien presenta la estimación del número efectivo de reproducción R_t trabajando con el modelo epidemiológico SIR; por otra parte, el autor aconseja el uso de esta cantidad para evaluar el impacto de las medidas de contención en el desarrollo de la pandemia.

En la sección de contribuciones no arbitradas, un estudiante de pregrado de la Carrera de Física, Tejeira (2020) presenta una modificación del modelo SIR incorporando a las personas asintomáticas y hace una comparación de los datos oficiales del número de personas infectadas con los resultados obtenidos a partir del modelo usado.

Esperamos que el contenido de este ejemplar de la RBF sea de su agrado y pueda motivar al lector en la profundización de los trabajos expuestos a través de estas páginas. También invitamos a la comunidad científica a enviar sus trabajos para ser publicados en las diferentes secciones de la RBF.

REFERENCIAS

- Bellot, D. 2020, Revista Boliviana de Física, **37**, 31.
Peñafiel, M.L., & Ramírez-Ávila, G.M. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2008.06345
Peñafiel, M.L., & Ramírez-Ávila, G.M. 2020, Revista Boliviana de Física, **37**, 3.
Tejeira, J.D. 2020, Revista Boliviana de Física, **37**, 41.
Vargas, A., Ghezzi, F. & Ticona-Bustillos, A. R. 2020, Revista Boliviana de Física, **37**, 12.
Velarde, F., Mamani-Paco, R. & Andrade-Flores, M. 2020, Revista Boliviana de Física, **37**, 22.

EDITORIAL

Undoubtedly, the COVID 19 pandemic is causing socio-economic havoc and seriously affecting the health of a large part of the world's population. However, it has also triggered responses from different scientific fields that seek to better understand the phenomenon and its underlying consequences, as well as, to propose solutions to alleviate the crisis generated by this pandemic. Bolivian physicists are no exception and within their different specialities they have dedicated important efforts to contribute to the fight against the pandemic and its aftermath. These have mainly been in the formulation of models that not only pose hypothetical descriptions but also propose solutions based on scientific data/results that decision makers should consider.

Precisely, this new issue of the Bolivian Journal of Physics (RBF), the second of the year 2020 and the 37th in its history, is dedicated to the problem of the CoVid 19 pandemic. The groups of theoretical physics, nonlinear dynamics and complex systems, applied physics and atmospheric physics have contributed to this new edition of the RBF addressing the COVID 19 issue from different perspectives. It is also important to highlight in the papers presented, the leading participation of young professionals in physics, some of them developing their graduate studies in Bolivia and abroad. There is even the work of an undergraduate student who makes his foray into scientific publication.

We are pleased to present the number 37, corresponding to the second issue of the RBF in 2020, in a scenario in which the pandemic continues and even though most of the activities tend to normalize, as scientists we are aware that to reach complete normality, there is still a long way to go and this journey should be characterized by caution and prudence in the face of COVID 19 to avoid the dramatic situations as far as the health system is concerned.

This issue of the RBF presents four scientific articles submitted to international arbitration and one contribution. Regarding the works approved by arbitration, there is a first article in which Peñafiel & Ramírez-Ávila (2020) propose and analyze a compartmental model called SIRASD (Symptomatic Infected-Asymptomatic Infected-Susceptible Recovered-Deaths), in which they introduce factors that account for the behavior of social groups in relation to compliance or non-compliance with containment measures. With these elements applied to the socio-political situation in Bolivia, they were able to make accurate predictions as to the maximum possible peaks depending on social behaviors. The previous work corresponds to an extension of that presented by Peñafiel & Ramírez-Ávila (2020a). In the second article presented by Vargas, Ghezzi & Ticona-Bustillos (2020), a model based on cellular automata applied to the growth of microbial populations is outlined, adapting it to the propagation of COVID 19 in closed systems, considering five groups of interest: healthy, vaccinated, incubating, sick and recovered individuals. Among their main results, the authors show that mobility and the increase in the population of individuals in enclosed spaces constitute the relevant factors for massive contagion. In the third article, Velarde, Mamani-Paco & Andrade-Flores (2020), members of the Atmospheric Physics group, present the estimated results of the probability of COVID 19 infection by aerosols in different closed environments, namely, classrooms, theatres and public transport, obtaining as a main conclusion that the ventilation of environments is the simplest way to reduce the probability of infection. Finally, the refereed contributions are completed with the work presented by Bellot (2020) who presents the estimation of the effective number of R_t reproduction working with the SIR epidemiological model. Furthermore, the author recommends the use / application of this quantity to evaluate the impact of containment measures on the development / spread of the pandemic.

In the non-refereed contributions section, Tejeira (2020) a physics undergraduate student, presents a modification of the SIR model incorporating asymptomatic persons and compares the official data on the number of infected persons with the results obtained from the model used.

We hope that the contents of this issue of the RBF are well received and motivate the reader to further and deepen the work presented. We invite the scientific community to send us their comments and also to send their papers to be published in the different sections of the RBF.

REFERENCIAS

Bellot, D. 2020, *Revista Boliviana de Física*, **37**, 31.

Peñafiel, M.L., & Ramírez-Ávila, G.M. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2008.06345

Peñafiel, M.L., & Ramírez-Ávila, G.M. 2020, *Revista Boliviana de Física*, **37**, 3.

Tejeira, J.D. 2020, *Revista Boliviana de Física*, **37**, 41.

Vargas, A., Ghezzi, F. & Ticona-Bustillos, A. R. 2020, *Revista Boliviana de Física*, **37**, 12.

Velarde, F., Mamani-Paco, R. & Andrade-Flores, M. 2020, *Revista Boliviana de Física*, **37**, 22.

COVID-19 EN BOLIVIA: ESTUDIOS Y CONSECUENCIAS DEL MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIRASD

COVID-19 IN BOLIVIA: STUDIES AND CONSEQUENCES OF THE SIRASD EPIDEMIOLOGICAL MODEL

M. L. PEÑAFIEL[†]

CBPF - Centro Brasileiro de Pesquisas Físicas
Rua Dr. Xavier Sigaud, 150, CEP 22290-180
Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

G. M. RAMÍREZ-ÁVILA^{*}

Instituto de Investigaciones Físicas, Universidad Mayor de San Andrés
Campus Universitario, c. 27 Cota-Cota, Casilla 8635
La Paz, Bolivia

(Recibido 11 de octubre de 2020; aceptado 30 de noviembre de 2020)

RESUMEN

Se analiza el brote epidémico de COVID-19 en Bolivia usando un modelo epidemiológico compartimental que considera una población de infectados asintomáticos capaces de contagiar la enfermedad y, además, etapas temporales donde la transmisión de la enfermedad es variable debido a las diferentes medidas sociales instituidas a lo largo del desarrollo de la epidemia. Para validar el modelo estudiado se hace una estimación para el pico de infecciones usando una función de ajuste que funciona para las curvas epidemiológicas de varios países. Finalmente, se proponen diferentes escenarios sociales en los cuales pueden existir movilizaciones masivas de personas o la eventual imposición de una cuarentena rígida cerca del pico epidémico.

Descriptores: Sistemas Complejos — Sistemas Sociales — Enfermedades

Código(s) PACS: 89.75.-k, 89.65.-s, 87.19.xd

ABSTRACT

We analyze the outbreak of COVID-19 in Bolivia using a compartmental epidemiological model, which first considers a population consisting of infected and asymptomatic individuals, who are potential disease transmitters to susceptible people. Then, different periods, were studied where the infection rate can be either reduced or amplified due to public policies regarding quarantines and the people's engagement of these policies. Furthermore, to validate the model, we estimate a range for the epidemic peak occurrence using a function that fits the epidemic curve of several countries. Finally, we propose and explore different scenarios regarding massive mobilizations of people and an eventual implementation of a quarantine near the epidemic peak.

Subject headings: Complex Systems — Social Systems — Diseases

1. INTRODUCCIÓN

La pandemia de la COVID-19 está teniendo consecuencias catastróficas a lo largo del mundo. Desde la notificación oficial de la detección de una nueva enfermedad ocasionada por un nuevo coronavirus, el mundo en su conjunto ha destinado una gran cantidad de recursos económicos y humanos para tratar de paliar la pandemia de la mejor manera. Más que

destacables son los esfuerzos internacionales para desarrollar una vacuna o tratamiento efectivo para la enfermedad como lo señalan Shih *et al.* (2020) y Alsuliman *et al.* (2020). Es encomiable también el estudio de los mecanismos de contagio del virus y las diferentes proyecciones de contagios existentes basadas en modelos epidemiológicos tales como el de Ndairou *et al.* (2020), entre otros. Por otro lado, es bien sabido que, al no tenerse un método efectivo para reducir los contagios y/o las muertes ocasionadas por la COVID-19, la forma más adecuada de proteger a la población del contagio y de no saturar los diferentes sistemas públicos de salud consiste en im-

[†]Email: mpenafiel@cbpf.br,

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7700-1787>

^{*}<http://www.fiumsa.edu.bo/docentes/mramirez/>,

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4522-9012>

poner períodos de cuarentena en la población como lo mencionan Mitjà *et al.* (2020); es decir, cortar las vías de contagio.

Una pandemia de este tipo exige acciones urgentes por parte de los países afectados y, claramente, los países en desarrollo o subdesarrollados se encuentran en situación de desventaja debido a la falta de recursos económicos y humanos para implementar medidas políticas, económicas y científicas de una manera satisfactoria. La situación de los países latinoamericanos no es la más favorable para contener una epidemia de este tipo y, durante el desarrollo de la pandemia, el continente fue el epicentro de la enfermedad en diversos períodos de tiempo. Bolivia, a pesar de tener una población pequeña en relación con sus vecinos, ha sufrido una de las tasas de letalidad más altas de la región y, durante julio de 2020 se ha visto una situación calamitosa en la sociedad debida a la falta de espacio en hospitales, escasez de pruebas de diagnóstico y hasta falta de oxígeno medicinal.

Además de la falta de preparación del sistema sanitario, una característica alarmante de la sociedad boliviana tiene que ver con el hecho que una fracción significativa de la economía está basada en la informalidad.¹ La informalidad está directamente relacionada con las fuentes de trabajo eventuales y con el comercio en sí mismo; por tanto, los trabajadores del sector informal no gozan de beneficios laborales, entre los cuales se incluye la posibilidad de realizar el trabajo a distancia (o teletrabajo). El éxito de las medidas gubernamentales para asegurar que el contagio en la sociedad se ralentice depende directamente del grado de cumplimiento de las mismas por parte de la sociedad. Así, si una parte de la sociedad no puede cumplir con el mandato del aislamiento físico por razones meramente económicas, se torna muy difícil que dichas medidas sean exitosas, máxime cuando un alto porcentaje de la sociedad no recibe incentivos ni tolerancia para cumplir dichas medidas.

A lo largo de América Latina, se han realizado algunos esfuerzos locales (ver los trabajos de Fiesco-Sepúlveda & Serrano-Bermúdez (2020) y de Caicedo-Ochoa *et al.* (2020), así como las referencias contenidas en los mismos) para poder predecir los picos epidemiológicos tal como lo explican Tsallis & Tirnakli (2020) y explorar diferentes escenarios tanto políticos, económicos (como lo hacen Pires *et al.* (2020)) y de medidas sociales (expuestos por Bastos *et al.* (2020)) que pueden afectar el desarrollo de la enfermedad. Estos trabajos son de particular importancia pues muestran que, realizar un análisis exhaustivo de la realidad local, permite formular una ingeniería social como modo de encontrar las situaciones menos nocivas tanto para la salud pública como para la economía de los países.

Se tiene como objetivo analizar el brote epidémico de COVID-19 en Bolivia usando un modelo epi-

demiológico confiable adaptado a la realidad nacional. Para este propósito se usa el modelo epidemiológico compartimental **SIRASD**, el cual considera que una parte de la población infectada está compuesta por individuos asintomáticos (lo que se corresponde bien con la COVID-19). En la Sec. 2 se revisa brevemente los modelos epidemiológicos compartimentales del tipo **SIR** haciendo especial énfasis en el modelo **SIRASD** utilizado en el presente trabajo; también se calculan los parámetros relevantes para el caso boliviano usando los datos correspondientes a la primera fase (fase temprana) de la propagación de la enfermedad en el país. A manera de poner a prueba el modelo epidemiológico usado, se proponen tres escenarios epidemiológicos correspondientes a la evolución libre y escenarios donde la dinámica social cambia, con períodos de cuarentena rígida alrededor del pico epidémico y con períodos de movilizaciones masivas de personas en distintos momentos de la evolución de la epidemia y con base en lo anterior, se propone un método de ingeniería social a fin de evitar el contagio excesivo y la suspensión prolongada de actividades económicas. En la Sec. 4 se dan las conclusiones y se proponen perspectivas para trabajos futuros. Finalmente, en el Apéndice A, se realiza un ajuste de la curva epidemiológica propuesto por Tsallis & Tirnakli (2020) a fin de estimar la fecha de ocurrencia del pico epidemiológico en el país. Lo anterior se hace con fin de corroborar que las fechas de pico previstas en el modelo epidemiológico coinciden con el ajuste en cuestión, el cual ha demostrado ser efectivo para las curvas epidemiológicas de varios países.

Es importante recalcar que el presente trabajo fue desarrollado antes de la ocurrencia del pico epidemiológico en Bolivia, más concretamente en julio de 2020 y que una versión preliminar del mismo ya fue puesta a disposición por los autores Peñafiel & Ramírez-Ávila (2020).

2. MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

El estudio de enfermedades infecciosas, sean virales o bacterianas, desde un abordaje matemático puede remontarse a los estudios de Daniel Bernoulli sobre la viruela en el s. XVIII como lo apuntan Brauer & Castillo-Chavez (2001). Por ello, se deben construir modelos simples pero que no dejen de reflejar la realidad compleja que tienen este tipo de fenómenos como lo resalta Small (2012). Hoy en día, la mayor parte de modelos epidemiológicos deterministas son llamados *modelos compartimentales*. Los modelos compartimentales dividen la población en diferentes compartimientos, cada uno caracterizado por el estadio infeccioso en el que se encuentra, y deben su formulación inicial a Kermack y McKendrick (Brauer & Castillo-Chavez (2001)). En el modelo de Kermack-McKendrick simplificado (de aquí en adelante llamado modelo **SIR**) se considera un brote epidémico corto y no letal, donde el paso por la enfermedad otorga una inmunidad a la infección (lo que comúnmente ocurre con las infecciones virales). Así, el modelo **SIR** está constituido por tres compar-

¹ Según los datos oficiales del Fondo Monetario Internacional (FMI), en 2018 el 62,3% del Producto Interno Bruto (PIB) de Bolivia dependía de la economía informal como lo destacan Medina & Schneider (2018).

timientos: Susceptibles a enfermarse (**S**), Infectados (**I**) y Recuperados (**R**); y está constituido por el conjunto de ecuaciones diferenciales

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{S}{N} I, \quad (1a)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{S}{N} I - \gamma I, \quad (1b)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I. \quad (1c)$$

En este modelo se considera que la población no cambia durante la epidemia y el número total de individuos en el grupo social está dado por $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$. Los parámetros epidemiológicos β y γ tienen una interpretación inmediata: un número promedio de la población tiene contacto suficiente para contagiarse con β individuos infectados por unidad de tiempo, mientras que los individuos infectados dejan el grupo I (y pasan al grupo R) a una tasa γ .

La epidemiología, al lidiar directamente con las políticas de salud pública, es una disciplina que debe estudiarse tanto cualitativa como cuantitativamente, debe considerar los modelos epidemiológicos más adecuados para el modelaje de la propagación de una enfermedad. Así, los modelos epidemiológicos compartimentales pueden complicarse a requerimiento de la enfermedad estudiada. En la siguiente sección se presenta un modelo que considera una población de infectados asintomáticos, lo que se ha comprobado importante para la diseminación del SARS-CoV-2.

2.1. Modelo **SIRASD**

El modelo epidemiológico compartimental usado en este trabajo toma en cuenta cinco compartimientos para la descripción de la propagación de una enfermedad, así se tienen los compartimientos de Susceptibles, Infectados Sintomáticos, Infectados Asintomáticos, Recuperados y Fallecidos, el modelo es conocido como **SIRASD** por sus siglas en inglés y fue expuesto por Bastos & Cajueiro (2020). Más aún, dadas las particularidades socioeconómicas de los países latinoamericanos, el modelo puede generalizarse para incluir dos poblaciones diferenciadas por su base económica tal como lo plantean Pires *et al.* (2020). La importancia de dividir a la población en dos grupos diferenciados por su sustento económico reside en el simple hecho que una fracción de la población que tiene como base una economía informal es más proclive a no cumplir con las normas de aislamiento y distanciamiento propuestas por los gobiernos locales, pues el estricto cumplimiento de estas normas, en muchos casos, implicaría serias consecuencias económicas para familias sin un sustento económico confiable. Por otro lado, la fracción de la población que vive basada en una economía más formal puede, en principio, cumplir correctamente las políticas gubernamentales para ralentizar los contagios.

El modelo **SIRASD** está dado por el siguiente con-

junto de ecuaciones:

$$\frac{dS_j}{dt} = - \sum_{k=1}^2 \phi_j \phi_k (\beta_A A_k + \beta_I I_k) \frac{S_j}{N}, \quad (2a)$$

$$\frac{dA_j}{dt} = (1-p) \sum_{k=1}^2 \phi_j \phi_k (\beta_A A_k + \beta_I I_k) \frac{S_j}{N} - \gamma_A A_j \quad (2b)$$

$$\frac{dI_j}{dt} = p \sum_{k=1}^2 \phi_j \phi_k (\beta_A A_k + \beta_I I_k) \frac{S_j}{N} - \gamma_I I_j, \quad (2c)$$

$$\frac{dR_j}{dt} = (1-r) \gamma_I I_j + \gamma_A A_j, \quad (2d)$$

$$\frac{dD_j}{dt} = r \gamma_I I_j, \quad (2e)$$

$$\frac{dN_j}{dt} = -2r \gamma_I I_j, \quad (2f)$$

donde S_j representa la fracción de la población que es susceptible a contraer la enfermedad, A_j es la fracción de individuos asintomáticos, I_j la fracción de individuos sintomáticos (que es más propensa a tener un diagnóstico positivo a través de los medios de control usuales), R_j la fracción de la población infectada que llega a recuperarse y D_j es la fracción de la población que acaba falleciendo por la enfermedad, como la fracción de infectados asintomáticos llevan una enfermedad imperceptible, la fracción de fallecidos está compuesta solamente por individuos que previamente formaron parte del grupo de infectados sintomáticos (S_j). El parámetro r está relacionado con la tasa con la que el grupo de infectados sintomáticos (I) pasa al grupo de fallecidos (D). Por otro lado, el parámetro p , específico del modelo **SIRASD**, corresponde a la fracción de la población del grupo de susceptibles que pasa a infectarse y presenta síntomas, por tanto la fracción de la población que pasa a desarrollar una enfermedad asintomática lo hace con una tasa $1-p$. El subíndice j toma en cuenta el grupo social que se está estudiando; consecuentemente, para nuestro caso j puede tomar los valores de 1 o 2. Finalmente, como el sistema dinámico estudiado asume que existe una fracción de la población que muere a raíz de la enfermedad, el número total de componentes del grupo social no será constante a lo largo del tiempo, por tanto se tiene $N(t) = N_1(t) + N_2(t) = \sum_{j=1}^2 (S_j + I_j + A_j + R_j - D_j)$ que lleva a la Ec. (2f). Finalmente, el parámetro ϕ_j representa el grado de no cumplimiento de las medidas de distanciamiento social correspondiente al grupo j (Pires *et al.* (2020)). Nótese que el conjunto de Ecs. (2) toma en cuenta tanto interacciones intragrupalas ($\phi_j \phi_j$) como interacciones intergrupales (entre miembros de grupos diferentes) ($\phi_j \phi_k$, $j \neq k$).

Para poder estimar los parámetros relevantes del modelo, primeramente es necesario usar el modelo más simple denominado **SIRD** (Bastos & Cajueiro (2020)). Este modelo asume que el compartimiento de personas infectadas será único; es decir, no distingue entre infectados sintomáticos y asintomáticos.

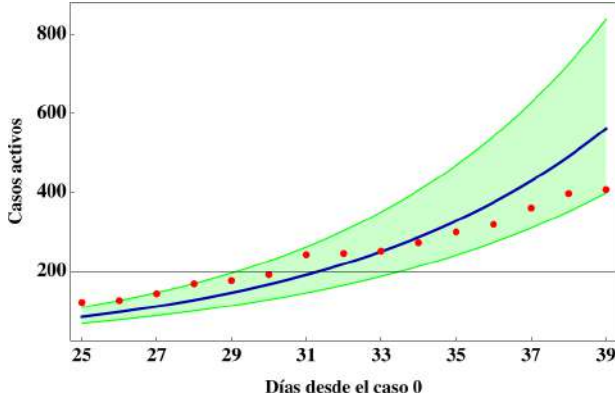


FIG. 1.— Evolución temprana de individuos infectados para los parámetros estimados con el modelo **SIRASD** asumiendo una sola población. Los puntos rojos representan los datos reales para los casos de infecciones activas, la línea azul es la curva de infecciones estimada, mientras que la región verde representa el intervalo de confianza al 95% para los parámetros estimados.

El modelo **SIRD** está dado por un conjunto de ecuaciones similar a las Ecs. (2), con la excepción que el compartimiento A_j es suprimido, al igual que los parámetros correspondientes β_A y γ_A (Bastos & Cajueiro (2020)).

2.2. Escenarios de aplicación del modelo **SIRASD** en Bolivia

En Bolivia, los primeros dos casos de COVID-19 fueron diagnosticados el 9 de marzo de 2020. Casi inmediatamente después, el gobierno determinó ciertas medidas de distanciamiento social como ser la suspensión de clases presenciales a todos los niveles en el país y una cuarentena parcial que consistía en una reducción del horario laboral tanto en establecimientos públicos como privados, así como también la suspensión de eventos deportivos, culturales y religiosos. Sin embargo, a pesar de tener en vigor estas medidas gubernamentales, las aglomeraciones y diversos eventos de contagios potenciales no fueron prohibidas. El conjunto inicial de medidas adoptadas por el gobierno en marzo duró por 13 días, hasta el 22 de marzo. A partir de ese día, una cuarentena rígida fue establecida la cuál, entre otras cosas, solamente permitía la circulación de personas una vez por semana, un horario reducido de apertura de comercios esenciales e instituciones bancarias y una restricción total para el transporte tanto público como privado. Este paquete de medidas fue relajado a partir del inicio de junio de 2020, entrando en un período conocido como *cuarentena dinámica* el cual consistió en una retomada parcial de la actividad económica en la gran mayoría de los sectores.

Para el cálculo de parámetros del modelo epidemiológico estudiado, se asume que las diferentes medidas paliativas para la epidemia son reflejadas en los datos con un retraso de alrededor de dos semanas; por tanto, se realiza la estimación de los parámetros usando los primeros 27 días de datos epidemiológicos.

Para estimar los parámetros relevantes, es necesario resolver el sistema de ecuaciones diferenciales

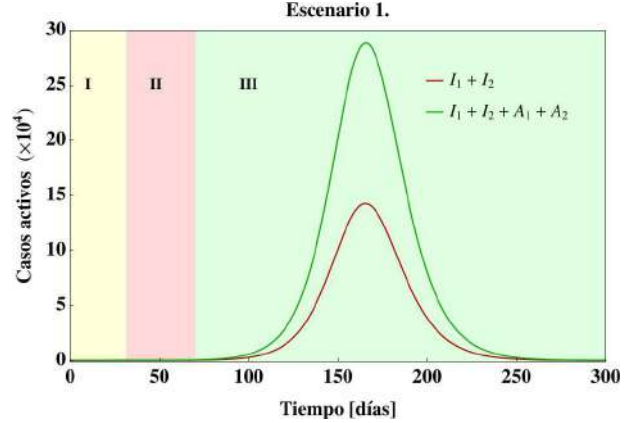


FIG. 2.— Escenario 1. La región I corresponde a $\phi_1 = \phi_2 = 1$, la región II corresponde a $\phi_1 = 0.8$, $\phi_2 = 0.9$ y la región III a $\phi_1 = 0.87$, $\phi_2 = 0.98$.

no lineales para el modelo en cuestión; es decir, las Ecs. (2) para el modelo **SIRASD**) y minimizar el error cuadrático con respecto a los parámetros en cuestión como lo especifican Bastos & Cajueiro (2020). Por tanto, los parámetros estimados con los primeros datos de la epidemia usando el modelo **SIRD**² se obtienen los parámetros $\beta_I \sim 0.457868$, $\gamma_I \sim 0.345233$, $r \sim 0.0677$. Reemplazando estos parámetros en la Ec. (2) podemos calcular el resto de parámetros para el modelo **SIRASD** como $\beta_A \sim 0.437923$, $\gamma_A \sim 0.280624$, $p \sim 0.544546$. La Fig. 1 muestra la curva de infecciones para la evolución inicial de la epidemia para el caso del modelo **SIRASD** con una sola población, adicionalmente se muestran los intervalos de confianza al 95% para estos parámetros. Como el objetivo del presente trabajo no tiene que ver con un seguimiento epidemiológico y sí con una descripción cualitativa de cómo los distintos comportamientos sociales pueden afectar el desarrollo de la epidemia, el resto de figuras de este artículo son presentadas sin los intervalos de confianza.

Queda claro que un paquete de medidas, *a priori*, tan drásticas como la cuarentena rígida impuesta entre marzo y junio no puede ejecutarse por mucho tiempo, más aún considerando la fragilidad del sistema económico boliviano donde según datos del Fondo Monetario Internacional (FMI), alrededor del 62,3% de la población vive con base en una economía informal. Así, puede considerarse que estas medidas de cuarentena rígida efectivamente dejaron de ser respetadas en el país antes del relajamiento de la misma.

Con el fin de evaluar y analizar el comportamiento de la epidemia en Bolivia según el modelo epidemiológico en cuestión, se exploraron tres diferentes escenarios de comportamientos sociales:

1. La evolución libre de las curvas epi-

² Por simplicidad se asume que durante el inicio de la epidemia, dada la precariedad del sistema de salud, el miedo de la población y la falta de pruebas y laboratorios, todos los infectados detectados fueron sintomáticos. Por tanto, el modelo relevante para el inicio de la epidemia es el modelo **SIRD**.

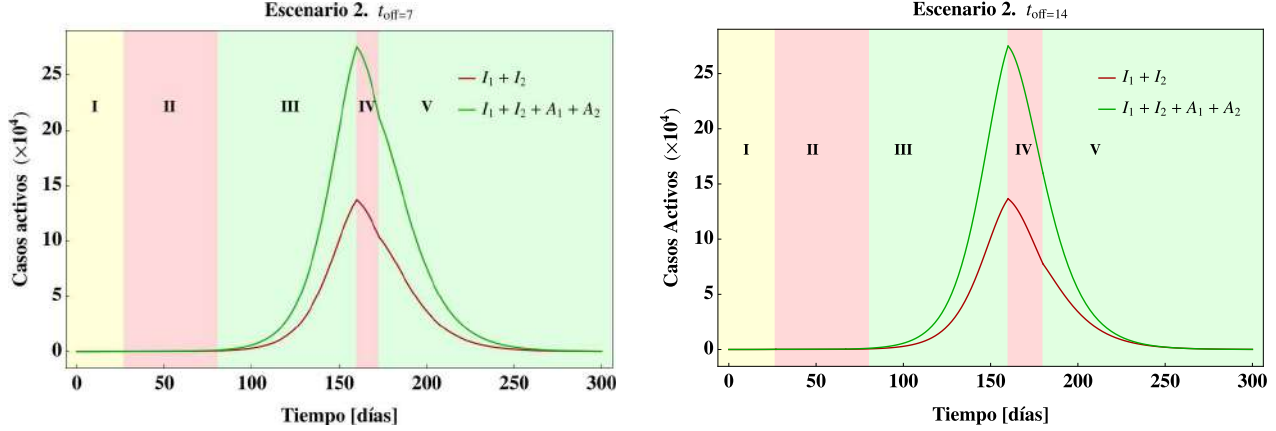


FIG. 3.— (Izquierda) Escenario 3 con $t_{\text{off}} = 7$. Para los parámetros escogidos para la región **IV** existe una bajada sustancial en el número de casos a lo largo de esta etapa. (Derecha) Escenario 3 con $t_{\text{off}} = 14$, para esta configuración no existe un segundo pico de infecciones después de la región **IV**. Para ambos casos se tiene $t_{\text{in}} = 160$.

demográficas, donde la región **I** comprende los primeros 27 días de la epidemia con $\phi_1 = \phi_2 = 1$; la región **II** engloba el período de cuarentena rígida en el país, es decir del día 27 hasta el día 67, y se fijan los parámetros de no cumplimiento de normas de aislamiento social a $\phi_1 = 0.8$, $\phi_2 = 0.9$. Finalmente, la región **III** comprende el resto de la evolución de la epidemia, donde se adoptan normas laxas de aislamiento social y distanciamiento físico, para este período se fijan $\phi_1 = 0.87$, $\phi_2 = 0.98$.

2. El escenario donde las medidas de aislamiento social, o cuarentena rígida, son impuestas cerca del pico epidemiológico y las mismas son levantadas en un determinado tiempo, t_{off} , después del pico (de la misma forma que en Pires *et al.* (2020)). La regiones **I** y **II** son determinadas por los mismos valores que en el escenario 1, mientras que la región **III** termina el día de ingreso en una nueva cuarentena, determinado por $t_{\text{in}} = t_{\text{peak}} - n$, $n \in \mathbb{N}$ con $t_{\text{peak}} = 166$. La región **IV** comienza en t_{in} y termina el día t_{off} , con t_{in} y t_{off} pudiendo ser valores variables. Finalmente, la región **V** comienza en t_{off} y dura hasta el final de la evolución de la epidemia. Los valores de ϕ_j para las tres primeras regiones son los mismos que los usados para el escenario 1, mientras que para la región **IV** se toman $\phi_1 = 0.85$, $\phi_2 = 0.94$ y para la región **V** se tienen $\phi_1 = 0.9$, $\phi_2 = 0.95$.

3. El escenario electoral, considerando dos fechas de ocurrencia de las elecciones nacionales: el día 6 de septiembre (que corresponde al día 181), y el día 18 de octubre (que corresponde al día 223 de la epidemia) y no se adopta ningún tipo de política extraordinaria de distanciamiento social durante el pico epidemiológico. Un evento democrático tal como una elección nacional implica movilizaciones masivas no sólo durante el día de las elecciones sino durante los días previos a la realización de las mismas, ya sea por actos proselitistas, de protesta, etc. Por lo anterior, se considera

que las movilizaciones masivas ($\phi_1 = \phi_2 = 1$) comienzan una semana antes de las elecciones y terminan una semana después de las mismas. Para este escenario se tiene que las regiones **I** y **II** son las mismas que en los escenarios anteriores y la región **III** abarca hasta el día 174 para los comicios en septiembre (y 216 para los comicios en octubre); para la región **IV** se fija $\phi = 1$ y dicha región llega hasta el día 188 para septiembre (y 230 para octubre). Finalmente, en la región **V** se recuperan los valores de ϕ para la región **III**, y dicha región dura hasta el final de la evolución de la epidemia.

3. RESULTADOS

La población inicial de Bolivia es fijada en $N_0 = 11677580$. Para resolver el conjunto de ecuaciones (2) se considera la siguiente condición inicial para el compartimiento de susceptibles $S_0^{(j)} = f_j N_0 - A_j(0) - I_j(0) - R_j(0) - D_j(0)$. De acuerdo con la información divulgada por el Ministerio de Salud, se tienen las condiciones iniciales $I_1(0) = 2$, $A_1(0) = 2$ y para el resto de compartimientos se fija la condición inicial igual a cero. El parámetro f_j representa la fracción de la población que pertenece a determinado grupo social j ; por tanto, para el caso estudiado se tiene $1 = f_1 + f_2$. De acuerdo con la información disponible, se consideran $f_1 = 0.38$ y $f_2 = 0.62$ para el caso de Bolivia, asumiendo que el grupo 2 consiste exclusivamente de la fracción de la población que vive con base en una economía informal, de acuerdo con los datos oficiales del FMI como lo señalan Medina & Schneider (2018).

El escenario 1 está mostrado en la Fig. 2. este escenario muestra un comportamiento muy similar al comportamiento de los datos *oficiales* para los casos notificados³. En este escenario, asumiendo que los parámetros epidemiológicos se mantienen constantes durante la epidemia, el pico epidemiológico está proyectado para ocurrir alrededor del día 166 (i.e., alrededor del 22 de agosto). Esta proyección

³ Para una información actualizada acerca del estado de la epidemia en Bolivia ver el sitio <https://www.boliviasegura.gob.bo>

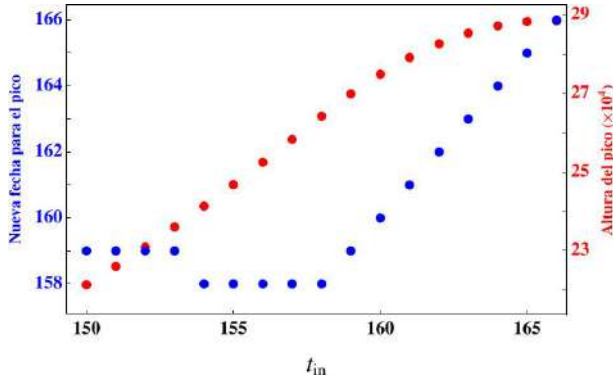


FIG. 4.— Dependencia de la altura del pico y del día de ocurrencia del mismo con respecto a t_{in} .

para el pico también coincide con el rango de fechas para la ocurrencia del pico usando un ajuste de curvas basado en una función q -exponencial en el Apéndice A, al igual que con la información oficial divulgada sobre las proyecciones del Ministerio de Salud de Bolivia.

Diferentes configuraciones para t_{off} en el escenario 2 con $t_{in} = 160$ se muestran en la Fig. 3. Para los valores escogidos para el parámetro ϕ en la región IV en este escenario, es posible ver que el pico epidémico del escenario 1 es evitado y también el pico puede ser adelantado para ocurrir antes del pico inicial predicho en el escenario 1. La Fig. 4 muestra este comportamiento, donde se varía la fecha de inicio de una cuarentena rígida alrededor del pico y se muestra que tanto la fecha del pico como la altura del mismo pueden ser disminuidos al variar el tiempo de inicio de la cuarentena rígida, t_{in} . De hecho, para el escenario estudiado es posible desarrollar una ingeniería social para instituir una cuarentena optimizada. Por ejemplo, en la Fig. 4 existe un día óptimo para el inicio de la cuarentena rígida, donde el pico epidémico ocurre antes del pico inicial sin medidas sociales y existe una reducción considerable en el número de casos activos durante el pico, lo que constituiría una ventaja tanto para el sistema de salud - al tener menos casos que atender y, por ende, una mayor posibilidad de atenderlos - y para la economía, pues se permitiría un tiempo menor de cuarentena rígida y se tendría así una reapertura del comercio más temprana. Para el caso de la Fig. 4 tal valor óptimo para el inicio de una cuarentena rígida es $t_{in} = 152$.

Más aún, una vez determinado el tiempo óptimo para el inicio de una cuarentena antes del pico epidémico, puede analizarse el comportamiento de las curvas epidemiológicas una vez que la cuarentena ha sido relajada en un determinado tiempo t_{off} . La Fig. 5 muestra el comportamiento de la curva de infectados cuando se varían el día de inicio de la cuarentena, t_{in} , y el día del fin de la misma, t_{off} . Para t_{in} en cualquier momento existe una disminución significativa en el número de individuos infectados en los días posteriores. Por otro lado, para t_{off} muy cerca del inicio de la cuarentena (es decir, para cuarentenas cortas), existe la posibilidad de la ocurrencia de un segundo pico de infecciones; mientras que un se-

gundo pico puede evitarse alargando la duración de la cuarentena.

El escenario de la elección nacional es mostrado en la Fig. 6. Para el caso en el que las elecciones nacionales se hubiesen llevado a cabo el 6 de septiembre, las movilizaciones populares antes, durante y después del evento democrático hubiesen inducido la ocurrencia de un segundo pico epidémico casi inmediatamente después del primero. Este tipo de comportamiento, aparte del hecho innegable de la sobresaturación del deficiente sistema de salud, hubiera podido conducir a una situación incontrolable desde el punto de vista del manejo de la enfermedad. Evidentemente, el haber descartado la mencionada fecha para la realización del plebiscito fue una decisión acertada. Por otro lado, la reprogramación del acto electoral para el 18 de octubre no tuvo mayores repercusiones tal como lo mostraron nuestros resultados. Este comportamiento se debe principalmente al hecho que el día de la elección estuviese programado para ocurrir bastante lejos del pico epidémico, con la consecuente menor incidencia en lo que a personas infectadas se refiere (sean estas sintomáticas o asintomáticas) movilizadas el día de los comicios. Las lecciones aprendidas de las últimas elecciones nacionales pueden coadyuvar a la toma de decisiones adecuadas en otros procesos electorales que deben realizarse en fechas alejadas del pico epidémico. Obviamente, el tener un acto electoral casi inmediatamente después del pico epidémico es una acción totalmente descabellada como lo mostraron los resultados de este trabajo, así como la evidencia empírica de lo acontecido en las elecciones.

4. CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS

Las particularidades socioeconómicas de la sociedad boliviana juegan un papel importante en la dinámica de la epidemia. Como alrededor del 62% de la economía está basada en el trabajo informal, i.e. en una economía regida por el *día a día*, el éxito de cualquier medida de distanciamiento físico depende fuertemente en el compromiso con el cumplimiento de estas normas por parte del segundo grupo social en cualquier momento de la epidemia.

Se mostró que la imposición de una cuarentena rígida en cualquier momento de la epidemia puede afectar la dinámica de la misma. Más aún, es posible evitar pasar por un pico epidémico a través de un diseño cauteloso de políticas de distanciamiento físico que incluyan el fortalecimiento de los recursos públicos destinados a la lucha y control de la epidemia y el comprometimiento general de la población para obedecer las normas de distanciamiento físico. Este tipo de medidas sociales puede tener efecto en el retraso del pico epidemiológico, lo cual sirve para preparar el sistema de salud para así lidiar con situaciones de saturación del propio sistema.

Se debe notar que los parámetros estimados en la Sec. 2 toman en cuenta solamente los primeros 27 días de la epidemia en Bolivia. En el país, las medidas de distanciamiento físico fueron impues-

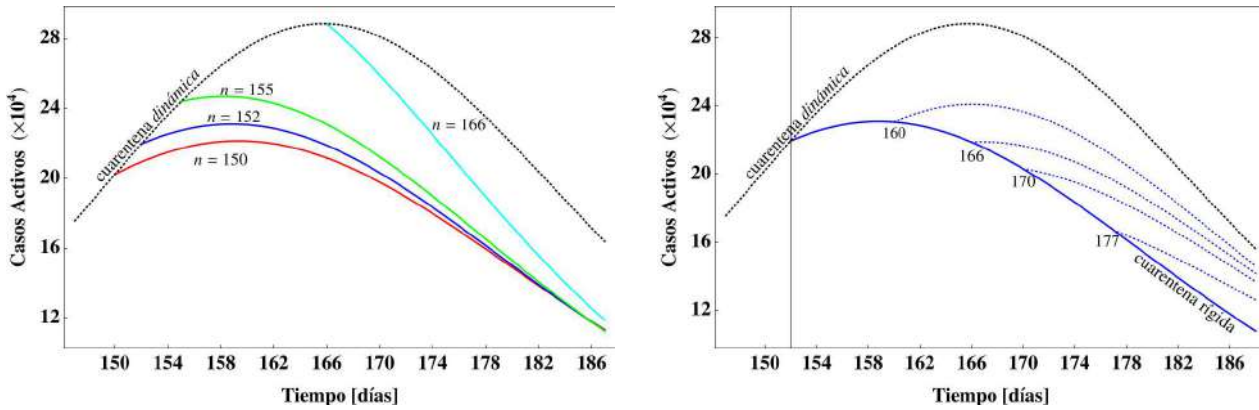


FIG. 5.— (Izquierda) Gráfica de diferentes fechas de inicio de una cuarentena rígida en el tiempo t_{in} , la línea punteada representa el escenario sin cuarentena impuesta y con restricciones parciales a las actividades económicas (cuarentena dinámica). (Derecha) Situación donde una cuarentena rígida es impuesta el día 152 y levantada en un determinado t_{off} . Puede observarse que para ciertos t_{off} existe un segundo pico epidemiológico.

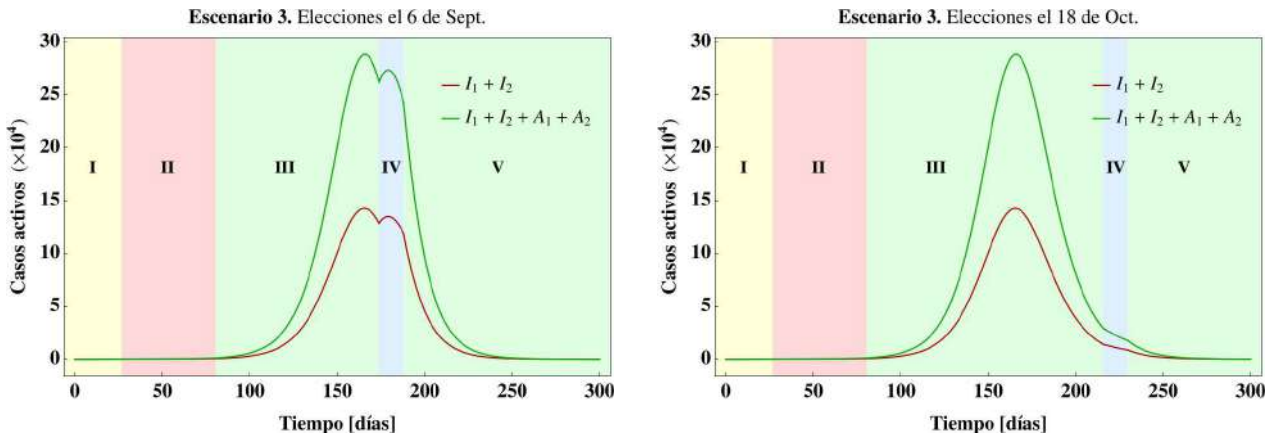


FIG. 6.— (Izquierda) Escenario 3 para la ocurrencia de elecciones nacionales el día 6 de septiembre. Debido a las movilizaciones masivas durante este evento, existe un segundo pico de infecciones. (Derecha) Escenario 3 para las elecciones nacionales el día 18 de octubre. Se puede observar que, debido a las movilizaciones masivas, la desescalada de casos se ralentiza.

tas muy temprano en el desarrollo de la epidemia; por lo tanto, los parámetros estimados no toman en cuenta una evolución totalmente libre para la enfermedad, sino que representan los parámetros estimados para medidas sociales leves de atenuación de la epidemia en la fase temprana (cierre de establecimientos educativos, horario laboral reducido) junto con algunas actividades no reguladas durante este período (aglomeraciones en transporte público, eventos culturales, etc.). Este hecho afecta el resto de la evolución para el modelo epidemiológico presentado en la Sec. 2, pues se fija $\phi = 1$ al inicio de la epidemia, que representa la situación social-epidemiológica en marzo de 2020 y cualquier otro escenario con $\phi < 1$ describe una situación en la cual las medidas de distanciamiento físico y la adopción de las mismas son más estrictas que en la fase inicial de la epidemia.

En lo referente al escenario electoral, se mostró que durante una epidemia, la mejor fecha posible para el desarrollo de elecciones corresponde a un tiempo lejano del pico epidémico. En el caso analizado aquí, y con base en los parámetros estimados (los cuales ofrecían proyecciones confiables para julio de 2020), el pico era esperado para ocurrir alrededor de mediados de agosto. Es necesario enfatizar que

este escenario podría haber cambiado drásticamente debido al comportamiento social en el interín. Por tanto, el pico podría fácilmente ser movido para ocurrir antes o después del día esperado; incluso, con las debidas medidas sociales, el pico podría ser reducido.

La amplia heterogeneidad de los ambientes y las distintas acciones paliativas llevadas a cabo a lo largo del país implican que cada una de las regiones de Bolivia posee un dinámica particular para el desarrollo de la epidemia. Sin embargo, la evidencia numérica obtenida en el presente trabajo muestra que el comportamiento general de los brotes epidémicos puede ser alterado con la imposición de medidas de distanciamiento físico en cualquier momento de la epidemia. Sin embargo, queda claro que el tener una cuarentena rígida alrededor del pico epidémico debido a la sobrecarga del sistema de salud en este período de tiempo. Es necesario resaltar que las medidas sociales no pueden ni deben ser implementadas individualmente, pues si no vienen acompañadas de medidas adecuadas para la preparación del sistema de salud - tanto desde el punto de vista paliativo como de control epidemiológico -, la ingeniería de medidas sociales para asegurar que las personas pertenecientes al grupo

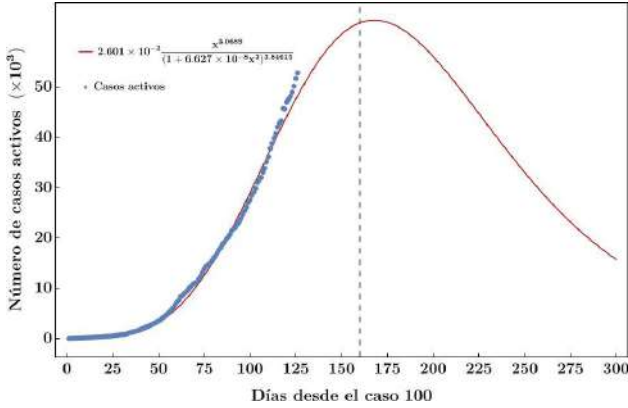


FIG. 7.— Datos oficiales para los casos activos en Bolivia hasta el 11 de julio. El ajuste corresponde a la función propuesta por Tsallis y Tirkakli. De acuerdo con este ajuste, el pico de infecciones era esperado para ocurrir en el día 160 de infección, es decir el 5 de septiembre.

social basado en economía informal puedan mantener una adecuada cuarentena, etc. la efectividad de las mismas puede ser drásticamente reducida.

Es necesario destacar que las fechas estimadas para la ocurrencia del pico según los parámetros para la diseminación de la enfermedad en una etapa temprana y los valores para ϕ propuestos en la Sec. 2 coinciden con los datos oficiales divulgados por el Ministerio de Salud donde el pico epidémico se dio, efectivamente, el 22 de agosto; lo que otorga validez al modelo epidemiológico estudiado en el presente trabajo como un modelo adecuado para el estudio de la COVID-19 y ofrece credibilidad a las conclusiones del mismo. Sin embargo, estamos concientes que una predicción exacta de la evolución de la pandemia es por el momento tarea imposible tal como lo señala adecuadamente Manrubia (2020) debido a que es un sistema muy complejo, en el cual los parámetros están variando continuamente y es fuertemente sensible a aspectos tales como los comportamientos sociales, factores político y económicos e incluso a aspectos migratorios y estacionales.

Respecto de futuros desarrollos del presente trabajo, se pretende generalizar el modelo estudiado para tomar en cuenta diferentes grupos etarios, imponiendo distintas medidas de aislamiento social a cada uno de los grupos, medida conocida coloquialmente como *cuarentena vertical*. Por ejemplo, los datos oficiales muestran que a lo largo de la etapa temprana de la epidemia la mayor parte de los casos reportados (y por ende, de las muertes) correspondían a personas mayores. Por otro lado, la situación epidemiológica a mediados de julio (después de haber retomado las actividades económicas gradualmente), la mayor parte de los casos correspondían a personas en edad laboral. Finalmente, dadas las últimas evidencias acerca de la duración de la inmunidad a esta nueva enfermedad y las sucesivas pruebas de casos de reinfección, se pretende incorporar el efecto de reinfección en el modelo.

AGRADECIMIENTOS

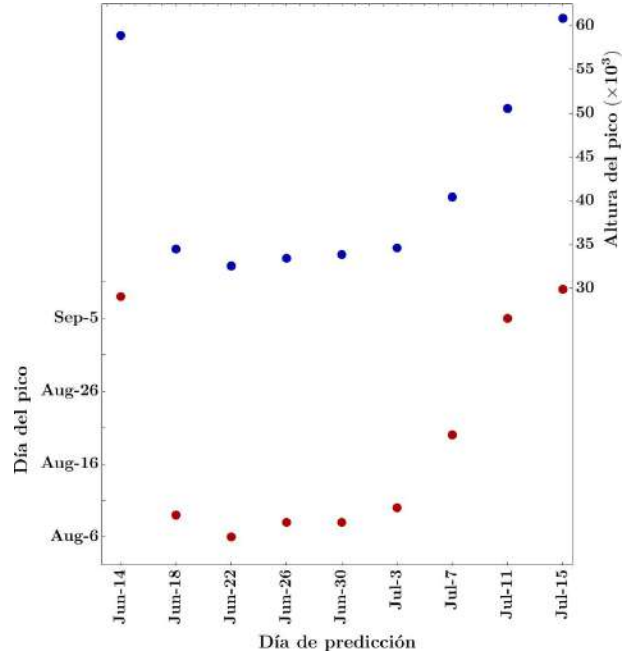


FIG. A1.— Proyecciones para la fecha del pico de casos activos y su altura correspondientes a los datos disponibles hasta una fecha determinada (en el eje de las abscisas).

MLP agradece el apoyo financiero de la Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), Brasil.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no hay conflicto de intereses con respecto a la publicación de éste documento.

APÉNDICE

A. AJUSTE DE LOS DATOS BOLIVIANOS

El primer caso de COVID-19 en Bolivia fue diagnosticado el 9 de marzo de 2020 según lo reportan Escalera-Antezana *et al.* (2020) y, hasta el 12 de julio, las autoridades sanitarias locales detectaron un total de 47200 casos positivos. Los autores Tsallis & Tirkakli (2020), inspirados por un modelo originalmente formulado para el mercado accionario, propusieron, con el objetivo de pronosticar la ocurrencia de picos epidemiológicos, una función analítica que se ajusta a diversas curvas epidemiológicas *completas*⁴ en países tales como China, Corea del Sur, Francia, etc. Así, Tsallis y Tirkakli proponen la siguiente forma funcional para el comportamiento de los casos activos de COVID-19

$$N = C \frac{(x - x_0)^\alpha}{(1 + (q - 1)\bar{\beta}(x - x_0)\bar{\gamma})^{1/(1-q)}}, \quad (\text{A1})$$

donde $C > 0$, $\alpha > 0$, $\bar{\beta} > 0$, $\bar{\gamma} > 0$, $q > 0$ y x representa el tiempo en días desde el primer caso medido. La Ec. (A1) es conocida como una función *q-exponencial*. Los parámetros en (A1) son interpre-

⁴ Nótese que esta función, al igual que los modelos epidemiológicos compartimentales usuales, se ajusta solamente a un “ciclo” epidemiológico, es decir, no puede aplicarse para la proyección de segundas ondas o rebotes de la enfermedad.

tados, respectivamente, como: (C, x_0) parámetros tri-
 viales que dependen de la cantidad de población del
 lugar y el día inicial del brote epidémico con res-
 pecto a los datos de China⁵ respectivamente; $(q, \bar{\gamma})$
 son parámetros específicos para la enfermedad, los
 cuales pueden contener información sobre aspectos
 biológicos del virus y su propagación y, según los di-
 versos brotes analizados, pueden considerarse uni-
 versales, siendo $q \approx 1.26$ y $\bar{\gamma} \approx 3$ (ver Tsallis & Tir-
 nakli (2020)). Finalmente, el conjunto de parámetros
 (α, β) toma en cuenta las particularidades de la
 transmisión de la enfermedad en los locales anali-
 zados, estas particularidades pueden incluir las di-
 versas políticas de distanciamiento social implemen-
 tadas, un control y seguimiento epidemiológico ade-
 cuado a las personas infectadas por parte de las au-
 toridades como también aspectos ambientales par-
 ticulares que podrían influenciar tanto en la propa-
 gación de la enfermedad como en la gravedad de
 la misma (ver Arias-Reyes *et al.* (2020); Soliz *et al.*
 (2020)).

La Fig. 7 muestra los datos oficiales casos activos

ajustados con la función mostrada en la Ec. (A1).
 Los parámetros relevantes para este ajuste son: $C = 2.601 \times 10^{-2}$, $\alpha = 3.0689$, $\beta = 2.5492 \times 10^{-7}$, mien-
 tras que el par $(\bar{\gamma}, q) = (3, 1.26)$ fue fijado de acuerdo
 a los parámetros obtenidos para la China, pues el
 estado de la epidemia el 11 de julio estaba lejos de
 completar un primer ciclo. Puede observarse que el
 ajuste realizado con la propuesta de Tsallis y Tir-
 nakli coincide con los datos disponibles. Obviamente,
 la precisión para dicho ajuste de parámetros mejora
 a medida que una mayor cantidad de datos está
 disponible para realizar el ajuste. Por tanto, a ma-
 nera de prueba, es posible realizar el ajuste para
 diferentes conjuntos de datos y calcular tanto la al-
 tura del pico epidémico como el día de ocurrencia del
 mismo. La Fig. A1 muestra dicho cálculo para dife-
 rentes conjuntos de datos disponibles. De acuerdo
 con el ajuste realizado con la función de Tsallis-
 Tirkakli para los datos disponibles hasta julio, el pico
 epidemiológico en Bolivia estaba esperado para ocu-
 rrir entre las fechas [Ago-6, Sep-6], lo cual coincidía
 con la información divulgada por las autoridades lo-
 cales en ese momento.

REFERENCIAS

- Alsuliman, T., Alasadi, L., Alkharat, B., Srour, M., & Alrstom, A. 2020, *Current Research in Translational Medicine*, **68**, 93
- Arias-Reyes, C., Zubieta-DeUrioste, N., Poma-Machicao, L., Aliaga-Raduan, F., Carvajal-Rodriguez, F., Dutschmann, M., Schneider-Gasser, E. M., Zubieta-Calleja, G., & Soliz, J. 2020, *Respiratory Physiology & Neurobiology*, **277**, 103443
- Bastos, S. B. & Cajueiro, D. O. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2003.14288
- Bastos, S. B., Morato, M. M., Cajueiro, D. O. & Normey-Rico, J. E. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2006.15268
- Brauer, F. & Castillo-Chavez, C. 2001, *Mathematical models in population biology and epidemiology* (New York: Springer)
- Cabo Bizet, N. G. & Cabo Montes de Oca, A. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2004.11352
- Caicedo-Ochoa, Y., Rebellón-Sánchez, D. E., Penaloza-Rallón, M., Cortés-Motta, H. F., & Méndez-Fandiño, Y.-R. 2020, *International Journal of Infectious Diseases*, **95**, 316
- Crokidakis, N. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2003.12150
- De Falco, I., Della Cioppa, A., Scafuri, U., & Tarantino, E. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2004.00553
- Escalera-Antezana, J. P., Lizon-Ferruffino, N. F., Maldonado-Alanoca, A., Alarcón-De-la Vega, G., Alvarado-Arnez, L. E., Balderrama-Saavedra, M. A., Bonilla-Aldana, D. K., Rodríguez-Morales, A. J., & LANCOVID. 2020, *Travel Medicine and Infectious Disease*, **35**, 101653
- Fiesco-Sepúlveda, K. Y. & Serrano-Bermúdez, L. M. 2020, *PeerJ*, **8**, e9332
- Georgiou, N., Delfabbro, P., & Balzan, R. 2020, *Personality and Individual Differences*, **166**, 110201
- González, R. E. R. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2004.01295
- Manrubia, S. 2020, *Physics*, **13**, 166
- Medina, L. & Schneider, F. 2018, Shadow Economies Around the World: What Did We Learn Over the Last 20 Years?, *IMF Working Papers* **18/17**, International Monetary Fund
- Mitjà, O., Arenas, À., Rodó, X., Tobias, A., Brew, J., & Benlloch, J. 2020, *The Lancet*, **395**, 1193
- Ndairou, F., Area, I., Nieto, J. J., & Torres, D. F. 2020, *Chaos, Solitons & Fractals*, **135**, 109846
- Peñafiel, M. L. & Ramírez-Ávila, G. M. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2008.06345
- Pires, M. A., Crokidakis, N., Cajueiro, D. O., Argollo de Menezes, M., & Duarte Queirós, S. M. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2005.09019
- Shih, H.-I., Wu, C.-J., Tu, Y.-F., & Chi, C.-Y. 2020, *Biomedical Journal*, **43**, 341
- Small, M. 2012, *Dynamics of biological systems* (Boca Raton: Chapman & Hall/CRC)
- Soliz, J., Schneider-Gasser, E. M., Arias-Reyes, C., Aliaga-Raduan, F., Poma-Machicao, L., Zubieta-Calleja, G., Furuya, W. I., Trevizan-Baú, P., Dhingra, R. R., & Dutschmann, M. 2020, *Respiratory Physiology & Neurobiology*, **279**, 103476
- Tsallis, C. & Tirkakli, U. 2020, *Frontiers in Physics*, **8**, 217
- Weill, J. A., Stigler, M., Deschenes, O., & Springborn, M. R. 2020, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **117**, 19658
- Zhou, X., Mulay, A., Ferrara, E., & Zafarani, R. 2020, arXiv e-prints, arXiv:2006.05557

⁵ Como x_0 representa un desplazamiento en el origen de la epidemia en el lugar, por simplicidad puede tomarse $x_0 = 0$.

MODELO DE AUTÓMATA CELULAR PARA LA PROPAGACIÓN DE COVID-19 A CELLULAR AUTOMATON MODEL FOR THE SPREAD OF COVID 19

ALEJANDRA VARGAS[†], FLAVIO GHEZZI, & ARMANDO R. TICONA-BUSTILLOS

Instituto de Investigaciones Físicas, Universidad Mayor de San Andrés
Campus Universitario, c. 27 Cota-Cota, Casilla de Correos 8635
La Paz - Bolivia

(Recibido 26 de noviembre de 2020; aceptado 10 de diciembre de 2020)

RESUMEN

En este trabajo se emplea el método de autómatas celular para simular la propagación del Covid-19, en sistemas pequeños, considerando cinco grupos de interés: individuos sanos, expuestos, infectados, recuperados y también los vacunados; no se toman en cuenta los individuos asintomáticos y los decesos, por representar un porcentaje bajo. Uno de los parámetros más relevantes en el sistema es la movilidad, esto hace referencia a la cantidad de individuos que se desplazan en el sistema al mismo tiempo. Variando los niveles de movilidad en un sistema, comprobamos que mientras menor sea esta, el pico máximo de contagio, es alcanzado de manera más lenta y con un valor menor de contagios, en comparación al caso en el que toda la población se mueve al mismo tiempo, lo cual es bastante importante para no tener un sistema de salud colapsado. El sistema en el que se tiene individuos vacunados muestra mejores resultados que el caso de la restricción de movilidad. Por último, también se modela un sistema de tamaño único y constante, siendo la variable la población. Como era de esperar, esta parte del modelo demuestra la importancia del distanciamiento social, ya que en sistemas con muchos individuos en espacios pequeños y cerrados, el pico máximo de contagio se alcanza en tiempos más breves, que en sistemas con pocos individuos.

Descriptor: Técnicas computacionales — caminos aleatorios — enfermedades.

Código(s) PACS: 02.70.-c, 05.40.Fb, 87.19.xd

ABSTRACT

In this paper we use the cellular automaton method to simulate the spread of Covid-19 in small systems. Five groups of interest are considered: healthy, exposed, infected, recovered and vaccinated individuals. Asymptomatic individuals and deaths are not taken into account as they represent a low percentage of the population. One of the most relevant parameters in the system is mobility, which refers to the number of individuals moving in the system at the same time. By varying the levels of mobility in the system, we saw that the lower the mobility, the slower it was to reach the peak of contagion and the lower the number of contagions compared to the case in which the entire population moves at the same time, which is quite important in order to avoid a collapsed health system. The system with vaccinated individuals showed better results than the mobility restriction case. Finally, a one-size-fits-all, constant-size system is also modelled in which results showed the variable being the population. As expected, this part of the model demonstrates the importance of social distancing, since in systems with many individuals in small enclosed spaces, the maximum peak of contagion is reached in shorter times than in systems with fewer individuals.

Subject headings: Computational techniques — random walks — diseases.

1. INTRODUCCIÓN

Los últimos meses el mundo ha enfrentado a un enemigo común, el SARS-CoV-2 (Síndrome Respiratorio Agudo Severo Coronavirus 2), más conocido como Covid-19, mismo que tuvo origen en la ciudad de Wuhan en China e inició desde el mes de diciembre del 2019. En marzo del 2020 se declaró que al brote del Covid-19 como pandemia debido a

que este se extendió en el mundo en pocos meses como lo señala la Organización Mundial de la Salud (2020). Esta enfermedad infecciosa, se trasmite de persona a persona, a través de gotitas respiratorias producidas por la persona infectada. A partir de ello, los gobiernos de diferentes países han tenido que poner en práctica diferentes estrategias de mitigación para controlar la pandemia, generando distanciamiento social, restringiendo los viajes nacionales e internacionales, cuarentenas rígidas,

[†]avargas@fcpn.edu.bo

aislamientos y confinamientos que podían reducir efectivamente la posibilidad de contacto humano como se cita en Ghosh & Bhattacharya (2020), Bohórquez et al. (2020) y Gutiérrez-Aguilar et al. (2020). Estas medidas de restricción contribuyen a que la propagación del virus sea más paulatina; sin embargo, conlleva a algunos problemas psicológicos, sociales y económicos tal como lo menciona en su artículo Loch (2020). Una solución más efectiva pero a largo plazo, es la vacuna contra el Covid-19. Actualmente, varios países se encuentran en diferentes fases de desarrollo de esta vacuna (Medina et al. 2020)

Los modelos basados en agentes o autómatas celulares, adquirieron relevancia al intentar modelar el comportamiento de la propagación de epidemias en redes complejas, teniendo una capacidad de generar dinámicas que reproducen los procesos tradicionales, basados en la difusión, siendo capaces de reproducir fenómenos que son complejos desde el punto de vista de la dinámica determinista no lineal como se menciona en Banisch (2016).

Los modelos estocásticos basados en agentes o autómatas celulares son una alternativa a los modelos basados en ecuaciones diferenciales. Estos son modelos discretos de carácter individual, que describen sistemas espaciales dinámicos en los que el estado de cada celda depende de los estados previos de las celdas vecinas, de acuerdo con un conjunto de reglas de transición descrito en Fresnadillo Martínez et al. (2013).

Se han realizado algunas adaptaciones de modelos basados en agentes, ajustados a condiciones de la actual epidemia producida por el Covid-19 en diferentes regiones como se muestra en Echeverri et al. (2020), Aguilera (2006) y Cano & Rojas (2016), esto para observar la evolución de esta enfermedad en sistemas cerrados o aislados, en los que interviene principalmente la movilidad de la población; como también para estimar los efectos de una cuarentena rígida, flexible o en el peor de los casos un sistema sin ninguna restricción.

En la presente investigación se adapta un modelo de crecimiento microbiano a la propagación de la epidemia en sistemas cerrados, empleando cinco grupos de interés: vacunados (V), sanos (S), incubando (I), enfermos (E) y recuperados (R). Esto permite caracterizar la evolución en el tiempo y el espacio en proporción a la cantidad de individuos en los distintos grupos de interés mencionados, teniendo en cuenta diferentes condiciones de movilidad del sistema. No obstante, este modelo no contempla los individuos asintomáticos, ni tampoco los decesos en el sistema, debido a que los porcentajes de estos individuos son pequeños, comparado con los otros grupos de interés hasta la actualidad como se señala en Cruz et al. (2020).

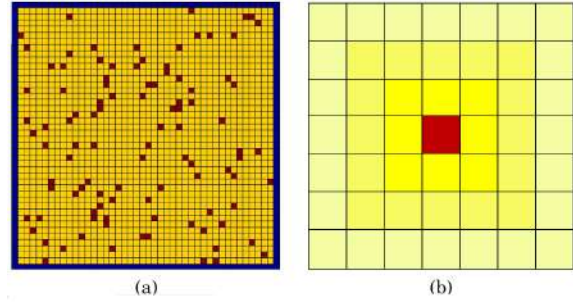


FIG. 1.— (a) Matriz cuadrática $L \times L$, las celdas azules corresponden a las paredes, las celdas amarillas son espacios vacíos y las celdas rojas son individuos. (b) Un individuo en una posición (i,j) (en rojo) y sus 48 vecinos cercanos.

El artículo está estructurado de la siguiente manera: En la Sec. 2, se plantea un modelo describiendo la propagación de la epidemia, del cual se tienen tres variantes, una de las cuales tiene en cuenta la variación de movilidad en el sistema, la segunda considera además porcentajes de población vacunada y la siguiente considera un espacio de tamaño constante en el que se varía la cantidad de población dentro del sistema. La dinámica resultante para los modelos es expuesta en la Sec. 3. Las implicaciones de los resultados se discuten en la Sec. 4 y finalmente en la Sec. 5 se expresan las conclusiones y perspectivas de esta investigación.

2. MODELO

Para modelar el espacio – temporal de la epidemia se propone un modelo dinámico basado en autómatas celulares, debido a que estos modelos ayudan a representar resultados macroscópicamente complejos, al tiempo que se basa en interacciones locales que dependen de la interacción de una multitud de individuos como se manifiesta en Echeverri et al. (2020), Aguilera (2006) y Cano & Rojas (2016).

Siendo la base de esta investigación un modelo capaz de caracterizar las transiciones de fase de gas – líquido en redes bidimensionales, mediante el comportamiento de las colisiones en función al número de partículas y las características de los cúmulos formados por las mismas, modelo que fue validado, modificado y adaptado para determinar la propagación de la epidemia en sistemas cerrados.

2.1. Modelo en el que varía la movilidad del sistema

El modelo adaptado para la propagación de la epidemia, utiliza una autómata celular que consiste en una matriz cuadrada $L \times L$, que tiene seis estados: $-2, 0, 1, 'm', 'n'$ y $> n$ como se observa en la Tabla 1.

La matriz estará definida inicialmente vacía $A(i,j) = 0$, con sus respectivas paredes $A(i,j) = -2$. Posteriormente se sortean aleatoriamente las posiciones iniciales para cada individuo dentro de la matriz, teniendo las siguientes posibilidades: $A(i,j) = 1, A(i,j) = m, A(i,j) = n, A(i,j) \geq n$, tal como se observa en la Fig. 1(a).

TABLA 1
ESTADOS DE INTERÉS PARA LAS SIMULACIONES

Representación	Estado	Representación	Estado
-2	Paredes de la matriz	-2	Paredes de la matriz
0	Espacio vacío	0	Espacio vacío
1	Individuos sanos (S)	1	Individuos vacunados (V)
m	Individuos que incuban la enfermedad (I)	2	Individuos sanos (S)
n	Individuos enfermos con síntomas (E)	m	Individuos que incuban la enfermedad (I)
$> n$	Individuos recuperados (R)	n	Individuos enfermos con síntomas (E)
		$> n$	Individuos recuperados (R)

Dónde $m = 2, \dots, 5$ y $n = 6, \dots, 30$ Dónde $m = 3, \dots, 5$ y $n = 6, \dots, 30$

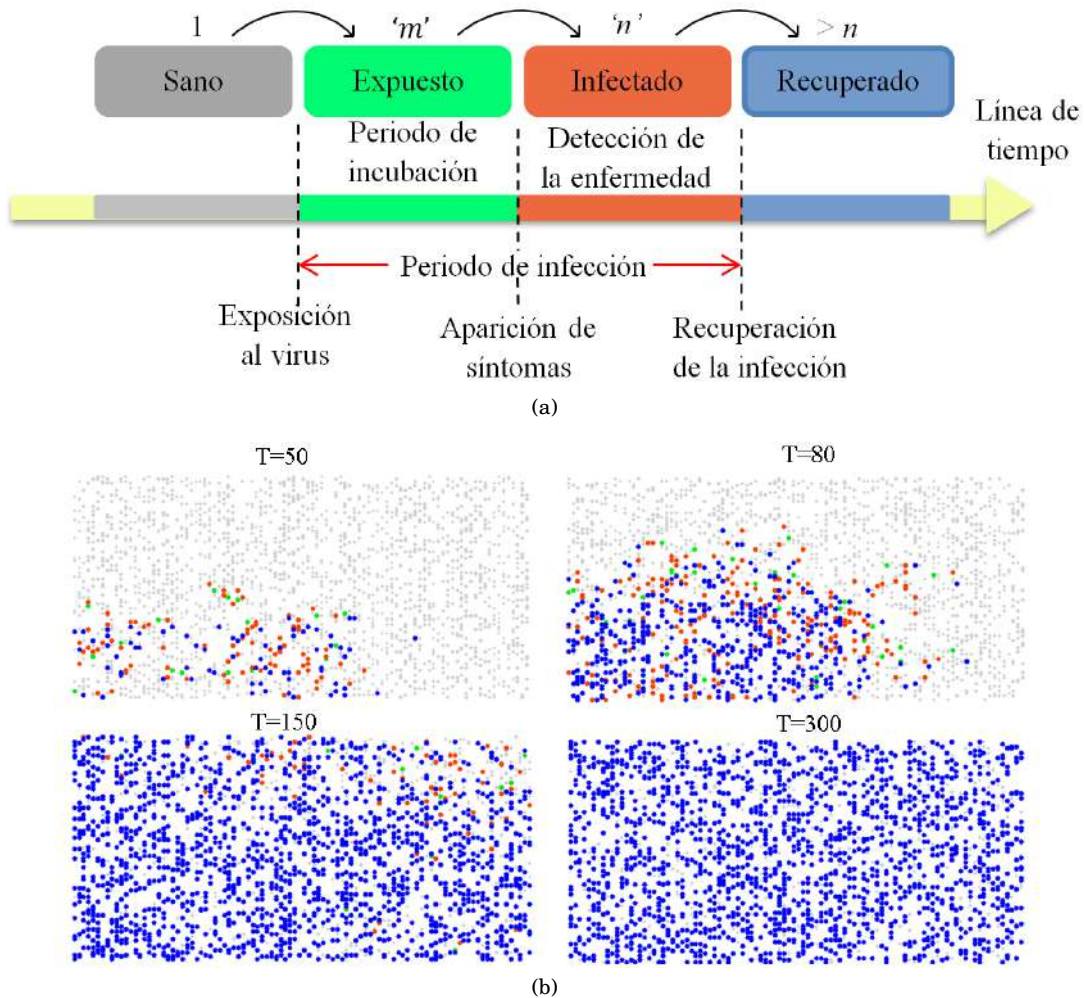


FIG. 2.— (a) Los individuos plomos representan la población (S), los verdes la población (I), los rojos la población (E) y los azules corresponden a la población (R). A) Esquema de la dinámica de transmisión de enfermedad. (b) Evolución temporal de la red superficial durante la propagación de la infección en la población.

El estado de un individuo en una etapa estará dado por $A_{(i,j)}^{(t)}$, que dependerá del estado de los individuos vecinos en etapas anteriores. En el modelo se considera que para un tiempo “ t ”, un individuo puede tener una interacción con sus 8, 16 o 48 vecinos cercanos, es decir que puede moverse a su primera, segunda y tercera vecindad a cada paso de la simulación, donde las tres posibilidades son equiprobables como se observa en la Fig. 1(b). El desplazamiento de

una sola posición produce una dinámica muy lenta que no representa correctamente la movilidad de los individuos que queremos estudiar en el presente caso.

El modelo tiene 4 grupos de interés ((S), (I), (E) y (R)) para todos los individuos de la matriz; inicialmente todos los individuos están sanos, posteriormente en el tiempo “ $t=0$ ” algunos individuos se exponen a la infección.

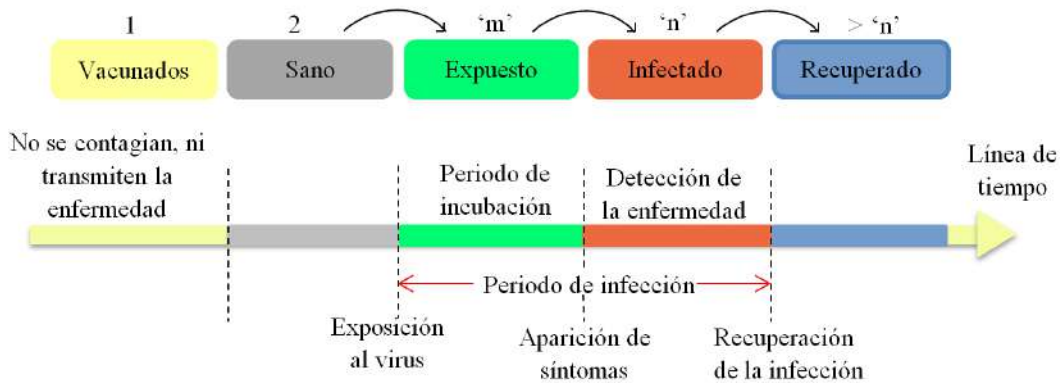


FIG. 3.— Esquema de la dinámica de transmisión de enfermedad. Los individuos amarillos corresponden a la población (V), los plomos representan la población (S), los verdes la población (I), los rojos la población (E) y los azules corresponden a la población (R).

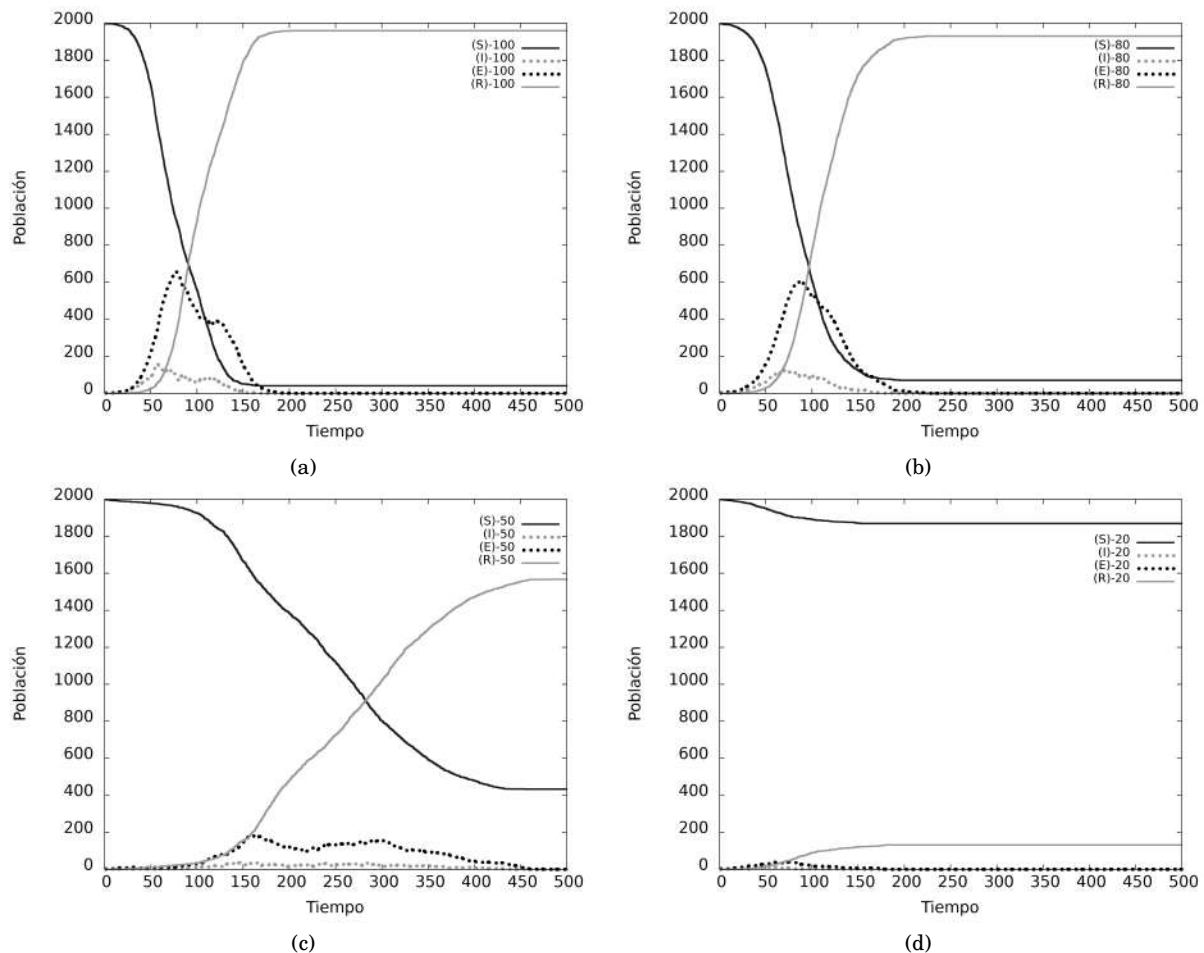


FIG. 4.— Dinámica del modelo con individuos $N=2000$, en una matriz de $L=100$, variando la movilidad de la población (100, 80, 50 y 20%).

Todos los individuos se mueven bajo el efecto del caminante aleatorio y pueden desplazarse hasta la tercera vecindad para un solo tiempo. Si la posición sorteada para un individuo enfermo (E) corresponde a la posición de un individuo sano (S) recién este se infecta (no hay contagio por proximidad solo por interacción directa). Por otro lado si un individuo

sano (S), tiene una interacción directa con uno enfermo (E) este también se contagia. Una vez que un individuo se contagie, existe un periodo de incubación denominado ' m ', tiempo en el cual el individuo es capaz de contagiar (' m ' es el periodo de incubación para el Covid-19, que corresponde a 5.2 días, tiempo en el cual el individuo está enfermo, pero no presenta síntomas como se expone en Wang

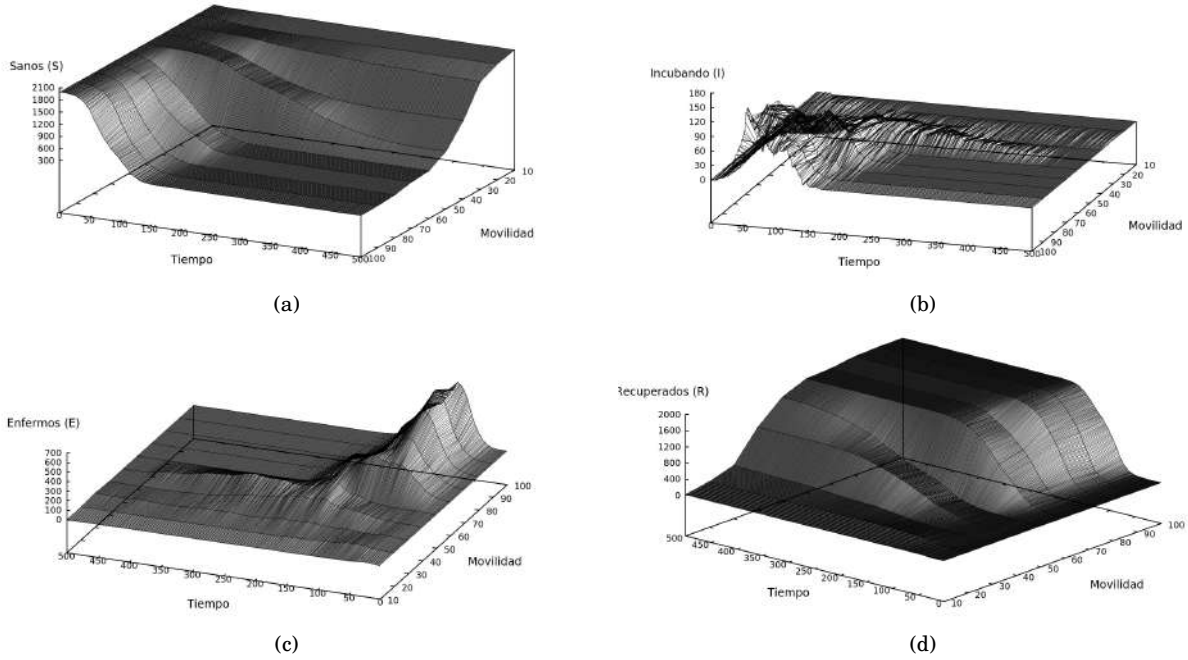


FIG. 5.— Los cuatro grupos de interes (sanos, incubando, enfermos y recuperados) , variando la movilidad de la poblaci3n.

et al. (2020)), Fig. 2.

El modelo contempla diferentes condiciones de movilidad del sistema. Es decir podemos variar en el sistema la cantidad de individuos que se mueven o se quedan en reposo. En el peor escenario se considera que el 100% de los individuos se mueve al mismo tiempo. Sin embargo, para poder observar la evoluci3n temporal de la epidemia en regiones con cuarentena se redujo la movilidad del sistema hasta tener solo un 10% de poblaci3n en movimiento.

2.2. Modelo en el que se consideran individuos vacunados

Este modelo a~ade el estado de ‘individuo vacunado’ dentro de la matriz $L \times L$, teniendo siete posibles estados: -2 , 0 , 1 , 2 , 3 , $'m'$, $'n'$ y $>' n'$ (Tabla 1). Para realizar esta simulaci3n, consideramos que la vacuna introducida en nuestro sistema es 100% efectiva y que una vez que un individuo es vacunado, este no puede contraer nuevamente la enfermedad tal como se observa en la Fig. 3.

En este modelo variamos el porcentaje de individuos vacunados en el sistema para observar la relaci3n que existe con el pico m~aximo de contagios.

2.3. Modelo en el que se tiene un espacio constante y se var~a la cantidad de individuos

Este modelo emplea los mismos grupos de inter3s de la Tabla 1, la diferencia es que ahora en vez de variar la movilidad del sistema se cambia la cantidad de individuos, llenando cada vez m~as la matriz $L \times L$.

La informaci3n obtenida de las tres variantes del modelo es presentada en la siguiente secci3n, dejando para la Sec. 4 la discusi3n de las mismas.

3. RESULTADOS

3.1. Variaci3n de la movilidad en el sistema

Para modelar el sistema utilizamos diferentes coeficientes de movilidad, fijamos el tama~o del sistema y la cantidad de individuos (usando un porcentaje de 20%). En el primer caso consideramos que el 100% de los individuos se mueve dentro de nuestra red bidimensional al mismo tiempo. En el segundo caso se mueve el 80% de la poblaci3n, quedando el otro 20% en reposo. En la Fig. 4(c) se observa que se mueve solo la mitad de la poblaci3n (50%) y en la Fig. 4(d) ~unicamente se mueve el 20% de la poblaci3n total.

Podemos observar que existen variaciones considerables entre los sistemas con mayor y menor movilidad en los cuatro grupos de inter3s (sanos, incubando, enfermos y recuperados), por lo cual la Fig. 5 muestra esta variaci3n desde 10% hasta 100%.

Las variaciones que generan los diferentes grados de movilidad en el sistema se comprueban al realizar la medida del desplazamiento cu~adratico medio para cada caso, lo cual muestra que el sistema se encuentra funcionando de la manera adecuada.’

La evoluci3n temporal para los cuatro sistemas en los cuales var~a la movilidad se muestra en la Fig. 6.

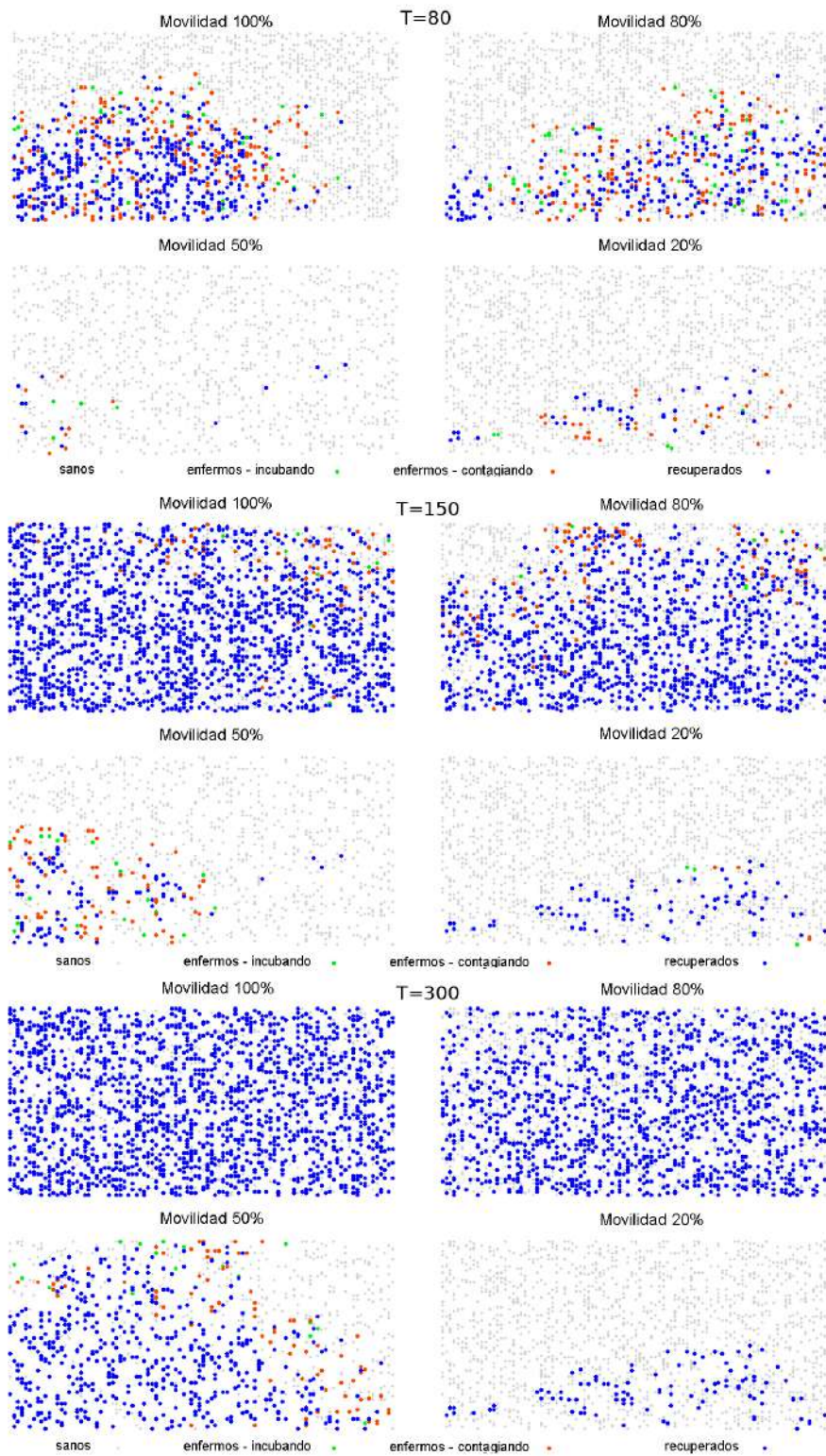


FIG. 6.— Evolución temporal de la red superficial durante la propagación de la infección en la población para diferentes porcentajes de movilidad en el sistema.

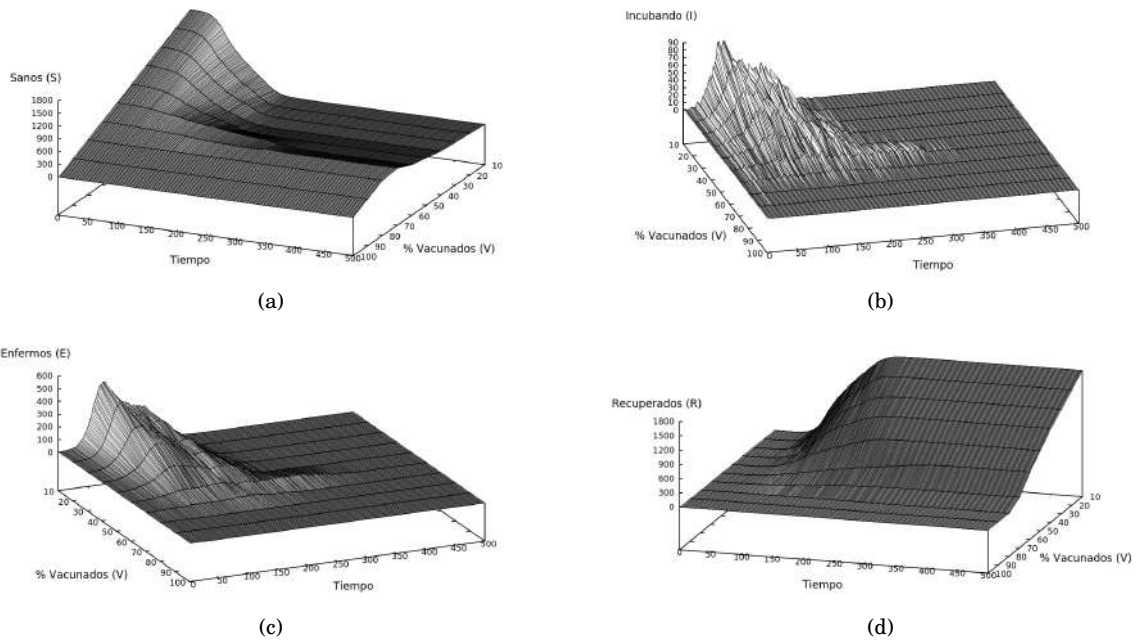


FIG. 7.— Dinámica del modelo con individuos $N=2000$, en una matriz de $L=100$, variando el porcentaje de individuos vacunados (0% - 100%).

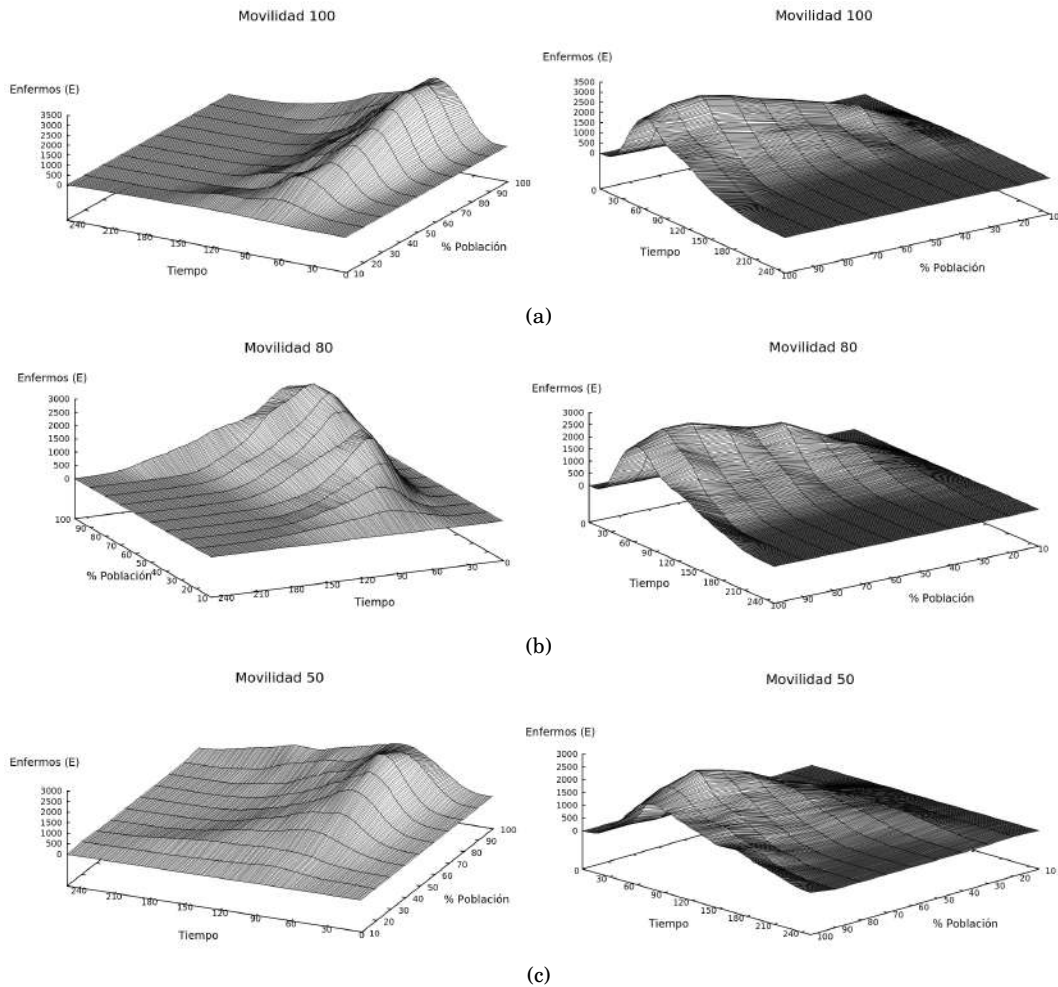


FIG. 8.— Las tres gráficas muestran la cantidad de enfermos que hay en el sistema en función del tiempo y de la variación de la población en el sistema para tres movilidades diferentes (50, 80 y 100 %).

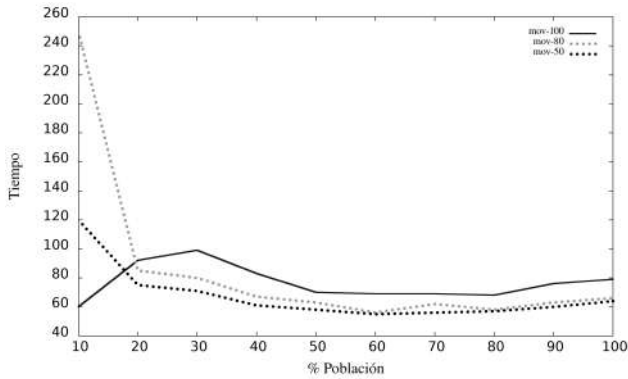


FIG. 9.— Tiempo del sistema para alcanza el pico máximo de contagio para cada población, en función de la población total en el sistema, para diferentes movilidades (100, 80, 50%).

3.2. Variación del porcentaje de individuos vacunados en el sistema

En este modelo se mantuvo la movilidad del sistema al 100% (es decir todos los individuos se mueven al mismo tiempo) y se vario la cantidad de individuos vacunados desde 0% hasta 100%, Fig. 7.

3.3. Variación de la población en el sistema

En este escenario el modelo tiene un tamaño constante $L = 100$, pero se cambia el número de individuos y la movilidad del sistema, Fig. 8.

Con ayuda de estas gráficas, podemos calcular en que tiempo el sistema alcanza el pico máximo de contagio para cada población (variando la población desde el 10% hasta el 100%) y realizamos una curva para cada movilidad, como se observa en la Fig. 9.

Los comentarios de cada una de las figuras se dejan para la siguiente sección, describiendo las tres variaciones del modelo: movilidad, inclusión de población vacunada y variación de población en un sistema de tamaño constante.

4. DISCUSIÓN

4.1. Acerca de la variación de movilidad en el sistema

El sistema se enfoca en superficies pequeñas ocupadas con el 20% de habitantes. Los resultados de la Fig. 4, muestran que sistemas con mayor movilidad presentan picos de enfermedad elevados en tiempos menores, en relación a los sistemas con menor movimiento.

En la Fig. 4(a) tenemos un sistema en el que todos los habitantes se mueven al mismo tiempo y el resultado es que el pico de enfermedad es del 33% en función a la población total; este es un sistema catastrófico debido a que ningún sistema de salud podría soportarlo. En la Fig. 4(b), solo el 80% de los individuos se mueven en el sistema y el resto permanece en reposo, en este escenario el pico máximo de contagios corresponde al 30% de la

población, valor aun elevado para cualquier sistema de salud. En la Fig. 4(c) la movilidad del sistema es del 50% y el pico de enfermedad corresponde al 9% de la población total, obteniendo un valor menor a los escenarios anteriores, mismo que todavía es elevado para un sistema de salud. Finalmente, la Fig. 4(d) tiene una movilidad del 20% de la población en el sistema, alcanzando el pico de enfermedad a un 2% de la población total, demostrando que a menor movilidad, menor el porcentaje de contagios.

Se puede comprobar los resultados de las Fig. 4 observando la evolución temporal del sistema en la Fig. 6, en la cual se observa las variaciones temporales para los cuatro casos de movilidad. Efectivamente los sistemas de movilidad del 100% y el de 20% muestran los escenarios con mayor disparidad para un mismo tiempo. En el caso de movilidad del 100% la mayoría de los habitantes ya enfermaron y recuperaron de la enfermedad para un $T = 80$, sin embargo, en el caso del 50% ni la mitad de la población se encuentra infectada en $T = 80$, finalmente el caso de 20% de movilidad muestra una población ya recuperada en su totalidad en $T = 200$ con una baja tasa de contagios.

Se observa que la variación temporal para las gráficas de la Fig. 5, que representan movilidades del 100% y 80% de la población, no exponen una diferencia sustancial, como los sistemas de 50% y 20% de movilidad. En la Fig. 5(a) se alcanza el pico a los 90 pasos, para la Fig. 5(b) se llega al pico a los 80 pasos, en la Fig. 5(c) el pico se alcanza a los 160 pasos y en la Fig. 5(d) llegamos al pico de contagio a los 80 pasos. Este último resultado, corresponde a un sistema en el que se elimina rápidamente el contagio debido a la baja movilidad del sistema, lo cual es bastante ideal.

Por lo mencionado, se demuestra en el sistema utilizado que cuando existe una menor interacción entre los individuos de una población, la misma sufre una tardía infección y de esta manera el sistema de salud puede actuar eficazmente contra la baja cantidad de enfermos, siendo esta la finalidad de las medidas de restricción impuestas en las diferentes regiones del mundo, sin embargo la desventaja de la menor movilidad es que el pico de contagio se extiende durante un periodo de tiempo mayor que los diferentes escenarios.

4.2. Acerca de la variación de individuos vacunados en el sistema

Una mejor alternativa a los sistemas de restricción es proporcionar una vacuna a la población. Los resultados de la Fig. 5(c) muestran que para el sistema con 50% de movilidad el contagio máximo es del 9% de la población, sin embargo en el sistema con vacunas, Fig. 7, observamos que si el 50% de la población está vacunada el pico de contagios es del 7%. De la misma forma para el sistema con una

movilidad de 20% el contagio máximo obtenido es de 2%, mientras que en el caso en el que el 20% de la población no está vacunada el contagio máximo es de 0,02%. Efectivamente el resultado del sistema que considera la vacuna es más eficiente que el sistema que varía la movilidad. También se observa que la reducción del pico máximo de enfermos, es lineal en función a la cantidad de individuos vacunados en el sistema.

4.3. *Acerca de la variación de la población en el sistema*

En el sistema utilizado es posible variar el número de individuos que hay en la matriz, esto con la finalidad que el sistema pueda adaptarse a las nuevas disposiciones tomadas por los distintos gobiernos, entre ellas: reabrir los establecimientos de recreación, ferias y fronteras.

En la Fig. 9, se muestra un gráfico donde se cambia la cantidad de individuos en el sistema y se evidencia los tiempos en que se alcanza el pico con ayuda de la Fig. 8(a), (b) y (c). Podemos observar que cuando la población es menor, el tiempo en el que se llega al pico también es menor a comparación de un sistema lleno. Asimismo, observamos algo interesante en la primera parte del gráfico, en sistemas donde la población es pequeña y la movilidad reducida (Fig. 9, caso del 50% de movilidad), la enfermedad desaparece rápidamente. Este es un sistema ideal, debido a que la población cumple con un distanciamiento social riguroso, cumple con las medidas de cuarentena y además se tiene un número de individuos pequeño (Fig. 9, para poblaciones de 10, 20 y 30%). Sin embargo para sistemas más reales (poblaciones mayores), la simulación confirma la importancia del distanciamiento social, debido a que para sistemas con mayor movilidad y mayor población los tiempos en los que se alcanza el pico son menores.

5. CONCLUSIONES

Resultados obtenidos en el modelo de autómatas celulares para la propagación del Covid-19 muestran que los dos factores más relevantes para un contagio masivo, son la movilidad de una población y el incremento de habitantes en lugares cerrados. En el modelo se utilizó cinco grupos de interés, descartando la mortalidad, debido a la baja tasa que esta presenta, comparado con los otros grupos de interés en la investigación, lo cual modificaría únicamente los valores de la población recuperada, disminuyendo este último un porcentaje mínimo.

En sistemas donde la movilidad de los habitantes es reducida, se alcanza el pico de contagio en un periodo de tiempo similar al caso de máxima movilidad; lo cual no implica que sean iguales, debido a que el porcentaje de población infectada para ese tiempo no es la misma. En el caso de movilidad reducida, el modelo muestra que se elimina rápidamente la propagación del virus y que no toda la población consigue infectarse, sin embargo en el caso de movilidad máxima, más del 95% de la población contrae la enfermedad. Estos son los dos escenarios extremos, el primero en el que se acata una cuarentena rígida y solo el 10% de la población se mueve con bastante distanciamiento frenando la propagación rápidamente, y el segundo caso en el que no se toma ninguna medida de restricción y todos los habitantes salen al mismo tiempo. Los casos más reales corresponden a los valores intermedios de movilidad, 50%, 40% y 30% de movilidad, observando que el contagio se da paulatinamente; otorgando un plazo idóneo al sistema de salud, con el objeto de evitar el colapso de los mismos, equipar nosocomios y controlar la propagación de la pandemia.

Por otro lado el segundo factor de interés es la cantidad de habitantes en espacios cerrados, si tenemos muchos habitantes en espacios cerrados y pequeños, los niveles de contagio son mayores que en el caso de espacios con pocos habitantes ya que en el primer sistema, los individuos estarán en contacto continuo un determinado tiempo, en cambio en el segundo caso la probabilidad de contagio es menor debido al distanciamiento que se genera al tener pocos habitantes.

Por último una alternativa más eficiente que las restricciones de movilidad y el distanciamiento social es implementar una vacuna 100% eficaz en una población. Si se vacuna al 50% de la población el pico máximo de contagios no llegaría a colapsar los centros médicos y los resultados son aún más favorables si se llega a vacunar a la mayoría de la población. Según los resultados obtenidos, vacunar al 70% de la población eliminaría casi por completo este problema ya que el pico de contagio máximo sería del 2% dejando sin relevancia ya los sistemas de restricciones.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece profundamente a Bryan Vargas, quien contribuyó con un código para la elaboración de videos en gnuplot.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no hay conflicto de intereses con respecto a la publicación de este documento.

REFERENCIAS

- Aguilera, F. 2006, GeoFocus. Revista Internacional de Ciencia y Tecnología de la Información Geográfica, 81
- Banisch, S. 2016, Markov Chain Aggregation for Agent-Based Models (Springer International Publishing)
- Bohórquez, S. J. C., Deisy Marcela Muñoz Morales, Arrieta, C. A. R., Prieto, A. T. Z., Alarcón, O. M. G., & Unidad Investigación Usta. 2020

- Cano, A. & Rojas, Á. 2016, UNIÓN. Revista Iberoamericana de Educación Matemática, 46, 33
- Cruz, M. P., Santos, E., Cervantes, M. V., & Juárez, M. L. 2020, Revista Clínica Española
- Echeverri, M. G., Cabrera, A. M., & Echeverri, P. G. 2020, Tecnológicas, 23, 129
- Fresnadillo Martínez, M. J., García-Sánchez, E., García-Merino, E., del Rey, Á. M., & García-Sánchez, J. E. 2013, Revista Española de Quimioterapia, 26
- Ghosh, S. & Bhattacharya, S. 2020, Applied Soft Computing, 96, 106692
- Gutiérrez-Aguilar, R., Córdova-Lepe, F., Muñoz-Quezada, M. T., & Gutiérrez-Jara, J. P. 2020, Medwave, 20, e7871
- Locht, C. 2020, Anaesthesia Critical Care & Pain Medicine, 39, 703
- Medina, R. M., Jaramillo-Valverde, L., et al. 2020 Organización Mundial de la Salud. 2020, [https://www.who.int/es/news/item/27-04-2020-who-timeline—
covid-19](https://www.who.int/es/news/item/27-04-2020-who-timeline-covid-19)
- Wang, C., Pan, R., Wan, X., Tan, Y., Xu, L., Ho, C. S., & Ho, R. C. 2020, International Journal of Environmental Research and Public Health, 17, 1729

ESTIMACIÓN DE LA PROBABILIDAD DE CONTAGIO DE COVID-19 POR AEROSOLES EN AMBIENTES CERRADOS: APLICACIONES A CASOS EN LA CIUDAD DE LA PAZ, BOLIVIA
ESTIMATION OF THE PROBABILITY OF CONTAGION OF COVID-19 BY AEROSOLS IN CLOSED ENVIRONMENTS: APPLICATIONS TO CASES IN THE CITY OF LA PAZ, BOLIVIA

FERNANDO VELARDE, RUBÉN MAMANI-PACO, & MARCOS ANDRADE-FLORES[†]

Instituto de Investigaciones Físicas, Universidad Mayor de San Andrés
Campus Universitario, c. 27 Cota-Cota, Casilla de Correos 8635
La Paz - Bolivia

(Recibido 30 de noviembre de 2020; aceptado 20 de diciembre de 2020)

RESUMEN

Desde la llegada del coronavirus SARS-CoV-2 las entidades de salud publicaron recomendaciones para evitar el contagio de la COVID-19 asociada a dicho virus. Las más importantes están relacionadas con evitar el posible contagio a través de superficies contaminadas (fómites) y la deposición de gotículas de saliva en ojos, nariz o boca. Evidencia observacional y teórica, sin embargo, sugiere que en ambientes cerrados la forma más importante de contagio está relacionada a aerosoles respiratorios infecciosos. En este trabajo se usa un modelo matemático para estimar la probabilidad de contagio por estos aerosoles en ambientes cerrados. Este modelo se aplica a tres casos: un aula de clases, un teatro y vehículos de transporte público de la ciudad de La Paz, Bolivia. Los resultados muestran que la probabilidad de contagio de la COVID-19 depende fuertemente del tiempo de exposición (duración de los eventos) y la ventilación de los ambientes. A mayor duración y menor ventilación mayor la probabilidad de contagio. Adicionalmente, se midió la concentración de dióxido de carbono como un proxy de la calidad de aire, en términos de la concentración de aerosoles, y para establecer niveles de ventilación de algunos de los ambientes cerrados estudiados. Los resultados del modelo aplicado al aula de clases indican que la probabilidad de contagio en caso de una clase de dos horas y que el instructor fuera un portador asintomático es del orden de 10%, mientras que para el caso del teatro la probabilidad de contagio es del orden del 25% para la función estudiada. Finalmente, en el caso de los minibuses, el medio de transporte público más usado en Bolivia, la probabilidad de contagio para viajes de 60 minutos, oscila entre 19% y 97% dependiendo del número de pasajeros que estén infectados (entre uno a seis en este estudio) y, fundamentalmente, de la ventilación que depende, a su vez, de si las ventanas del vehículo están cerradas o abiertas. La conclusión más importante del estudio indica que ventilar ambientes es la acción más importante para reducir el riesgo de contagio de la COVID-19 en ambientes cerrados.

Descriptor: Aerosoles — enfermedades — probabilidad de contagio.

Código(s) PACS: 42.68.Jg, 87.19.xd, 02.50.-r

ABSTRACT

Since the arrival of the SARS-CoV-2 coronavirus, health entities published recommendations to avoid the spread of COVID-19. The most important ones are related to avoiding possible contagion through contaminated surfaces (fomites) and the deposition of saliva droplets in the eyes, nose or mouth. However, observational and theoretical evidence suggests that in closed environments the most important form of contagion is related to infectious respiratory aerosols. In this work a mathematical model is used to estimate the probability of contagion by these aerosols in closed environments. This model is applied to three cases: a classroom, a theater, and public transportation vehicles in the city of La Paz, Bolivia. The results showed that the probability of contagion of COVID-19 strongly depends on the exposure time (duration of events) and the ventilation of the environments. The longer the duration of an event and the poorer the ventilation of the environment, the greater the probability of contagion. Additionally, carbon dioxide concentration was measured as a proxy for indoor air quality, in terms of aerosol concentration, and to establish ventilation levels in some of the closed environments studied. The results of the model applied to the classroom indicate that the probability of contagion in the case of a two-hour class and an asymptomatic carrier (instructor) is of the order of 10%, while in the case of the theater the probability of contagion is of

the order of 25% for the studied event. Finally, in the case of minibuses, the most used means of public transport in Bolivia, the probability of contagion for 60-minute trips ranges between 19% and 97% depending on the number of passengers who are infected (between one to six in this study) and, fundamentally, on the ventilation that depends on whether the windows of the vehicle are closed or open.

Subject headings: Aerosols — diseases — probability of contagion.

1. INTRODUCCIÓN

En enero 31, 2020 la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró al brote del nuevo coronavirus - denominado SARS-CoV-2 (severe acute respiratory syndrome coronavirus 2) una emergencia pública de importancia internacional, el nivel más alto de alarma de esta institución, y en marzo 11 declaró al COVID-19 (coronavirus disease 2019) una pandemia. Desde entonces se ha avanzado mucho en cuanto al entendimiento de las forma de contagio de esta enfermedad.

Existen diferentes maneras en la que el virus puede ser transmitido de persona a persona: a través de deposición directa o indirecta por medio de objetos (fómites), y a través del aire por medio de gotículas (pequeñas gotas de saliva que se producen al hablar, estornudar o toser) y aerosoles (Zhang et al. 2020). Las primeras recomendaciones estuvieron asociadas a evitar el contagio por: 1) fómites, a través del lavado constante de manos con agua y jabón, y 2) por deposición de gotículas en los ojos, nariz y boca, a través del uso de barbijos y de mantener una separación entre personas del orden de 2 m (distanciamiento social). En este último caso se consideró convencionalmente que las gotículas tienen un tamaño aerodinámico mayor a $5 \mu\text{m}$ ¹ y que caen al suelo rápidamente después de ser expulsadas por la boca o nariz (Zhang et al. 2020).

A pesar que estudios previos indicaron que los aerosoles juegan un rol importante en la transmisión de virus respiratorios, como la influenza (Zhang et al. 2020), al principio de la pandemia no se señaló la importancia de este medio de transmisión para el SARS-CoV-2². Más tarde, sin embargo, se enfatizó el rol de la propagación aérea de la COVID-19 (Morawska & Milton 2020) a través de aerosoles (referidas en éste estudio como microgotas con diámetros aerodinámicos menores a las gotículas) a distancias de pocos metros, es decir a distancias típicas de ambientes en casas, departamentos, oficinas e inclusive del transporte público.

La importancia de los aerosoles está relacionada fundamentalmente a dos causas: i) partículas menores a $100 \mu\text{m}$ pueden quedar suspendidas en el aire por tiempos entre minutos a horas en ambientes cerrados con poca ventilación (Yang & Marr

2011), y ii) el número de partículas emitidas al hablar, estornudar o toser tiene un pico alrededor de $1 \mu\text{m}$ y es alrededor de dos órdenes de magnitud mayor al número de gotículas cuya concentración tiene un pico relativo entre 100 y $200 \mu\text{m}$ (Johnson et al. 2011). Esto implica que las gotículas caen al suelo rápidamente al ser expulsadas mientras que los aerosoles se quedan flotando entre minutos a horas. Adicionalmente, las gotículas de saliva con aerosoles en forma sólida dentro de las mismas son expulsadas de la boca o nariz a una humedad relativa (HR) cercana al 100% y una vez en el ambiente, típicamente con valores de HR mucho menores, reducen su volumen hasta alcanzar equilibrio termodinámico (Mikhailov et al. 2004). Estos dos procesos cambian la distribución de tamaños de partículas dejando el máximo número de partículas por debajo de $20 \mu\text{m}$ al cabo de minutos (Yang & Marr 2011). El resultado son partículas inhalables que pueden permanecer flotando en el aire, especialmente en ambientes cerrados, por un tiempo suficiente largo como para contribuir a la transmisión de enfermedades como la COVID-19, si estas son aerosoles respiratorios infecciosos que transportan copias del SARS-CoV-2. Existe abundante evidencia que sugiere que esta manera de transmisión es mucho más importante que por fómites o gotículas (Harvey et al. 2021).

Eventos de supercontagio bien documentados, como el reportado en Miller et al. (2020), sugieren fuertemente que la vía más probable de contagio son los aerosoles. En el mencionado caso 52 personas, de 60 presentes en un ambiente cerrado, se contagiaron en aproximadamente 2.5 horas a partir de un solo caso. Las medidas de bioseguridad como lavado de manos y distanciamiento social fueron seguidas por las personas involucradas por lo que no hay evidencia que la transmisión se haya dado a través de fómites o por gotículas siguiendo trayectorias balísticas. Dada la pobre ventilación del ambiente, la forma más plausible de contagio fue a través de los aerosoles (Miller et al. 2020).

Siguiendo la línea de investigación de transmisión del virus por vía aérea, el objetivo de este estudio es estimar la probabilidad de contagio de COVID-19 por aerosoles en ambientes cerrados de la ciudad de La Paz, Bolivia, empleando el modelo propuesto por Miller et al. (2020) y puesto en línea con acceso libre por José Jiménez y su grupo de trabajo³. Se aplica el mismo a tres ambientes de uso masivo: un aula de clases de la Universidad Mayor de San Andrés, un teatro de la ciudad de La Paz y varios casos particulares de transporte público. Se espera así propor-

[†]mandrade@fiumsa.edu.bo

¹ <https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/modes-of-transmission-of-virus-causing-covid-19-implications-for-ipc-precaution-recommendations>

² <https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/transmission-of-sars-cov-2-implications-for-infection-prevention-precautions>

³ <https://tinyurl.com/covid-estimator>

cionar una guía para que tanto autoridades de salud como la población en general puedan tomar medidas preventivas en el caso de realizar eventos en ambientes cerrados.

2. DEFINICIÓN DE PARÁMETROS EMPLEADOS POR EL MODELO

El modelo empleado se basa principalmente en resultados descritos en Miller et al. (2020); Buonanno et al. (2020). El mismo fue desarrollado en base a trabajos de Wells (1955) y Riley et al. (1978) a través de una expresión analítica conocida como la ecuación de Wells-Riley. Diferentes aproximaciones basadas en esta expresión han sido usadas en diferentes estudios de análisis de riesgos para la salud (por ejemplo, Gammaitoni & Nucci (1997); Knibbs et al. (2011)).

El modelo permite estimar la probabilidad de contagio del SARS-CoV-2, por transmisión aérea a través de aerosoles atmosféricos, de personas sanas que se encuentran en un ambiente cerrado junto con personas contagiadas bajo varias premisas. Entre las más destacadas tenemos: i) no hay contacto físico entre las personas presentes en el ambiente, ii) todos mantienen la distancia recomendada, iii) no tosen ni estornudan, y iv) los aerosoles respiratorios infecciosos se distribuyen de manera uniforme en el ambiente. A continuación se describen los parámetros más relevantes usados por el modelo.

2.1. Carga viral emitida

Tanto el lugar del tracto respiratorio donde se originan los aerosoles así como la distribución de tamaño y número de partículas emitidas son factores importantes para entender el transporte de los virus por el aire a través de los aerosoles (Morawska et al. 2009). Estos parámetros, sin embargo, son difíciles de medir. La aproximación Wells-Riley ofrece una gran ventaja ya que resume todos estos procesos en un sólo parámetro denominado “quantum” que representa la mínima dosis que causa infección, evitando de ésta manera representar explícitamente los procesos de generación y emisión de aerosoles en la persona infectada. Por definición, un quantum es la dosis necesaria de aerosoles infecciosos requeridos para infectar al 63% de la población susceptible (Wells 1955; Buonanno et al. 2020). Buonanno et al. (2020) estimaron la carga viral del SARS-CoV-2 emitida en aerosoles por personas infectadas bajo la hipótesis de que la carga viral en el esputo de la boca es la misma a la carga viral de los aerosoles emitidos y que entre ellos existe un balance de masa. En este estudio, la carga viral emitida es expresada en términos de la tasa de emisión de quanta (Eq) la cual es función de la carga viral en la boca, el tipo de actividad (como hablar, cantar, toser, etc.), la tasa de inhalación, y el nivel de actividad física (como descansar, caminar, etc.). En la tabla 1 se muestran los valores usados en el presente estudio.

2.2. Tasa de inhalación

La tasa de inhalación se refiere al volumen de aire transportado por los pulmones durante una in-

TABLE 1
CARGA VIRAL EMITIDA POR UNA PERSONA INFECTADA CON SARS-COV-2 EN TÉRMINOS DE TASA DE EMISIÓN DE QUANTA (DE BUONNANO ET AL, 2020)

Actividad	Emisión	Eq. [quanta $hora^{-1}$]
Recostado	respirando por la boca	2.0
	hablando	9.4
	hablando fuerte	60.5
Parado	respirando por la boca	2.3
	hablando	11.4
	hablando fuerte	65.1
Ejercicio ligero	respirando por la boca	5.6
	hablando	26.3
	hablando fuerte	170
Ejercicio pesado	respirando por la boca	13.5
	hablando	63.1
	hablando fuerte	408

halación/exhalación por unidad de tiempo y se calcula multiplicando el número de respiraciones de una persona por el volumen tidal o corriente en una unidad de tiempo (Madueño et al. 2019). La tasa de inhalación es una variable compleja de determinar ya que depende de factores tanto fisiológicos (por ejemplo, edad y sexo) como de la actividad que la persona desarrolla (como caminar o cantar) además de otros factores como la altura sobre el nivel del mar (presión atmosférica) y el tiempo en el cual la persona realiza la actividad (Madueño et al. 2019).

Adams (1993) determinó experimentalmente la tasa de inhalación para diferentes actividades. Estos valores fueron estimados para condiciones de nivel del mar las cuales son diferentes para las condiciones de la ciudad de La Paz, principalmente porque la densidad del aire es menor. (Madueño et al. 2020) realizaron medidas de tasa de inhalación en la ciudad de La Paz para actividades involucradas en sus objetivos. La tabla 2 muestra los valores de tasa de inhalación usados en el presente estudio. En este trabajo, la tasa de inhalación se refiere tanto a la persona infectada como a la persona susceptible. La tasa de inhalación para la persona infectada es tomada en cuenta a través de los quanta emitidos por esta. En este sentido, la tasa de inhalación es un factor importante en los cálculos referentes a la probabilidad de infección de las personas susceptibles.

2.3. Decaimiento de la infectividad del virus en aerosoles

La infectividad del virus en aerosoles y superficies depende de las condiciones ambientales, siendo la radiación solar, en particular la radiación ultravioleta (RUV), la temperatura y la humedad ambiente los factores más relevantes (Dabisch et al. 2020). En ambientes abiertos, la RUV y la temperatura tienen mayor influencia en el decaimiento de la infectividad del virus comparada con la humedad. Sin embargo, en ambientes cerrados la RUV es muy baja por lo que la temperatura y la humedad del ambiente son los factores más importantes. Dabisch et al. (2020), proponen un modelo para calcular el decaimiento de la

TABLA 2

TASAS DE INHALACIÓN PROMEDIO PARA HOMBRES Y MUJERES ENTRE 21 Y 30 AÑOS DE EDAD.

Actividad	Tasa de inhalación [$m^3 \text{ hora}^{-1}$]	Fuente
Estar recostado	0.49	Adams (1993)
Estar parado	0.54	Adams (1993)
Realizar ejercicio muy ligero	0.72	Adams (1993)
Realizar ejercicio ligero	1.38	Adams (1993)
Realizar ejercicio moderado	2.35	Adams (1993)
Realizar ejercicio pesado	3.30	Adams (1993)
Estar sentado	0.52	Madueño et al. (2019)
Caminar lentamente (equivalente a ejercicio muy ligero)	0.82	Madueño et al. (2019)

infectividad del virus. El mismo fue estimado en 0.71 hora^{-1} para un ambiente cerrado con una temperatura y humedad relativa del orden de 20°C y 40% , respectivamente.

2.4. Deposición de aerosoles

El modelo solamente toma en cuenta la deposición seca de los aerosoles, la cual en espacios cerrados depende principalmente del tamaño del aerosol. Como se indicó anteriormente, se consideran aerosoles en el rango de diámetros aerodinámicos entre 1 y $5 \mu\text{m}$ para lo cual la deposición es determinada como la tasa entre la velocidad de sedimentación ($1.0 \times 10^{-4} \text{ m/s}$) y la altura a la cual son emitidos al ambiente (típicamente 1.5 m) dando un valor promedio de 0.24 hora^{-1} (Buonanno et al. 2020).

2.5. Eficiencia de filtrado de aerosoles por barbijos

El principal motivo de usar barbijos es evitar la inhalación de aerosoles infecciosos y su subsecuente exhalación y diseminación. En el mercado existen diferentes tipos de barbijos los cuales difieren principalmente en la eficiencia de filtrado de aerosoles y su ajuste al rostro. Desde el punto de vista de modular la transmisión del virus se debe tomar en cuenta tanto la eficiencia de filtrado de aerosoles emitidos por la persona infectada como la eficiencia de filtrado de aerosoles del aire respirado por la persona susceptible. Para el rango de tamaños de aerosoles considerado, factores como la carga electrostática del material del barbijo, o si el mismo está fabricado con textiles tejidos o no tejidos, influyen de manera significativa la eficiencia de filtrado (Drewnick et. al., 2020). La tabla 3 muestra la eficiencia de filtrado de diferentes barbijos usados en el modelado y descritos en la herramienta en línea de Jiménez. Barbijos genéricos se refiere a todos los barbijos sin certificación en su fabricación.

2.6. Tasa de emisión de CO_2

TABLA 3

EFICIENCIA DE FILTRADO, EN PORCENTAJE, DE DIFERENTES TIPOS DE BARBIJOS TANTO AL EXHALAR COMO AL INHALAR (TOMADO DE LA HERRAMIENTA EN LÍNEA PUESTA POR JIMÉNEZ)

	Genérico	N95	N95 con válvula	Quirúrgica
Inhalar	30	90	90	50
Exhalar	30	90	0	65

TABLA 4

 TASAS DE EMISIÓN DE CO_2 PROMEDIO PARA HOMBRES Y MUJERES ENTRE 21 Y 30 AÑOS EN FUNCIÓN DE LA ACTIVIDAD (PERSILY & DE JONGE 2017).

Actividad	Tasa de emisión Litros s^{-1}
Estar sentado	0.0056
Caminar lentamente	0.0080
Realizar ejercicio ligero	0.0120
Realizar ejercicio moderado	0.0160

Durante la respiración humana no solamente se emiten aerosoles sino también gases como el dióxido de carbono (CO_2). Si hay personas en un ambiente cerrado la concentración de CO_2 irá aumentando en función tanto a la actividad que realicen estas personas como a otros factores tales como sexo, edad, peso, etc. (Law et al. 2010) En la tabla 4 se resumen las tasas de emisión de CO_2 usadas en el presente estudio.

2.7. Ventilación y tasa de intercambio de aire

La ventilación se refiere al intercambio de aire del interior de un recinto con el aire del ambiente del exterior a través de los sistemas de ventilación tanto naturales como mecánicos. La tasa de intercambio de aire (ACH por sus siglas en inglés) es la tasa de ventilación del aire dividido el volumen del espacio cerrado. Explícitamente, una ventilación o un ACH se refiere a que el 100% del aire del interior fue reemplazado por aire del exterior en una hora (REHVA, 2012).

3. INSTRUMENTOS Y MEDIDAS

En este estudio se usa la variación temporal de la concentración de CO_2 para estimar la ventilación en algunos ambientes cerrados y así calcular el ACH. En estos ambientes, la concentración de CO_2 se incrementa con el número de personas presentes en el mismo, ya que este gas es producto de la respiración, y se reduce debido a la ventilación natural o artificial del ambiente siguiendo una función exponencial la cual se aplica para el cálculo del ACH. Para los diferentes casos modelados y la estimación del ACH respectivo, se utilizaron dos analizadores portátiles de CO_2 (Air Visual Pro y Air Mentor Pro). Estos analizadores miden, además de CO_2 , la concentración de material particulado suspendido en el aire, temperatura y humedad relativa del ambiente. En el caso del Air Visual los datos son guardados en su memo-

ria interna cada 10 segundos y promediados posteriormente cada minuto mientras que el Air Mentor Pro despliega la concentración cada minuto y un promedio temporal cada 15 minutos.

4. PARAMETRIZACIÓN DEL MODELO Y DESCRIPCIÓN DE LOS CASOS DE ESTUDIO

El balance de masa para un ambiente en el que los aerosoles se distribuyen homogéneamente (Gammaitoni & Nucci 1997) relaciona la concentración quanta (C , quanta m^{-3}) con la tasa de emisión quanta (E_q , quanta $hora^{-1}$) y la tasa total de pérdida de quanta (λ , $hora^{-1}$) mediante la ecuación 1:

$$\frac{dC}{dt} = \frac{E_q}{V} - \lambda C, \quad (1)$$

donde V es el volumen del ambiente cerrado (m^3), y λ es la tasa total de pérdida de los quanta por ventilación, deposición y decaimiento de infectividad. La solución de la ecuación 1 viene dada por la ecuación 2. En ella se supone que C a tiempo cero es también cero.

$$C(t) = \frac{E_q}{\lambda V} [1 - e^{-\lambda t}]. \quad (2)$$

La probabilidad de contagio P (en %) en función implícita al tiempo (t) de exposición y la cantidad de quanta inhalada por la persona susceptible n , viene dada por la ecuación de Wells-Riley

$$P = 1 - e^{-n}, \quad (3)$$

donde:

$$n = Q_{br} \int_0^D C(t) dt. \quad (4)$$

Aquí Q_{br} es la tasa de inhalación de la persona expuesta, y D es el tiempo total de exposición.

Tanto el cálculo de la concentración de quanta como la probabilidad de contagio son obtenidos suponiendo que (a) la tasa de emisión de quanta es constante y (b) el aire en el interior está bien mezclado por lo que no se toma en cuenta la posición espacial en la que la persona infectada se encuentra en el ambiente (Miller et al. 2020).

En base a las ecuaciones (3) y (4) se calculó la probabilidad de contagio para diferentes escenarios de exposición tales como (a) un aula de clases de la Universidad Mayor de San Andrés (UMSA), (b) un teatro de la ciudad de La Paz y (c) varios casos de transporte público. Tanto la tasa de inhalación y los quanta emitidos fueron adecuados para cada escenario de acuerdo a nivel de actividad supuesto de las personas infectadas y susceptibles (tablas 1,2 y 4). En todos los escenarios se supuso que todas las personas usan barbijos genéricos (tabla 3) basados en una inspección visual del comportamiento de la población. En la tabla 5 se muestran parámetros usados para los diferentes escenarios.

4.1. Aula de clases

El aula de clases de la UMSA estudiada es relativamente grande en la cual normalmente pueden asistir a clases hasta 60 estudiantes (figura 4a). Sin embargo, para modelar la probabilidad de contagio se supuso que el aula se usa solamente al 50% de su capacidad, es decir con 30 estudiantes y un profesor el cual se supone es asintomático. Tanto el profesor como los estudiantes usan barbijos genéricos y los estudiantes siguen el protocolo de bioseguridad. Debido a que el aula es grande, el profesor tiene que hablar fuerte y caminar de un extremo a otro de la pizarra por lo que se puede considerar que realiza ejercicio ligero y a la vez habla fuerte por lo que se estima que emite 170 quanta $hora^{-1}$ a largo de la clase que generalmente dura 120 minutos. Si asumimos que los estudiantes (personas susceptibles) están sentados tomando notas y sin hablar la tasa de inhalación estimada es de $0.52 m^3 hora^{-1}$ por persona.

4.2. Teatro

El 17 de diciembre del 2020 se realizaron medidas en condiciones reales para medir la ventilación de un teatro en la ciudad de La Paz (figura 4b) con el objetivo de calcular la probabilidad de contagio de los asistentes. Ese día se tenía la presentación de un grupo de baile de 25 personas. El teatro tiene capacidad para 310 personas pero por las restricciones del momento sólo ingresaron 155 (50%).

Debido a la naturaleza del evento, durante la presentación, los integrantes del grupo de baile no usaron barbijos y la actividad física fue intensa por lo que los quanta emitidos se estimaron en $408 hora^{-1}$ por persona. El público en general estaba sentado sin mayor actividad y vistiendo barbijos genéricos por lo que la tasa de inhalación considerada fue de $0.52 m^3 hora^{-1}$ y la emisión de CO_2 de $0.0056 litros s^{-1}$.

Para diciembre del 2020, la tasa de incidencia de COVID-19 en La Paz fue de 1225 por cada 100000 habitantes (Cornejo 2020), lo que sugiere que 3 personas del total presente en el interior del teatro pudieron estar contagiadas. Para estudiar el efecto de asistir a eventos con estas características, asumimos que las 3 personas contagiadas pertenecían al grupo de baile.

4.3. Vehículos de transporte público: minibuses

En Latinoamérica el 68% de los viajes se realizan en transporte público (Pardo et al. 2021). Esto es particularmente importante al considerarse la probabilidad de contagio de los pasajeros y, aún más, de los conductores. Por esta razón se consideraron diferentes casos para estimar la probabilidad de infección por COVID-19 en viajes de minibús (vagones de tamaño mediano) con duración de una hora. Se tomó como referencia un minibús Toyota Hiace con 12 pasajeros (vehículo lleno). No se incluyen al chofer ni al pasajero a su lado ya que, actualmente (febrero 2021), en la mayoría de los minibuses, los asientos del conductor y acompañante están separa-

TABLA 5
 PARÁMETROS DE LOS ESCENARIOS DE EXPOSICIÓN PARA LOS CUALES SE CALCULÓ LA PROBABILIDAD DE CONTAGIO.

VARIABLES	Aula de clases UMSA	Teatro de la ciudad de La Paz	Transporte público: Minibús
Temperatura, °C	20	25	20
Humedad relativa, %	50	40	50
Presión, hPa	685	680	660
CO ₂ de fondo, ppm	415	485	415
Volumen del ambiente, m ³	320	1519	6
Personas susceptibles, #	30	187	11 y 6
Personas infectadas, #	1	3	1 y 6
Personas vistiendo barbijos, %	100	100% del público, 0 del grupo de baile	100
Tipo de barbijo	Genérico	Genérico	Genérico

dos de los demás por una lámina de plástico. Las medidas típicas del largo, ancho y alto del interior son: 3 m de largo, 1.6 m de ancho × 1.3 m de alto dando un volumen de 6.2 m³. Se realizaron viajes en rutas del centro y zona sur de la ciudad de La Paz para verificar el tiempo de duración.

5. RESULTADOS

5.1. Aula de clases

La fig. 1a muestra la variación de la concentración quanta promedio en función del tiempo de duración de la clase (evento) para diferentes tasas de ventilación. Claramente se observa que a medida que la clase se prolonga, la concentración de quanta va incrementando de manera no lineal siendo más peligroso para el caso en el que la ventilación sea baja (fig. 1a curvas en rojo) situación que puede darse si sólo se toma en cuenta la ventilación natural, es decir cerrando las ventanas y puertas. Por el contrario, si el aula contara (además de la ventilación natural) con ventilación forzada generada por ventanas abiertas o ventilación mecánica, el incremento de la concentración de quanta sería mucho menor (fig. 1a curvas en azul) aunque la clase se prolongue hasta los 120 minutos. De la misma manera, la probabilidad de contagio presenta una dependencia importante con la tasa de ventilación y el tiempo de duración de la clase. En la figura 1b se presenta la probabilidad de contagio en función a ambas variables. El caso más peligroso se da para bajas tasas de ventilación llegando a probabilidades de contagio del orden del 10% al final de la clase. Como se esperaba, la menor probabilidad de contagio de las personas susceptibles se da para situaciones en las que la clase dure poco tiempo y se tenga buena ventilación.

5.2. Teatro

En la fig. 2 se muestran las medidas de CO₂ antes, durante y después del evento. Las medidas comenzaron en el teatro alrededor de las 4 pm con el grupo de baile ensayando para el evento hasta las 5 pm. En ese periodo se aprecia como la concentración de CO₂ sube sistemáticamente. A las 5:30 pm el público ingresa al teatro y el evento comenzó a las 6:00 pm momento en el que se cerraron todas las puertas. El CO₂ rápidamente sube su concentración hasta llegar a un máximo, 60 minutos después de iniciado el evento, de alrededor de 1900 ppm (fig. 2a) momento en el cual

se abren las puertas para un receso. El evento termina a las 8:00 pm cuando el público sale del teatro y el mismo se cierra a las 9:00 pm. Los valores de CO₂ al momento de cerrar el teatro están alrededor de 720 ppm y posteriormente comienzan a disminuir. En base a la disminución de la concentración de CO₂ se calcula que el teatro tiene una ventilación natural de 0.7 h⁻¹. Simulando la concentración de CO₂ en el interior del teatro se observa que a una tasa de ventilación de 0.7 h⁻¹ a los 60 minutos de iniciado el evento la concentración del CO₂ llega a valores aproximados a 1800 ppm (fig. 2b) lo cual está de acuerdo a las medidas realizadas. Esto muestra que el modelo funciona razonablemente bien ante situaciones reales. Finalmente, tomando en cuenta la tasa de ventilación calculada, la probabilidad que una persona se haya contagiado durante las dos horas que duró el evento es del orden del 25% (fig. 3).

5.3. Transporte público: minibuses

La probabilidad de infección por SARS-CoV-2 en viajes realizados en minibús fue estimada para los cuatro casos presentados en la Tabla 6. Se consideraron 12 pasajeros en todos los casos pero solo una persona infectada (11 susceptibles) en los dos primeros casos, mientras que se supuso que 6 pasajeros estaban infectados (6 susceptibles) en los dos últimos casos. En el Caso 1 se obtuvo una probabilidad de contagio del orden del 45% con las ventanas cerradas y una tasa de ventilación de 0.5 hora⁻¹. En el caso 2, basados en Ott et al. (2008), se incrementó la tasa de ventilación a 6.5 hora⁻¹ (ventanas parcialmente abiertas) mientras que se mantuvieron los demás parámetros iguales. La probabilidad de infección se redujo a aproximadamente 19%.

En el Caso 3, las ventanas se mantienen cerradas (ventilación de 0.5h⁻¹) y en el Caso 4, las ventanas están abiertas por lo que la ventilación se considera de 20h⁻¹. La probabilidad de infección en el caso 3 es 97% y en el caso 4 se reduce a 39%. Menos de la mitad que en el Caso 3.

Como se indicó anteriormente, un parámetro útil para verificar una buena ventilación en ambientes cerrados es la concentración de CO₂ (Peng & Jimenez 2020). La OMS recomienda mantener la concentración de CO₂ a niveles menores a 800 ppm. Se ha medido de forma simple esta concentración para el caso de un minibús con 6 personas y 2 ventanas abiertas. La concentración promedio medida fue de

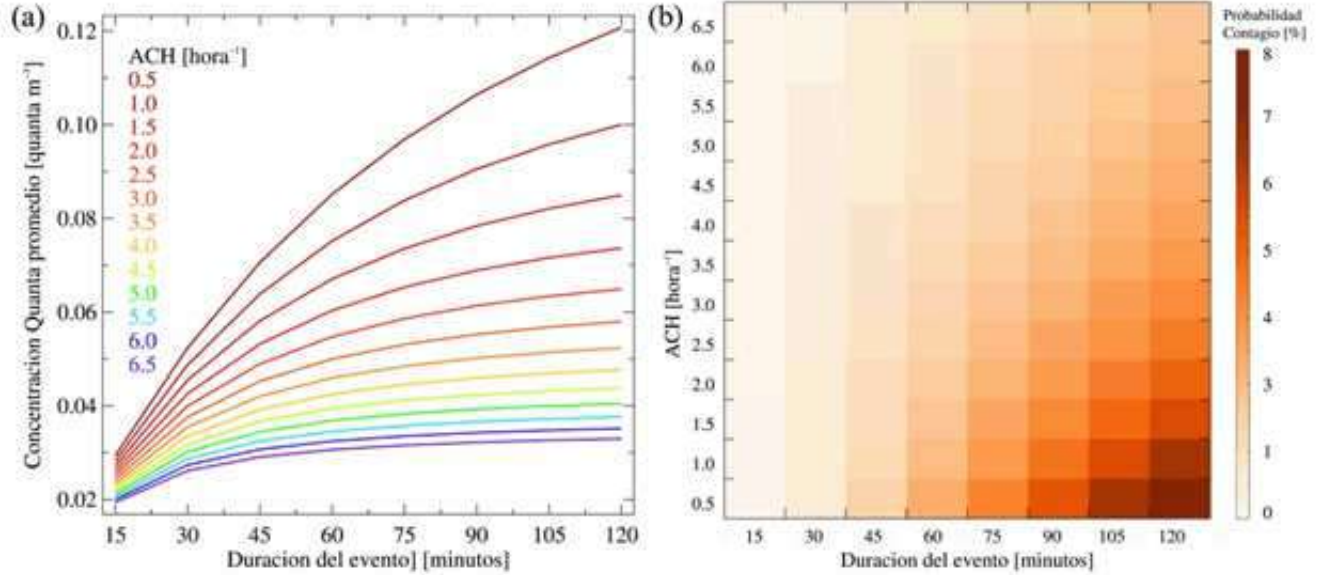


FIG. 1.— Tasa de ventilación y tiempo de duración del evento como factores relevantes en (a) concentración de quanta y (b) probabilidad de contagio para el escenario de un aula de la UMSA.

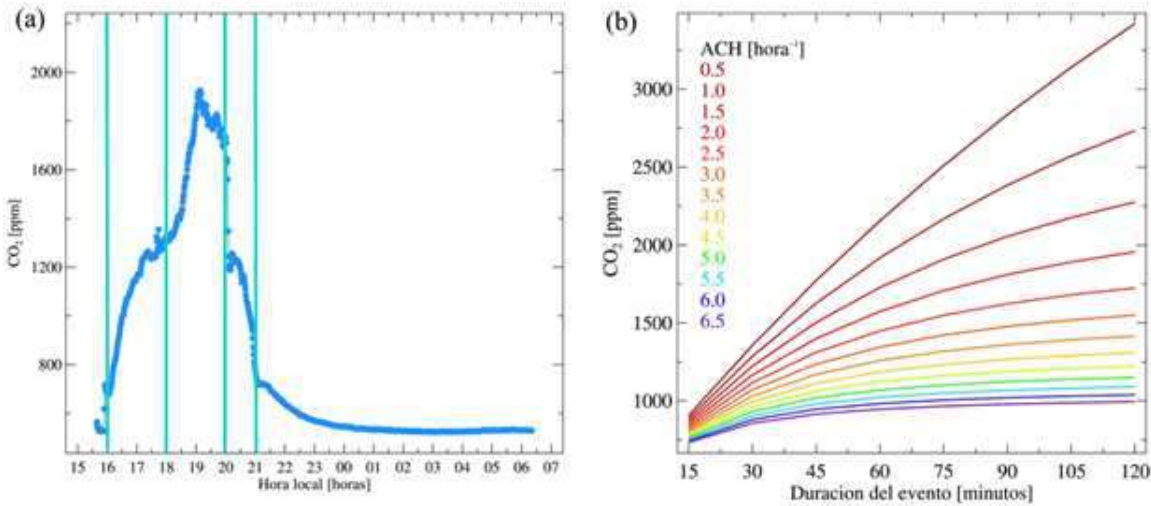


FIG. 2.— (a) Medidas de CO_2 en un teatro de la ciudad de La Paz antes, durante y después de una presentación de baile. Las líneas verticales indican (de derecha a izquierda) inicio del ensayo del grupo, inicio del evento, fin del evento y cierre del teatro. (b) Simulación de las concentraciones de CO_2 para diferentes tasas de ventilación en función del tiempo.

TABLA 6
PROBABILIDAD DE INFECCIÓN POR COVID-19 EN PARA DIFERENTES CONDICIONES EN MINIBUSES EN LA CIUDAD DE LA PAZ.

Minibús, 12 personas. Viaje de 60 minutos (1 h) (Sin contar chofer ni pasajero al frente)	Probabilidad de Infección (1 persona)	Observaciones
1) Ventanas cerradas, $0.5 h^{-1}$, 1 persona infectada Quanta= $60.5 h^{-1}$	45%	
2) Ventanas parcialmente abiertas, $6.5 h^{-1}$, 1 persona infectada Quanta= $60.5 h^{-1}$	19%	La tasa de ventilación puede ser mayor a $6.5 h^{-1}$ con todas las ventanas abiertas. Se recomienda medir experimentalmente.
3) Ventanas cerradas, $0.5 h^{-1}$, 6 personas infectadas Quanta= $60.5 h^{-1}$	97%	Con la mitad de los pasajeros infectados la probabilidad de infección es casi 100% aunque todos estén con barbijos.
4) Ventanas abiertas, $20 h^{-1}$, 6 personas infectadas Quanta= $60.5 h^{-1}$	39%	Ott et al. (2008)

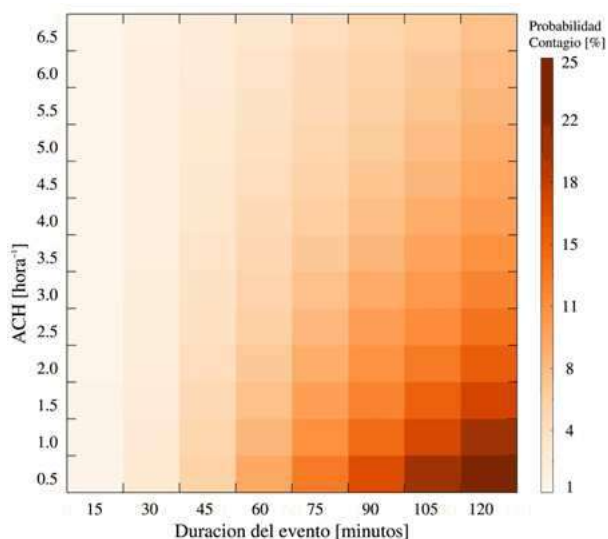


FIG. 3.— Probabilidad de contagio en función de la duración de los eventos y de la ventilación de los ambientes para un teatro en la ciudad de La Paz.

650 ppm aproximadamente en un trayecto de 10 minutos. Esto sugiere que mantener abiertas las ventanas, aunque sea parcialmente, reduce en gran medida las probabilidades de contagio del virus, por lo que realizar una caracterización más detallada de la ventilación en automóviles es fundamental para una mejor estimación de la probabilidad de contagio.

6. DISCUSIÓN

Los resultados del modelado para los ambientes cerrados estudiados muestran claramente que la probabilidad de contagio sube con el tiempo de permanencia en el recinto así como con baja ventilación. Por ejemplo, para el caso de un aula en la UMSA, para una clase de 2 h de duración con la mitad de la capacidad del aula llena, con todos los participantes usando barbijos y con una sola persona contagiada (el instructor) hablando fuerte frente al pizarrón el orden de magnitud de la probabilidad de contagio es del 10% (fig. 1). Si bien hay varios supuestos para arribar a este número, por ejemplo, la persona contagiada podría ser un estudiante en vez del instructor, o los estudiantes podrían hablar entre ellos en ciertos intervalos, etc., cambios razonables en los supuestos empleados muestran que la probabilidad de contagio se mantiene en ese orden de magnitud.

Para el caso del teatro, donde un mayor número de parámetros fueron medidos experimentalmente, la probabilidad de contagio es del orden del 25% (fig. 3) para un evento que dura 2 h (como el caso estudiado). Para este lugar en particular, la ventilación natural (medida) es 0.7 h^{-1} , que está por debajo de los 6 intercambios por hora sugerido por la OMS (Atkinson & World-Health-Organization 2009). En este caso también se observa que incrementando la ventilación a 6 h^{-1} la probabilidad de contagio podría reducirse a un 8%. Finalmente, las medidas de la concentración máximas de CO_2 , del orden de 1900 ppm, son comparables a las estimadas con los supuestos usados en el modelo. Esto da confianza a

los resultados obtenidos.

Por otro lado, dado que en general el transporte por minibuses es lento debido al intenso tráfico vehicular, los tiempos de transporte son, en promedio, mayores a 30 minutos y hasta mayores a una hora (Pacoricóna-Laguna 2014) (por ejemplo, para el caso de un viaje entre las ciudades de El Alto y La Paz). En ese sentido los resultados para el transporte sugieren que una adecuada tasa de ventilación tiene una gran importancia para reducir la probabilidad de contagio de la COVID-19 en el transporte por minibus, que es el transporte masivo en Bolivia. Basados en estudios previos es posible que en muchos minibuses esta ventilación pueda lograrse abriendo las ventanas al menos unos 10 cm (Ott et al. 2008), sin embargo, es necesario realizar más estudios donde se mida experimentalmente la ventilación y así se reduzca la incertidumbre y mejoren los resultados del modelo.

Por la naturaleza del procedimiento empleado existen varias incertidumbres asociadas a los resultados del modelado: los supuestos y los parámetros empleados principalmente. A pesar de esto, el modelo permite estimar el orden de magnitud relativo de las probabilidades de contagio lo cual puede ser usado como una guía para tomar decisiones de protección y cuidado de las personas. Por ejemplo los resultados sugieren que es mejor tener eventos cortos a eventos largos; que la ventilación del ambiente es de fundamental importancia o que el uso de barbijos es importante.

Para minimizar la transmisión de COVID-19 entre los pasajeros del transporte público en Latinoamérica (Pardo et al. 2021) recomiendan medidas tales como: ventilación adecuada (4-6 intercambios por hora), distancia/duración del viaje (menor a 15 minutos), medidas de protección (uso de barbijos y otras medidas de protección) y comportamiento de los pasajeros (silencio). El modelo que utilizamos incorpora estos parámetros y se puede evidenciar en los resultados obtenidos ya que la probabilidad de contagio se reduce cuando se cumplen estas medidas. Como siguiente paso se planea realizar mediciones de la ventilación (ACH) en el transporte público del área metropolitana de La Paz y El Alto para establecer cuál sería la probabilidad de contagio de los pasajeros reduciendo las incertidumbres al realizar medidas en campo en vez de usar supuestos o referencias encontradas en la literatura.

7. CONCLUSIONES

A la fecha existe suficiente evidencia científica que señala que la forma más importante de transmisión del virus SARS-CoV-2 se da a través de aerosoles respiratorios en ambientes cerrados. Por ello en este trabajo se analizaron tres casos a través de la aplicación de un modelo matemático que representa varios de los procesos más importantes.

Como resultado del modelado aplicado a las tres situaciones escogidas en este estudio podemos concluir lo siguiente:



FIG. 4.— Ambientes cerrados para los cuales se calculó la probabilidad de contagio (a) aula de la UMSA y (b) un teatro en la ciudad de La Paz.

- La ventilación es la manera más simple (y probablemente más barata a la larga) de reducir las probabilidades de contagio entre las personas.
- En ambientes cerrados como aulas de enseñanza y teatros, acciones como abrir puertas y ventanas, contribuyen positivamente a mantener una buena calidad del aire pero puede que ventilación mecánica sea necesaria para reducir aún más las probabilidades del contagio.
- El uso de barbijos, bien ajustados a la cara, y el lavado de manos con agua y jabón siguen siendo esenciales para evitar contagios.
- Mantener las ventanas abiertas en el transporte público reduce la probabilidad de contagio por COVID-19 al incrementar el intercambio de aire limpio con el exterior.
- Los buses de transporte interdepartamental, en muchos de los cuales no se puede abrir ventanas, deben permitir intercambio de aire con el exterior a través de su sistema central de climatización. Será importante medir la calidad del aire en condiciones reales para establecer de manera experimental si los niveles de ventilación son adecuados.
- En ambientes cerrados no es buena práctica usar ventiladores de techo o calentadores con ventilador pues los mismos no ayudan al intercambio de aire con el exterior y solo dispersan más rápido los aerosoles en el mencionado ambiente.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no hay conflicto de intereses con respecto a la publicación de éste documento.

REFERENCIAS

- Adams, W. C. 1993, Measurement of Breathing Rate and Volume in Routinely performed Daily Activities (California Environmental Protection Agency, Air Resources Board)
- Atkinson, J. & World-Health-Organization. 2009, Natural Ventilation for Infection Control in Health-Care Settings (Geneva: World Health Organization)
- Buonanno, G., Stabile, L., & Morawska, L. 2020, Environment International, 141, 105794
- Cornejo, P. A. 2020, Boletín Epidemiológico “Noticias COVID-19” (Colegio de Biólogos La Paz)
- Dabisch, P. et al. 2020, Aerosol Science and Technology, 55, 142
- Gammaitoni, L. & Nucci, M. C. 1997, Emerging Infectious Diseases, 3 (3), 335
- Harvey, A. P. et al. 2021, Environ. Sci. Technol. Lett., 8 (2), 168
- Johnson, G. R. et al. 2011, Journal of Aerosol Science, 42 (12), 839
- Knibbs, L. D. et al. 2011, American Journal of Infection Control, 39 (10), 866
- Law, J., Watkins, S., & Alexander, D. 2010, American Journal of Infection Control, 216126, 2010
- Madueño, L., Kecorius, S., Andrade, M., & Wiedensohler, A. 2020, Atmosphere, 11 (6), 598
- Madueño, L. et al. 2019, Environmental Pollution, 248, 295
- Mikhailov, E., Vlasenko, S., Niessner, R., & Pöschl, U. 2004, Atmos. Chem. Phys., 4, 323
- Miller, S. L. et al. 2020, Indoor Air, 31, 314
- Morawska, L. & Milton, D. K. 2020, Clinical Infectious Diseases, 71 (9), 2311
- Morawska, L. et al. 2009, Journal of Aerosol Science, 40 (3), 256
- Ott, W., Klepeis, N., & Switzer, P. 2008, Journal of Exposure Science & Environmental Epidemiology, 18 (3), 312
- Pacoricona-Laguna, V. 2014, Estructura y funcionamiento del sistema de transporte público urbano en el municipio de La Paz (Tesis de Licenciatura. Facultad de Ciencias Financieras y Económicas, UMSA)
- Pardo, C. F. et al. 2021, Infectio, 25 (3), 182
- Peng, Z. & Jimenez, J. L. 2020, doi:10.1021/acs.estlett.1c00183
- Persily, A. & de Jonge, L. 2017, Indoor Air, 27 (5), 868
- Riley, E. C., Murphy, G., & Riley, R. L. 1978, American Journal of Epidemiology, 107 (5), 421
- Yang, W. & Marr, L. C. 2011, Dynamics of Airborne Influenza A Viruses Indoors and Dependence on Humidity. PLoS ONE, 6 (6), e21481
- Zhang, R. et al. 2020, Proceedings of the National Academy of Sciences, 117 (26), 14857

NÚMERO EFECTIVO DE REPRODUCCIÓN DEL COVID-19 EN BOLIVIA EFFECTIVE REPRODUCTION NUMBER OF COVID-19 IN BOLIVIA ABSTRACT

DANIEL BELLOT

(Recibido 5 de diciembre de 2020; aceptado 29 de diciembre de 2020)

RESUMEN

El número básico de reproducción, R_0 , es un parámetro ampliamente usado en modelos epidemiológicos. La naturaleza no lineal de la dispersión de un virus en una población humana limita el valor predictivo de R_0 a un periodo breve al inicio de una pandemia. Se presenta un método que actualiza el valor de R_0 a un valor efectivo (R_t) basado en la evolución del número de casos, lo cual hace posible conservar la vigencia de los modelos epidemiológicos más allá de la etapa inicial.

El método se basa en el trabajo de Bettencourt y Ribeiro, que consiste en un esquema bayesiano que estima la distribución de probabilidad de R_t . Una implementación de este modelo en Python realizada por Kevin Systrom se ha adaptado para analizar los datos reportados en el sitio oficial del Gobierno de Bolivia sobre el COVID-19. Se ha obtenido una estimación de R_t y su evolución temporal para cada Departamento y para Bolivia en su conjunto. También se discuten las posibles aplicaciones de proyecciones basadas en este modelo.

Descriptores: Modelos matemáticos — número de reproducción — enfermedades.

Código(s) PACS: 87.10.+e, 87.17.Ee, 87.19.xd

ABSTRACT

The basic reproduction number, R_0 is a widely used parameter in epidemiological models. The non-linear nature of the spread of a virus in a human community limits the predictive value of R_0 in the early stages of a pandemic. A method is presented which updates the R_0 value to an effective value (R_t) based on the evolution of the number of cases, which makes it possible to preserve the validity of the epidemiological models, beyond the early stages.

This method is based on Bettencourt and Ribeiro's work, and it consists of a bayesian scheme which estimates the distribution of probability of R_t . An implementation of this model on Python undertaken by Kevin Systrom has been adapted to analyze the data reported on the official website of the Bolivia government about COVID-19. An estimation for R_t and its temporary evolution for every department in Bolivia and the country as a whole was obtained. Finally possible application of projections based on this model are discussed.

Subject headings: Mathematical models — diseases — reproduction number.

1. INTRODUCCIÓN

El Número Básico de Reproducción R_0 , es una métrica epidemiológica usada para describir la transmisibilidad de agentes infecciosos [Delamater et al. (2019)]. Se define como el número de nuevos casos que un caso genera en promedio en el transcurso de su periodo infeccioso Fraser et al. (2009). El valor de R_0 depende de factores biológicos, sociales y ambientales que gobiernan la transmisión de patógenos [Delamater et al. (2019)]. Su importancia radica en que provee una estimación del potencial epidemiológico de un virus en un modelo de sencilla interpretación.

El crecimiento inicial de una enfermedad infecciosa depende fuertemente del valor que adopte R_0 en una determinada población, si R_0 es mucho menor a 1 el número de casos decrecerá rápidamente, todo lo opuesto si R_0 es mucho mayor a 1. Cuando R_0 es

igual a 1 el número de casos activos se mantendrá constante en el tiempo [Systrom (2020)].

R_0 es rara vez medido directamente, y los valores que adopta son dependientes de las suposiciones y estructura de los modelos [Delamater et al. (2019)]. Liu et al. (2020) recopila los resultados de 12 estudios sobre el COVID19 que reportan valores entre 1.5 y 6.68, la Organización Mundial de la Salud inicialmente reportaba un valor de 2.7. Posteriores estudios reportan valores cercanos a 6.

En la práctica, los datos epidemiológicos típicamente permiten solo una estimación del número *efectivo* de reproducción R_t [Bettencourt & Ribeiro (2008)], que puede diferir de R_0 debido a inmunidad adquirida y otros factores. Para una enfermedad infecciosa emergente, cuando la transmisión es incipiente y el patógeno esta en proceso de adaptarse a la población, se vuelve crucial el monitoreo cuantitativo de la variación temporal del

TABLA 1
VALORES DE R_0 PARA ALGUNAS ENFERMEDADES.

Enfermedad	Principal Vía de transmisión	R_0
Sarampión	Aerosol	12 – 18
Varicela	Aerosol	10 – 12
Viruela	Gotículas respiratorias	3.5 – 6
HIV/AIDS	Flúidos corporales	2 – 5
SARS	Gotículas respiratorias	0.19 – 1.08
COVID-19	Gotículas respiratorias	1.5 - 6.68
Resfrío común	Gotículas respiratorias	2 – 3
Difteria	Saliva	1.7 – 4.3
Ebola	Flúidos corporales	1.5 – 1.9
MERS	Gotículas respiratorias	0.3 – 0.8

número de reproducción efectiva. De esta manera, el seguimiento a una enfermedad emergente se puede formalizar en términos del monitoreo de R_t [Bettencourt & Ribeiro (2008)].

1.1. Relaciones con el modelo SIR y la Tasa de Duplicación

El modelo **SIR** (Suceptible-Infectado-Removido) es uno de los modelos matemáticos más fundamentales de la epidemiología [Kermack & McKendrick (1927)], su formulación consiste de un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \left(\frac{S}{N} \right) I \quad (1a)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \left(\frac{S}{N} \right) I - \gamma I \quad (1b)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (1c)$$

Donde N representa el número de habitantes de la población, S representa el número de individuos susceptibles a la enfermedad, I representa el número de infectados R representa el número de individuos inmunizados (removidos) a la enfermedad ya sea por recuperación o fallecimiento, β representa la tasa de transmisión de la enfermedad y γ representa la tasa de recuperación (siendo $1/\gamma$ el periodo medio de recuperación).

En términos de los parámetros de este modelo el número efectivo de reproducción R_t esta definido por la siguiente ecuación:

$$R_t = \frac{\beta}{\gamma} \quad (2)$$

La tasa de duplicación de casos esta íntimamente relacionada con el número de reproducción, ambos cuantifican la rapidez con la cual una enfermedad se propaga en una población. Formalmente es indistinto formular la variación del número de casos mediante el uno o la otra, la diferencia práctica es la facilidad interpretativa que brinda cada uno. En el contexto del modelado matemático resulta conveniente el uso de un parámetro adimensional como lo es R_t , en cambio, en un ámbito administrativo o médico puede ser más intuitivo referirse a una tasa

temporal. La relación matemática entre el número de reproducción R_t y la tasa de duplicación T_d es la siguiente:

$$T_d = \left(\frac{1}{\gamma} \right) \frac{\ln(2)}{\ln(R_t)} \quad (3)$$

Un factor a favor de usar R_t en lugar de la tasa de duplicación es que el valor umbral entre una tendencia al crecimiento y una tendencia a decrecer es claramente el valor 1, el valor de este umbral no es evidente en el caso de tiempo de duplicación.

El propósito final de este artículo es incentivar el uso del número R_t como medio de estimación del impacto local de las medidas sanitarias en el desarrollo una pandemia.

2. MODELO PARA ESTIMAR EL VALOR ACTUAL R_T

El modelo que se detalla a continuación provee una estimación del valor de R_t basada en una serie temporal con los datos más recientes. Al existir un retraso entre el contagio y la detección de la enfermedad, esta estimación corresponde a cierto número de días en el pasado. Por sí solo, este modelo no realiza una predicción a futuro de R_t o del número de casos.

En una sección posterior se aplica un método diferente para realizar una proyección del número de casos basada en el valor de R_t obtenido de este modelo.

2.1. Fuentes de Datos

Entre Marzo 2020 y Julio 2020 se han reportado diariamente en Bolivia el número de nuevos casos confirmados por departamento. Se utiliza la serie temporal de estos casos obtenida del sitio oficial del Gobierno de Bolivia sobre el COVID-19 desde el 15 de Marzo 2020 al 6 de Julio de 2020.

2.2. Desarrollo del Modelo

2.2.1. Estimación Bayesiana

Los datos de casos nuevos apuntan al valor que R_t puede tener a la fecha. Asumiendo que el valor de R_t hoy esta relacionado su valor previo de ayer R_{t-1} y para tal efecto a todos los valores, Bettencourt & Ribeiro (2008) proponen el uso de la regla de Bayes para actualizar la información disponible acerca de el verdadero valor de R_t a la fecha.

Se hace uso de la siguiente forma del Teorema de Bayes [Bayes & Price (1763)]:

$$P(R_t|k) = \frac{P(k|R_t) \cdot P(R_t)}{P(k)} \quad (4)$$

Esta ecuación expresa que, habiendo confirmado k nuevos casos, se considera que la probabilidad de R_t es igual a la probabilidad haber observado k nuevos casos dado el valor de R_t , multiplicada por la probabilidad previa $P(R_t)$ dividida entre la probabilidad de observar k casos.

Al realizar las iteraciones: para cada nuevo día , se utiliza la probabilidad del día anterior $P(R_{t-1})$

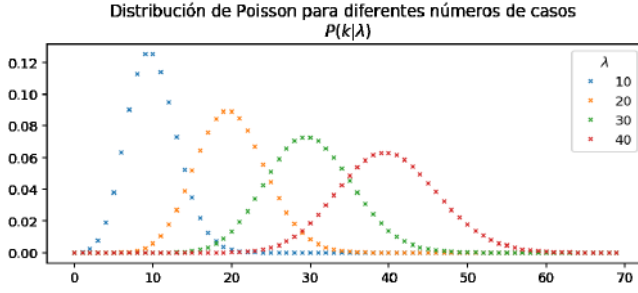


FIG. 1.— Se observa la coincidencia entre los picos de máxima probabilidad de las distribuciones de Poisson con sus respectivos números de casos

como probabilidad previa $P(R_t)$. Se asume que la distribución de R_t es gaussiana centrada alrededor de R_{t-1} , de manera que

$$P(R_t|R_{t-1}) = \mathcal{N}(R_{t-1}, \sigma) \quad (5)$$

donde σ es un parámetro que se estimará luego. Aplicando al primer día:

$$P(R_1|k_1) \propto P(R_1) \cdot \mathcal{L}(R_1|k_1) \quad (6)$$

Que se interpreta como: La probabilidad de R_1 dado que se observaron k_1 casos es proporcional a la probabilidad de observar el valor R_1 multiplicado por la verosimilitud de haber observado k_1 casos dado que R_t haya adoptado el valor R_1 . Bajo la misma lógica al segundo día se tiene:

$$P(R_2|k_1, k_2) \propto P(R_2) \cdot \mathcal{L}(R_2|k_2) = \sum_{R_1} P(R_1|k_1) \cdot P(R_2|R_1) \cdot \mathcal{L}(R_2|k_2) \quad (7)$$

Se ha trasladado el problema a encontrar la verosimilitud.

2.2.2. Seleccionando una Función de Verosimilitud $\mathcal{L}(k_t|R_t)$

La función de verosimilitud que se necesita debe estimar cuan probable es observar k casos nuevos, dado cierto valor de R_t .

Dada una tasa media de recurrencia de λ nuevos casos por día, la distribución de la probabilidad de observar k nuevos casos puede modelar con una distribución de Poisson:

$$P(k|\lambda) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!} \quad (8)$$

En caso de existir una sobredispersión del número de casos una distribución binomial negativa genera mejores resultados.

La distribución de Poisson modula la variabilidad del número de nuevos casos alrededor del número de casos esperado λ . Pequeñas variaciones sobre el número de nuevos casos esperados son más probables que grandes variaciones.

En el presente caso, se tiene la certeza de haber recibido k casos nuevos y se busca determinar cual era el número de casos más probable (λ). Con ese fin, se fija el número k mientras se varía el valor de

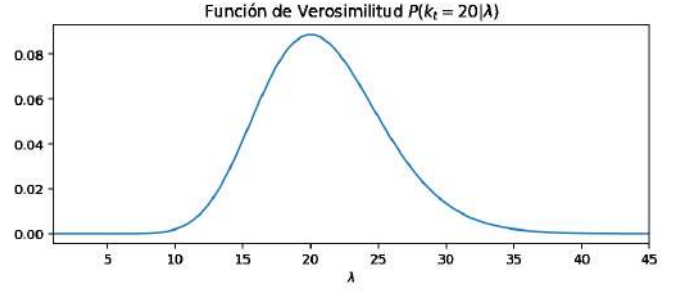


FIG. 2.— Si se registran $k = 20$ casos en un día, el valor más probable al que apunta λ es 20, sin embargo otros valores son posibles. La probabilidad de que λ sea diferente de k decae rápidamente si el número de casos se aleja de 20.

Día	Verosimilitud
1	3.77
2	2.84
3	2.90

λ . La función resultante de este procedimiento es la función de verosimilitud.

Por ejemplo, se observan $k = 20$ casos nuevos, y se pretende saber cuan probable es cada λ :

Se tiene $P(\lambda_t|k_t)$, que esta parametrizado por λ pero se busca $P(k_t|R_t)$ que esta parametrizado por R_t . Se requiere saber la relación entre λ y R_t

2.2.3. Conectando λ y R_t

La siguiente ecuación, derivada del trabajo de Bettencourt y Ribeiro [1] muestra una relación entre R_t y λ que se puede usar para reparametrizar la función de verosimilitud obtenida anteriormente.

$$\lambda = k_{t-1} e^{\gamma(R_t-1)} \quad (9)$$

En esta ecuación, γ es el recíproco del *Intervalo Serial* de la enfermedad (Se ha utilizado $\gamma = 1/4$ para el COVID19 [Du et al. (2020)]). El intervalo serial es el tiempo medio entre el reporte de dos casos en los cuales el segundo se ha derivado del primero. Ya que se conocen la cuenta de nuevos casos del día previo, es posible reformular la función de verosimilitud como una distribución de Poisson parametrizada al fijar k y variar R_t .

$$\lambda = k_{t-1} e^{\gamma(R_t-1)} \quad (10)$$

$$P(k|R_t) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!} \quad (11)$$

2.2.4. Actualizando los valores con el Teorema de Bayes

Se multiplica la verosimilitud por la probabilidad previa (que es la verosimilitud del día anterior) para obtener la probabilidad posterior. Esto se realiza usando el producto acumulativo de cada día consecutivo.

Con estas probabilidades posteriores es posible responder para cada día preguntas importantes como: ¿Cuál es el valor más probable de R_t ?

También se pueden obtener los intervalos de densidad probabilística más alta para R_t , permitiendo

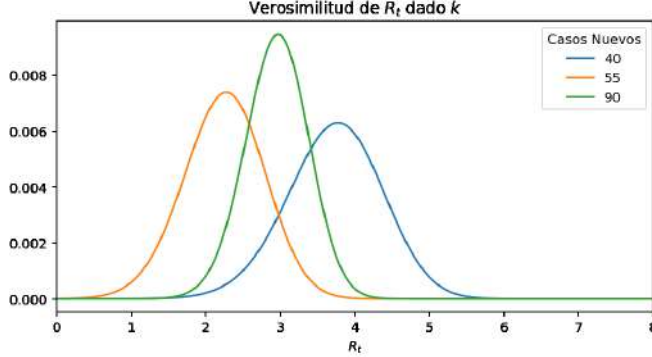


FIG. 3.— Se estiman valores de R_t para una serie temporal de casos k usando la función de verosimilitud. Cada día se tiene una nueva estimación de R_t . Nótese que incluso con un mayor número de nuevos casos se estima un menor valor de R_t , esto se debe a que la distribución de Poisson del primer día carece de información previa y por tanto es poco confiable, lo cual se evidencia en que la verosimilitud en el pico es inferior a los otros dos días y el ancho de la distribución es mayor. La estimación se refina en días posteriores, incrementando la verosimilitud en el pico con cada día que pasa.

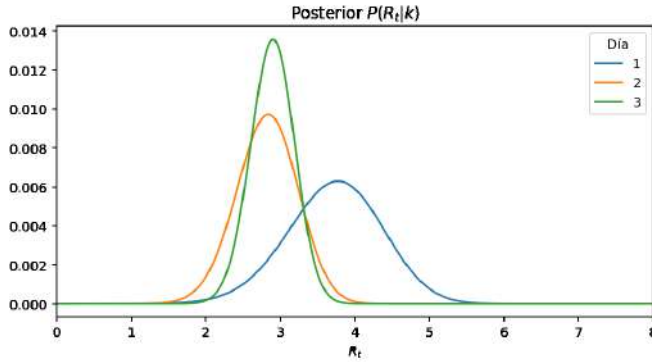


FIG. 4.— En el día 1, la probabilidad posterior es la misma que la del día 1 del gráfico anterior. Esto se debe a que no se tiene información previa a esa. Sin embargo, al actualizar con la información del día siguiente se aprecia un cambio, no tan marcado como en el anterior gráfico. Esto se debe a que se emplea la información de los dos días anteriores. Como la verosimilitud del día 3 esta entre las 2 previas solo se nota un pequeño desplazamiento. Lo que es más importante es que la distribución es más angosta, esto implica un incremento en la confianza sobre el valor de R_t para cada día basados en los datos del día previo.

Día	Límite inferior 95%	Límite superior 95%
1	2.40	4.90
2	1.96	3.58
3	2.28	3.44

de esta forma crear intervalos de confianza para los valores de R_t .

Esto hace posible graficar los valores más probables de R_t y su intervalo de confianza al 95%. La gran utilidad de esta representación radica en que hace posible observar la evolución de las estimaciones realizadas a lo largo del tiempo.

3. APLICANDO EL MODELO A LOS DATOS DE BOLIVIA

3.1. Elegiendo σ para $P(R_t|R_{t-1})$

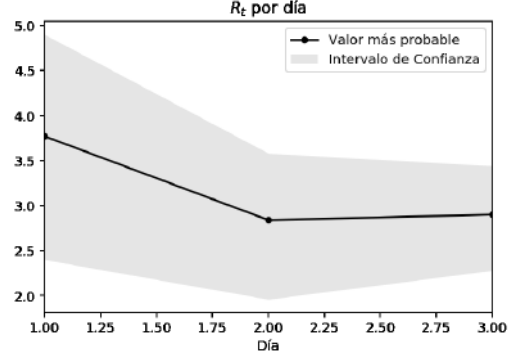


FIG. 5.— El valor más probable de R_t cambia en el tiempo y el intervalo de confianza se vuelve más estrecho al incrementar la certidumbre sobre el valor de R_t con cada actualización diaria del número de casos.

El enfoque original simplemente selecciona la probabilidad posterior de ayer como la probabilidad previa para hoy. Aunque es intuitivo, hacerlo de ese modo no da lugar a la conjetura de que el valor de R_t posiblemente ha cambiado desde ayer. Para permitir ese cambio, se aplica ruido gaussiano a la probabilidad previa con una desviación estándar σ . Para valores mayores de σ se tiene un ruido de mayor amplitud y mayor será la expectativa de cambio de R_t . Es interesante mencionar que, al aplicar ruido sobre una señal ruidosa implica que habrá un decaimiento natural de probabilidades posteriores distantes. Este enfoque calcula una serie de valores de R_t que explican todos los casos, asumiendo que R_t fluctúa una cantidad σ cada día.

Sin embargo, elegir un valor para σ es arbitrario. Se propone usar una función de máxima verosimilitud para respaldar la selección de σ .

El proceso propuesto por Systrom (2020) elige un σ que maximiza la verosimilitud de ver el número de casos k : $P(k|\sigma)$. Como σ es un valor constante, lo que se intenta hacer es buscar el máximo $P(k)$ de entre todas las opciones de σ .

Como

$$P(k) = P(k_0, k_1, \dots, k_t) = P(k_0)P(k_1) \dots P(k_t) \quad (12)$$

se necesita definir $P(k_t)$. Resulta que este es el denominador en la regla de Bayes.

A fin de calcularlo, se identifica que el numerador es en realidad la distribución conjunta de k and R :

$$P(k_t, R_t) = P(k_t|R_t)P(R_t) \quad (13)$$

Se marginaliza la distribución sobre R_t para obtener $P(k_t)$:

$$P(k_t) = \sum_{R_t} P(k_t|R_t)P(R_t) \quad (14)$$

De esta forma, si se suma la distribución del numerador sobre todos los valores de R_t , se obtiene $P(k_t)$. Y como se esta calculando al mismo tiempo que la probabilidad posterior, se revisará por separado.

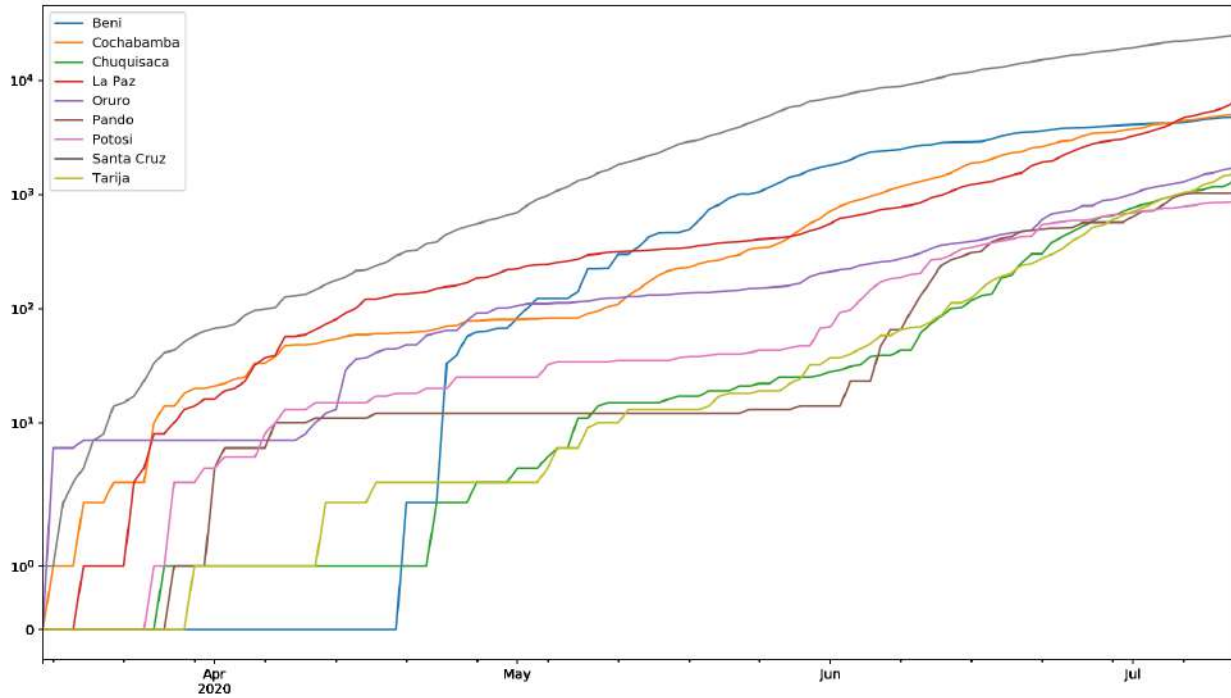


FIG. 6.— Datos diarios de número casos acumulados en Bolivia por departamento

Como se esta buscando el valor de σ que maximiza $P(k)$, en realidad se pretende maximizar lo siguiente:

$$\prod_{t,i} p(k_{ti}) \quad (15)$$

donde t representa todos los tiempos e i representa cada departamento del país.

Como se están multiplicando varias pequeñas probabilidades entre sí, resulta conveniente (y menos conducente a errores) el tomar el log de las probabilidades y sumar los resultados. Maximizar la suma de los log de las probabilidades es equivalente a maximizar el producto de las probabilidades no logarítmicas para cualquier σ .

3.2. Función para calcular las probabilidades posteriores

Se siguen los siguientes pasos:

- Se calcula λ - la tasa estimada de llegada para el proceso de Poisson de cada día.
- Se calcula la distribución de verosimilitud de cada día sobre todos los posibles valores de R_t .
- Se calcula la matriz de proceso basada en el valor de σ anteriormente descrito.
- Se calcula la probabilidad inicial, ya que se empieza sin una propabilidad previa al primer día.

Se itera desde el día 1 hasta el día final, con las siguientes instrucciones:

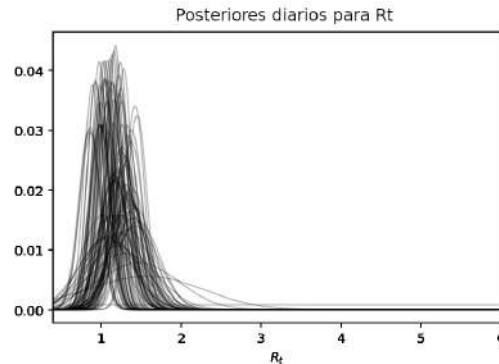


FIG. 7.— Distribuciones posteriores de todos los días graficadas simultáneamente. Las primeras son bastante anchas ya que se tiene poca confiabilidad pero se vuelven cada vez más angostas ya que la confiabilidad de que incluyan el valor verdadero de R_t incrementa.

- Calcular la probabilidad previa mediante aplicar ruido gaussiano a la probabilidad previa del día anterior.
- Aplicar la regla de Bayes mediante multiplicar esta probabilidad previa por la verosimilitud que se calculó previamente.
- Dividir entre la probabilidad de los datos observados (aquí también se aplica la regla de Bayes).

3.3. Graficando la evolución temporal con intervalos de confianza

Como los resultados deben incluir incertidumbre, resulta sumamente útil poder visualizar los valores

TABLA 2
VALORES DE MÁXIMA VEROSIMILITUD CON INTERVALOS DE
MAYOR DENSIDAD PROBABILÍSTICA QUE ESTIMAN EL VALOR DE
 R_t PARA DATOS DE BOLIVIA.

Fecha	Máx. Verosimilitud	95% Inferior	95% Superior
2020-07-07	1.27	0.94	1.54
2020-07-08	1.30	0.98	1.56
2020-07-09	1.19	0.88	1.45
2020-07-10	1.07	0.75	1.32
2020-07-11	0.94	0.64	1.21

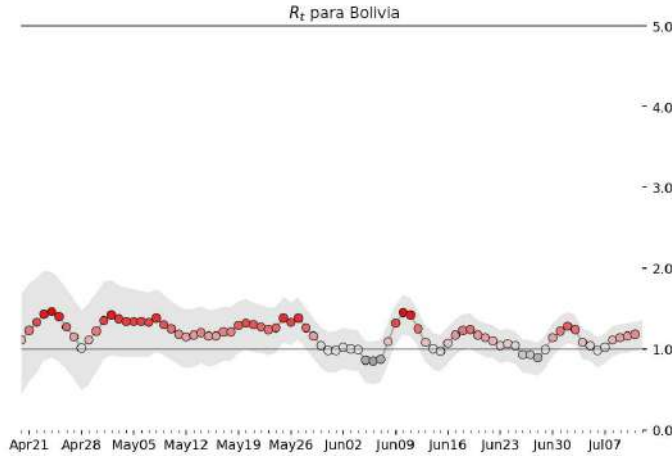


FIG. 8.— Evolución temporal de R_t para Bolivia. El valor oscila entre 1 y 2, manteniéndose la mayor parte del tiempo por debajo de los valores R_0 reportados por [4], posiblemente como consecuencia de las restricciones a la circulación impuestas durante los últimos meses (Marzo 2020 - Julio 2020) más probables junto con sus intervalos de mayor densidad.

3.4. Eligiendo un σ óptimo

En la sección previa se mostró como obtener un valor de σ , pero en el cálculo se asumió un valor arbitrario. Ahora que es posible evaluar cada departamento con cualquier sigma, se tienen todas herramientas para encontrar el mejor σ .

Se mencionó previamente que se encontraría el valor de σ que maximiza la verosimilitud de las distribuciones $P(k)$ de los datos. Para evitar hacer un ajuste muy parcializado hacia un departamento en particular, se va a elegir el sigma que maximice $P(k)$ en el conjunto de todos los departamentos. Para hacerlo, se añaden todos los logaritmos de las verosimilitudes por departamento para cada valor de σ y entre esos se elige al máximo.

3.5. Resultados por Departamento

Dado que se han seleccionado los σ 's óptimos, se toma el posterior precalculado correspondiente a ese valor de σ para cada departamento. Se calcula el intervalo de densidad más alta (95%) y también el valor más probable.

4. PROYECCIONES USANDO EL MODELO SIR

Para demostrar el valor práctico de estimar R_t se realiza una proyección del número de casos usando el

TABLA 3
VARIABLES USADAS PARA REALIZAR LA PROYECCIÓN CON EL
MODELO **SIR**

Descripción	Variable	Valor
Población de Bolivia	N	11633371
Número de infectados	I_0	31113
Número de recuperados	R	16087
Población susceptible	S_0	11586171
Tasa de contacto	β	$R_t\gamma$
Tasa media de recuperación	γ	1/14

TABLA 4
VALORES OBTENIDOS DEL MODELO **SIR** PARA EL CASO MÁS
PROBABLE

Máximo número de enfermos simultáneos	153558
Número total de casos	510944
Porcentaje de la población que se enferma	4.39%
Porcentaje de la población que no se enferma	95.48%
Número de días hasta el pico	222

valor de R_t estimado a la fecha como parámetro en el modelo **SIR**. La intención de esta proyección es ser una prueba de concepto para otras aplicaciones de la estimación de R_t que van más allá de realizar un diagnóstico de la situación presente. Dependiendo de las circunstancias, es posible aplicar otros modelos más complejos que se beneficien de un valor efectivo del número de reproducción.

Se obtuvo la tasa de contacto de la estimación previamente realizada de R_t para Bolivia y luego se realizó la integración del modelo **SIR** sobre 300 días a partir de la fecha (11 de Julio de 2020)

En el contexto de una proyección a largo plazo (300 días), el escenario más probable es solo una guía y no debería considerarse como el valor representativo del reporte. El peor escenario es el que resulta más útil para establecer una respuesta estratégica ante la pandemia. El caso nacional está lejos de ser la aplicación óptima de este modelo. Más adelante se exponen los motivos para evitar este tipo de aplicación del modelo y se sugieren algunos escenarios ideales.

5. DISCUSIÓN

5.1. Acerca de la estimación de R_t

El enfoque Bayesiano de estimación de R_t permite hacer uso de los datos disponibles para monitorear la evolución de este parámetro. El registro de sus sucesivos valores en el tiempo muestra variaciones que pueden ser identificadas como variaciones en la tasa de contagios o en la tasa de pruebas administradas, registros históricos de actividades de rastillaje, eventos masivos o variaciones en las regulaciones de circulación pueden ser usados para identificar el origen de las variaciones de R_t .

Es sumamente importante hacer notar que existe un lapso de tiempo entre el momento en que se produce el contagio y el momento en que se registra como caso positivo, por tanto debe existir un retraso

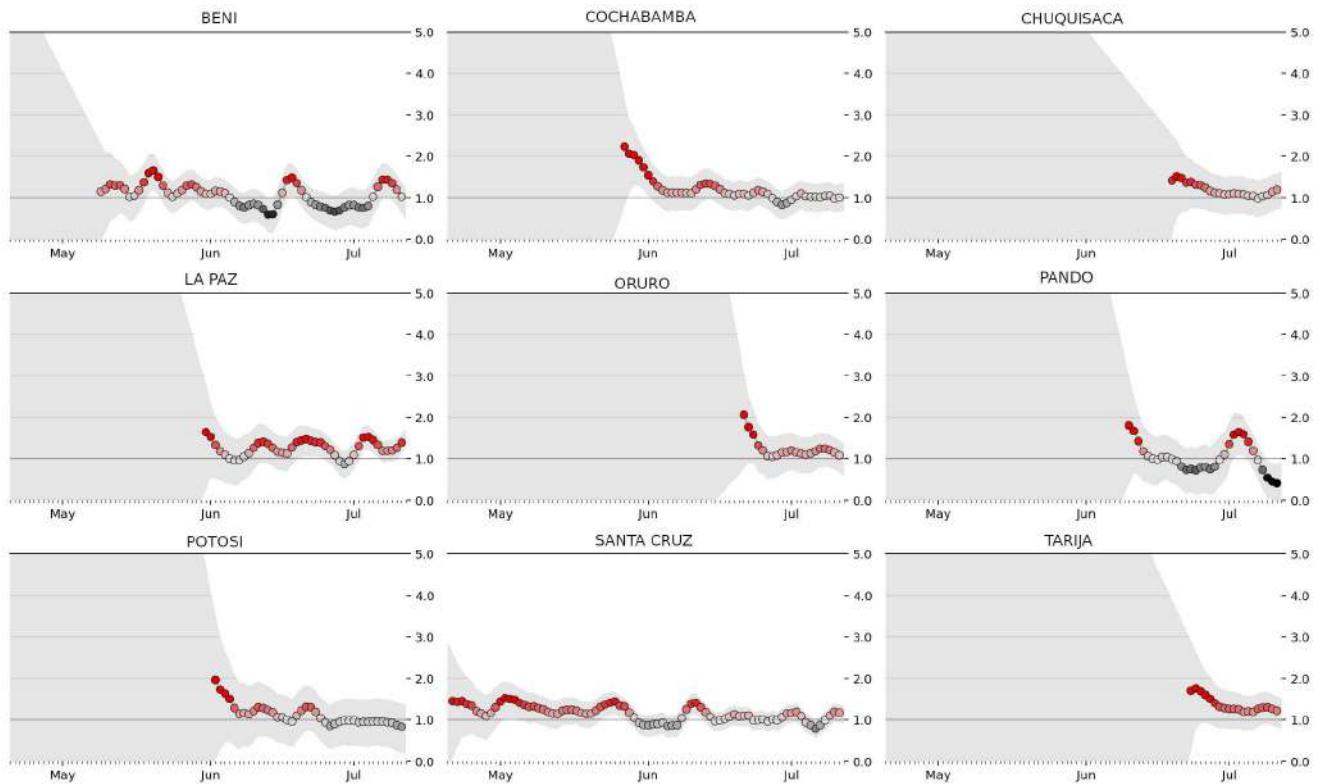


FIG. 9.— Estimaciones de R_t para los nueve departamentos de Bolivia, basadas en el reporte diario de número de casos por departamento. En departamentos con mayor número de casos, el intervalo de confianza de R_t converge más rápidamente, permitiendo al algoritmo imprimir el valor estimado de R_t . Los intervalos de confianza se van haciendo más estrechos al incrementar el número de casos. Se aprecia que R_t en la mayoría de los departamentos, a lo largo de los últimos 30 días, posee un valor ligeramente superior a 1. Lo cual indica un incremento lento en el número de casos, comparado con el incremento que se podría esperar si R_t tuviera alguno de los valores del intervalo reportado en la Tabla 1 para el COVID-19

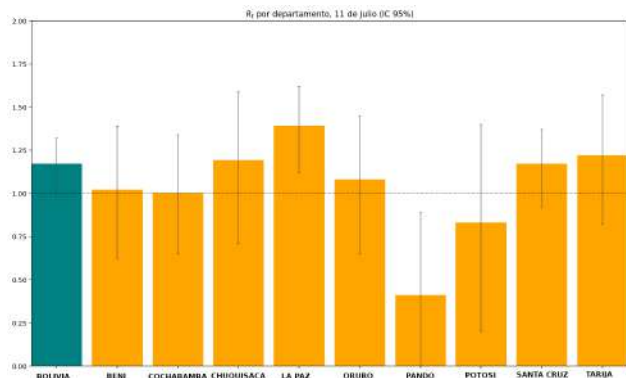


FIG. 10.— Se comparan las estimaciones de R_t al 11 de Julio de 2020 para cada departamento y para Bolivia. Los intervalos de confianza al 95% están representados por barras de error.

entre las actividades que puedan modificar R_t y el registro de la modificación de su valor. Este retraso tendrá como principales componentes: el intervalo entre el contagio, la aparición de síntomas y la atención médica, además del tiempo de procesamiento de la prueba, en casos rurales se especula que estos tiempos pueden ser significativamente mayores debido a la necesidad del traslado del paciente o de la muestra. Por otro lado, los datos disponibles no especifican el tipo de prueba utilizada para la confirmación del caso, dada la administración de pruebas rápidas de COVID-19 se debe advertir

que el retraso de las variaciones de R_t puede verse afectado, esto implica una pérdida de resolución temporal. Sin embargo, las tendencias a plazos más largos que la diferencia entre pruebas rápidas y pruebas regulares se mantienen inalteradas, en otras palabras, puede que los picos sean menos pronunciados o más extendidos en el tiempo.

Es importante mencionar que en el caso de Bolivia la cantidad de pruebas por habitante es todavía baja comparada con otros países, esto añade incerteza a los datos manejados. Dado que uno de los principales intereses en el monitoreo de R_t es el de evaluar los efectos de cambios en restricciones sociales (circulación, distanciamiento social y otros), y que a pesar de la mayor incertidumbre, las tendencias inducidas por estas restricciones son capaces de reflejarse proporcionalmente en los casos que se registran, por tanto no se puede descartar R_t en base a una incertidumbre respecto al número de casos totales o a la proporción de casos registrados. Objeciones a este último argumento podrían ser que de alguna forma las restricciones no se apliquen equitativamente a toda la población, o que de alguna forma las pruebas se administren sistemáticamente a cierta parte de la población y no a otra.

Ya que diferentes regiones y ciudades tienen diferentes formas de implementar las restricciones,

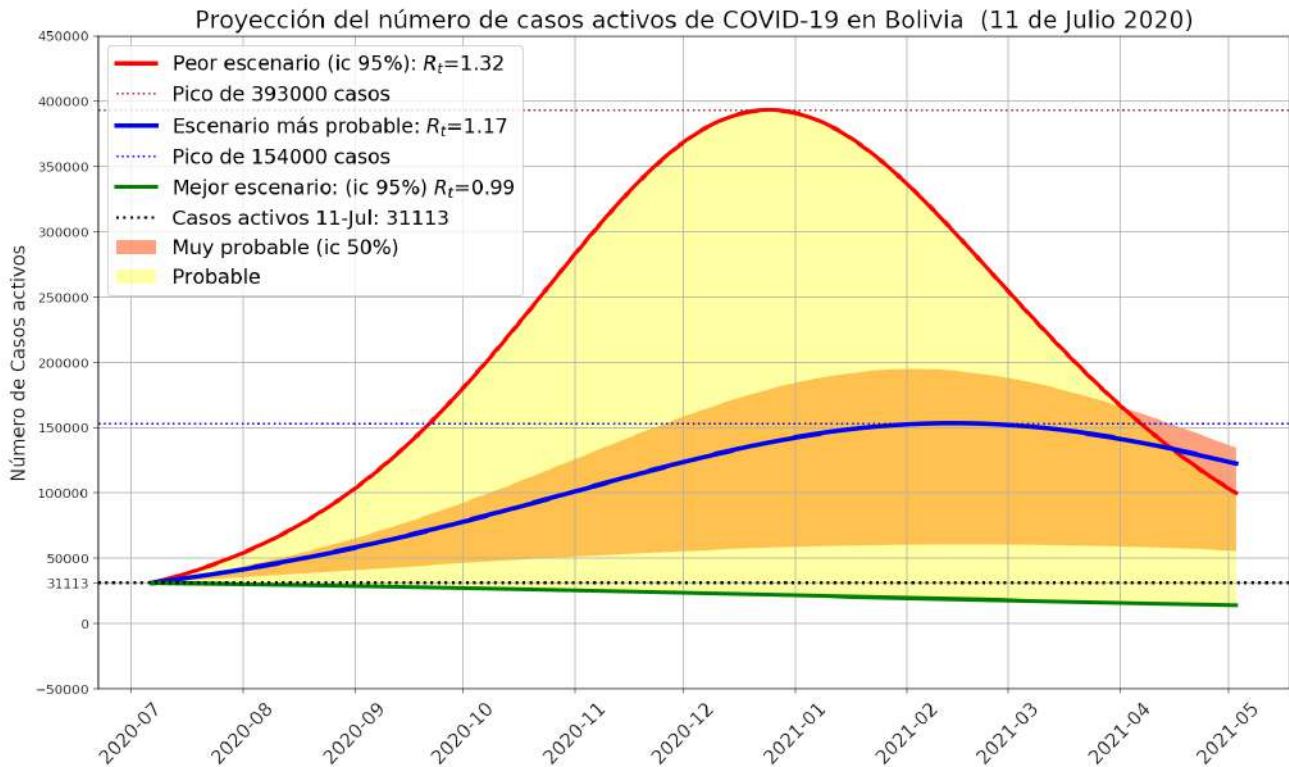


FIG. 11.— En este gráfico se muestran 5 proyecciones distintas del número de casos activos. El escenario más probable proviene de la estimación de R_t que posee la máxima verosimilitud. El mejor y peor escenario provienen de los valores límite del intervalo de confianza de R_t al 95%. También se incluyeron otras dos proyecciones para los valores límite del intervalo de confianza al 50%, que aparecen delimitando el área marcada como Muy probable. Estas proyecciones muestran los diferentes plazos para alcanzar pico de casos activos, el más próximo (al 11 de Julio de 2020) es un pico que ya debería haberse alcanzado en días previos, y el más alejado es un pico en el mes de Febrero de 2021. Evidentemente este resultado es trivial, dado que comprende un intervalo de varios meses.

además de diferentes variables ambientales, es necesario recomendar la estimación de R_t a la escala más pequeña posible. Idealmente a nivel de ciudades o incluso barrios, si es que existe un gran número de casos. A escala nacional su uso es contraproducente ya que cada región suele poseer diferente número de habitantes, diferente proporción inicial de casos y diferente densidad poblacional, todos factores que afectan fuertemente las estimaciones de R_t y el número de casos futuros. Dado que R_t depende fuertemente del número de casos activos, una estimación nacional de R_t va a estar desproporcionadamente influenciada por las regiones con mayor número de casos totales, independientemente de otros factores, lo cual puede generar una perspectiva errónea de la situación para cada región.

5.2. Hallazgos en los datos analizados

Las Figuras 9 y 10 muestran valores de R_t que inicialmente convergen hacia 1 y oscilan por encima del mismo. Lo cual indica una situación en la cual los casos nuevos continúan incrementando, pero a un ritmo inferior al que se podría esperar considerando que el mínimo R_0 de la literatura disponible a la fecha es de 1.5 [Liu et al. (2020)]. Esto implica que las restricciones a la circulación que han estado vigentes en los primeros meses de la pandemia de COVID19 están teniendo el efecto de reducir los contagios y mantener el número de casos activos

dentro de un rango pero no lo suficiente como para que empiece a reducir.

Los intervalos de confianza revelan que en varios departamentos, especialmente Pando y Potosí, existe una elevada incertidumbre en el valor de R_t . Dos factores contribuyen a esto: La baja cantidad de casos y la gran variabilidad en el número de casos nuevos que se reportan. Las causas de esa variabilidad pueden ser demográficas (elevada población con bajo acceso a centros de salud capaces de realizar pruebas) o técnicas (falta de suficiente número de pruebas para ser administradas, falta de suficientes laboratorios capaces de analizar el volumen de pruebas realizado, o falta de personal de laboratorio suficiente).

5.3. Acerca de la proyección usando el modelo SIR

Se justifica el uso del modelo SIR para la proyección del número de casos activos bajo los siguientes argumentos:

- El modelo SIR es simple: sus parámetros son posibles de medir y su interpretación inmediata está al alcance de los profesionales de la salud, de los encargados de la administración pública y puede hacerse accesible a la población en general.
- Existen numerosas fuentes de referencia,

y mucha teoría epidemiológica desarrollada alrededor del modelo SIR y sus variantes, haciendo que la progresión hacia modelos similares pero más sofisticados sea natural y relativamente libre de complicaciones.

- Modelos derivados no se especializan tanto en enfermedades emergentes como el modelo SIR. Ya que la gran mayoría de la población todavía es susceptible (más del 99%, a la fecha).

5.4. Limitaciones del modelo SIR

El modelo SIR asume que todo individuo es capaz de interactuar con todo otro individuo de la población. También asume que la población es constante (no toma en cuenta cambios en la población resultado de nacimientos, fallecimientos o migración). También asume que los recuperados no vuelven a infectarse. No toma en cuenta variaciones la tasa de recuperación relacionadas con características como edad o sexo. Por último, tampoco toma en cuenta la variación de los parámetros biológicos de virus (mutaciones) que podrían modificar su transmisibilidad o la progresión temporal de la enfermedad en el infectado.

Como los intervalos de tiempo que se pretenden modelar son meses, la variación de la población que se puede esperar debida a nacimientos y fallecimientos es pequeña y es razonable no tomarla en cuenta en el modelo. La migración esta fuertemente restringida así que también se puede despreciar. A la fecha todavía no se han confirmado casos de recuperados que vuelvan a infectarse y esparcir la enfermedad, si bien no se conoce si la inmunidad es permanente, el tiempo de inmunidad parece ser lo suficientemente largo como para que no se necesite modificar el modelo si es aplicado en el intervalo de meses, tal y como se pretende. Se afronta el problema de las diferencias en las tasas de recuperación entre diferentes grupos etarios de la población mediante usar un valor promedio de toda la población, ya que se trata de una cantidad grande de casos esta estimación es razonable. En cuanto a las mutaciones del virus, se puede esperar que el virus cambie a lo largo de años o meses, si se realizan proyecciones a días o semanas es razonable esperar que los parámetros biológicos del virus no hayan cambiado apreciablemente. Esto último subraya la importancia evitar las proyecciones de largo y mediano plazo.

La última consideración respecto a limitaciones del modelo SIR se refiere la posibilidad de un individuo de interactuar con todos los otros individuos de la población. Dadas las restricciones vigentes a viajes es posible decir que cada ciudad esta aislada de las otras, esto hace que el modelo SIR no sea estrictamente válido para el caso nacional, o para los casos departamentales. Esta última consideración no es válida solo para este modelo, sino que es válida para todo otro modelo que no considere que la población

esta acumulada en compartimentos geográficos. La solución ideal a esto es aplicar el modelo SIR a cada localidad, determinando previamente el R_t local.

5.5. Otras consideraciones

La propagación del virus también depende de factores sociales, que solo pueden ser tomados en cuenta invocando múltiples variables, esto añade considerablemente a la complejidad de cualquier modelo que intente describirlo. También se puede argumentar que la percepción social sobre la seriedad de la propagación afecta la propia propagación, ese es un indicador de la no-linealidad del fenómeno observado. Otros fenómenos no lineales, por ejemplo el clima, no suelen pronosticarse a largo o incluso mediano plazo.

6. CONCLUSIONES

Los datos analizados a través del modelo demuestran una tendencia de R_t acorde a las circunstancias presentes y además sugieren dificultades que pudieran estar atravesando algunos departamentos. Lo cual manifiesta la importancia de vigilar esta métrica.

Debido a que R_t depende de factores biológicos, sociales y ambientales que son distintos en cada núcleo poblacional. Se debería estimar el valor de R_t para cada núcleo poblacional que tenga suficientes casos para realizar la estimación.

A raíz de los posibles cambios poblacionales por nacimientos y fallecimientos, la incertidumbre acerca de la permanencia en el estado inmune y la posibilidad de mutación del virus, no es recomendable hacer proyecciones a largo plazo.

Debido a las restricciones a los viajes entre ciudades, es recomendable que el modelo SIR se aplique a núcleos poblacionales y no a grupos de ciudades o a países enteros.

La naturaleza social de la propagación del virus limita seriamente la posibilidad de hacer pronósticos muy extendidos en el tiempo sobre número de casos.

6.1. Consideraciones finales

Se ha mostrado como prueba de concepto que es posible hacer una proyección del pico de casos a nivel nacional con las herramientas expuestas en este artículo, pero solo se pretende su análisis a nivel ilustrativo, para luego ser reproducido a escala de núcleos urbanos.

Ante la importancia de una interpretación clara, se hace necesario señalar algunos casos ideales de aplicación de estos métodos y modelos:

- Es ideal usar la estimación de R_t para evaluar el efecto de un cambio de las restricciones de la cuarentena. Se debe tomar en cuenta un retraso hasta que el cambio se vea reflejado en el valor de R_t .
- Es ideal usar el modelo SIR en conjunción con la estimación local de R_t para determinar cuanto tiempo se tiene hasta que el número de casos rebasa la capacidad hospitalaria local.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece muy profusamente a Kevin Systrom, quien inspiró la producción de este artículo y que contribuyó en gran medida al mismo a través de

código en python.

Conflicto de intereses

El autor declara que no hay conflicto de intereses con respecto a la publicación de éste documento.

REFERENCIAS

- Alberti, T. & Faranda, D. 2020, *Commun Nonlinear Sci Numer Simul*, 90, 105372
- Bayes, T. & Price, R. 1763, *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, 53, 370
- Bettencourt, L. M. A. & Ribeiro, R. M. 2008, *PLOS ONE*, 3 (5), e2185
- Delamater, P. et al. 2019, *Emerging Infectious Diseases*, 25
- Du, Z. et al. 2020, *Emerging Infectious Diseases*, 26, 1341
- Fraser, C. et al. 2009, *Science*, 324, 1557
- Kermack, W. O. & McKendrick, A. G. 1927, *Proc. R. Soc. Lond.*, 115, 700
- Liu, Y., Gayle, A. A., Wilder-Smith, A., & Rocklöv, J. 2020, *Journal of Travel Medicine*, 27, 2
- MinSalBol. 2020, <https://www.boliviasegura.gob.bo/estadisticas.php>
- Ridenhour, B., Kowalik, J. M., & Shay, D. K. 2018, doi:10.2105/AJPH.2013.301704s
- Systrom, K. 2020, <http://systrom.com/blog/the-metric-we-need-to-manage-covid-19/>
- Tsallis, C. & Tirnakli, U. 2020, doi.org/10.3389/fphy.2020.00217
- Vink, M. A., Christoffel, M., Bootsma, J., & Wallinga, J. 2014, *American Journal of Epidemiology*, 180, 865

ANÁLISIS DE UN MODELO MATEMÁTICO SIMPLE PARA LA DESCRIPCIÓN DE PROPAGACIÓN DE COVID-19

ANALYSIS OF A SIMPLE MATHEMATICAL MODEL FOR DESCRIBING THE COVID-19 SPREADING

JUAN DENNIS TEJEIRA-HUACANI[†]

Carrera de Física, Universidad Mayor de San Andrés
Campus Universitario, c. 27 Cota-Cota, Casilla de Correos 8635
La Paz - Bolivia

RESUMEN

Se realizó el análisis de la propagación epidémica usando una modificación del modelo SIR para el COVID-19. Mediante un análisis de estabilidad lineal se muestra que los estados asociados a los puntos fijos llegan a ser inestables. Además se hace un análisis de la dinámica del sistema considerando medidas de contención, y se concluye que estas son útiles para disminuir el número de personas infectadas.

Descriptores: Enfermedades — educación — dinámica no lineal.

Código(s) PACS: 87.19.xd, 01.40.-d, 05.45.-a

ABSTRACT

The analysis of the epidemic spread was carried out using a modification of the SIR model for the COVID-19 virus. A linear stability analysis shows that the fixed states become unstable. In addition considering containment measures of the system it is concluded that these measures are useful to reduce the number of infected people.

Subject headings: Diseases — education — nonlinear dynamics.

1. INTRODUCCIÓN

La humanidad ha estado en contacto con agentes patógenos desde mucho tiempo atrás. Patologías como la influenza o el SARS, vinculadas a virus causaron desastres a nivel económico-social en los últimos años; sin embargo, siempre fue posible encontrar soluciones gracias al trabajo de la comunidad científica.

Por un lado, los biólogos realizan estudios de los anticuerpos necesarios para combatir la enfermedad. Por otra parte, los químicos y bioquímicos se encargan de analizar las reacciones que suceden al operar con ciertos compuestos. Finalmente, los médicos son los que se ocupan de optimizar los tratamientos a través del suministro de medicamentos y vacunas cuando es posible.

Otros científicos de las denominadas ciencias duras también cumplen una función muy importante, que consiste en la formulación de modelos que puedan ayudar a tomar decisiones paliativas y de contingencia de la epidemia. Sin embargo, somos concientes que dadas las características del sistema a estudiar, estos modelos tienen un poder predictivo limitado en el tiempo como lo apunta Manrubia (2020).

La herramienta matemática que nos permite realizar esto es el análisis de los sistemas de ecuaciones diferenciales no lineales compartimentales, que expresan el cambio de las variables dinámicas en un intervalo de tiempo, como es el caso de los modelos epidemiológicos. En particular, la epidemiología de las enfermedades virales es una disciplina que se encarga del estudio de factores determinantes, predicciones y control de los factores relacionados con las implicaciones correspondientes en lo que a la salud se refiere tal como Pliego Pliego (2011) lo indica.

El centro de estudio de estos modelos epidemiológicos es la dinámica de la transmisión de una cierta enfermedad. Esto nos permite seleccionar un determinado modelo basado en dicha dinámica. En este artículo se realizará el estudio de la propagación de COVID-19.

El coronavirus tipo 2, responsable del síndrome respiratorio agudo grave (SARS-CoV-2) es el virus causante de la enfermedad del mismo nombre. Su expansión mundial ha generado una pandemia que causó diversas reacciones en cada país. La transmisión de este virus ocurre a través de la difusión de pequeñas gotas de saliva que se emiten al hablar, estornudar o respirar, que al ser expelidas por un portador (que posiblemente no presente ningún síntoma) pueden pasar directamente a otra

[†]jtejeirah@fcpn.edu.bo

persona mediante la inhalación.

Un hecho importante sobre la enfermedad es que un infectado no presenta síntomas de la enfermedad hasta una semana después en promedio. Esto causa un gran peligro, pues es difícil de identificar un foco de infección para iniciar un aislamiento del enfermo. Otro dato es que el período de recuperación en promedio es de 25 días con hospitalización como lo señala la Organización Mundial de la Salud (2020).

El presente artículo inicia con la presentación a modelos epidemiológicos como el SIR y el SAIR. Posteriormente, haciendo uso del segundo modelo mencionado, se realiza el análisis de poblaciones observando los estados asociados a puntos fijos. Se escoge un conjunto de parámetros adecuados, obteniéndose la evolución del número de casos positivos (infectados) para el país, lo que se compara con los datos oficiales reportados por las autoridades de salud bolivianas. Finalmente, se dan las conclusiones y perspectivas del trabajo.

2. MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

Existen muchos modelos epidemiológicos que son capaces de describir la propagación de epidemias. Aquí se tratarán el modelo SIR y una modificación del mismo denominada modelo SAIR.

2.1. Modelo SIR

El modelo epidemiológico SIR es un modelo que contempla a tres tipos de poblaciones de individuos: susceptibles S , infectados I y removidos R . Este modelo se describe por las siguientes relaciones:

$$\begin{aligned} S &\xrightarrow{B} I \\ I &\xrightarrow{\gamma} R, \end{aligned}$$

donde B y γ son las tasas de infección y recuperación respectivamente. Para el caso del coronavirus usamos $\gamma = 1/25$. Considerando que la tasa de infección incrementa si la cantidad de infectados es mayor, por lo que se puede considerar que B es:

$$B = \beta \frac{I}{N}.$$

Siendo β la cantidad de contagios por infectado y N es la población total. De esta manera, las ecuaciones diferenciales asociadas al sistema dinámico son:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \gamma I. \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned} \quad (1)$$

2.2. Modelo SAIR

Este modelo resulta de introducir un nuevo tipo de población en el modelo SIR, la cual corresponde a los individuos asintomáticos A . Por consiguiente, el modelo SIR se modifica de manera que las interacciones compartimentales quedan como lo señalan Gutiérrez & Varona (2020). De acuerdo con lo anterior, la introducción de la población de un nuevo

grupo, conduce a que las interacciones compartimentales tomen la forma:

$$\begin{aligned} S &\xrightarrow{B} A \\ A &\xrightarrow{\sigma} I, \\ I &\xrightarrow{\gamma} R \end{aligned}$$

donde los coeficientes B y γ mantienen sus definiciones expuestas anteriormente, y σ es el intervalo de tiempo en el cual un individuo asintomático llega a presentar los síntomas respectivos de la enfermedad. En el caso del COVID-19, se considera $\sigma = 1/7$. De esta manera, las ecuaciones diferenciales de este sistema son:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dA}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \sigma A, \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma A - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned} \quad (2)$$

que es el modelo que se utiliza en el análisis.

3. ANÁLISIS DEL MODELO SAIR

A partir de las Ecs. (2), se realiza un análisis de estabilidad lineal tal como lo explica Nicolis (1995), encontrándose como punto fijo el mostrado en la Tabla 1:

TABLA 1
PUNTO FIJO 1 DEL SISTEMA.

Población	Personas
S	S_0
A	0
I	0
R	R_0

También se encuentran los autovalores:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= 0 \\ \lambda_{2,3} &= -\frac{\gamma + \sigma \pm \sqrt{\gamma^2 - 2\gamma\sigma + \sigma^2 + \frac{4\beta\sigma N S_0}{N}}}{2}, \end{aligned}$$

de donde se tiene que la estabilidad del sistema dependerá de los valores de los parámetros y la condición inicial para la población de individuos susceptibles.

Se consideran los datos correspondientes a Bolivia. Se toma una población de $N = 10627269$ habitantes. El modelo de predicción indica la evolución mostrada en la Fig. 1 donde se comparan la curva obtenida mediante el modelo con los datos oficiales dados por las

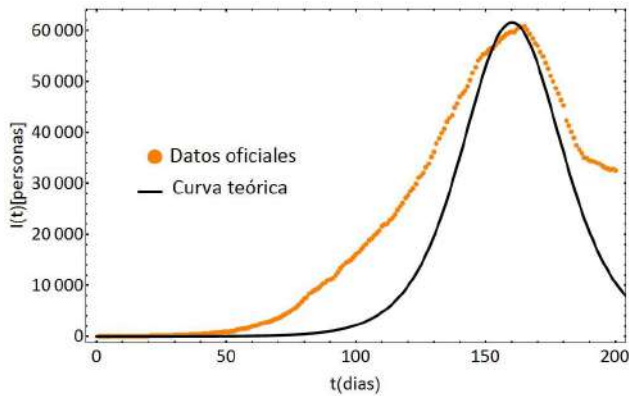


FIG. 1.— Curva de evolución de individuos infectados utilizando el modelo SAIR con condiciones iniciales $S_0 = 10627267$, $A_0 = 2$, $I_0 = 0$, $R_0 = 0$, con valores para los parámetros: $N = 10627269$, $\beta = 1.15$, $\gamma = 0.97$, $\sigma = 0.85$; comparada con la evolución de infectados construida a partir de datos oficiales.

autoridades de salud contenidos y reportados por Observatorio del Gobierno Autónomo Municipal de La Paz (2020) Como se puede notar, existe una relativa concordancia entre la curva obtenida mediante el modelo y los datos oficiales del número de individuos infectados Las discrepancias pueden deberse a múltiples aspectos, entre los que se pueden mencionar:

- La no consideración en el modelo de los individuos que fallecen
- El carácter global que se le da al modelo cuando pertinenientemente se conoce que cada región tiene su propia dinámica

- Las incertidumbres que se pueden tener con los datos oficiales
- La difícil identificación de los individuos asintomáticos.
- El modelo no considera las medidas de contención adoptadas.

4. CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS

El modelo SIR modificado es una herramienta muy útil para reproducir de manera aproximada la evolución de cada población ya permite inferir los aspectos ligados a la estabilidad, pues ante una variación se pueden obtener resultados completamente diferentes. Aunque el modelo permite una descripción aproximada en lo que se refiere al máximo número de infectados de lo que se podría llamar una “primera ola”, encontramos algunas deficiencias del modelo a nivel conceptual; por ejemplo, el considerar que la población total se mantiene constante, cuando pertinenientemente se sabe que una parte de los infectados puede llegar a morir. Está claro que el modelo puede ser mejorado y refinado para obtener comportamientos más realistas y así poder tener la chance de darle un carácter predictivo como es deseable. Los aspectos ligados a los efectos de las medidas de contención podrían ser tenidos en cuenta mediante la introducción de incrementos dinámicos del parámetro β , el cual pasaría a ser función del tiempo Finalmente, aspectos tales como la existencia de vacunas podrían también ser incorporados en el sistema dinámico, constituyendo los individuos vacunados, un nuevo compartimiento poblacional.

Conflicto de intereses

El autor declara que no hay conflicto de intereses con respecto a la publicación de éste documento.

REFERENCIAS

Gutiérrez J. M. & Varona J. L. 2020, “Análisis del COVID-19 por medio de un modelo SEIR”. <https://institucional.us.es/blogimus/2020/03/covid-19-analisis-por-medio-de-un-modelo-seir/>

Manrubia, S. 2020, *Physics*, **13**, 166

Nicolis, G 1995, *Introduction to Nonlinear Science*, (Cambridge: Cambridge University Press).

Observatorio del Gobierno Autónomo Municipal de La Paz *Estadísticas de Casos Confirmados de Coronavirus en Bolivia*. <http://observatoriocovid19.lapaz.bo/observatorio/index.php>.

“Brote de Enfermedad por Coronavirus: Orientaciones” 2020. En el Sitio WEB de la Organización Mundial de la Salud. <https://www.who.int/es>

Pliego Pliego, E .C. 2011, “Modelos Epidemiológicos de Enfermedades Virales Infecciosas”, en *Tesis de Licenciatura en Matemáticas en la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla*.

REVISTA BOLIVIANA DE FÍSICA

COMITÉ EDITORIAL

Sociedad Boliviana de Física

Lic. Alfonso Velarde Chávez

Email: avelarde@fiumsa.edu.bo

Instituto de Investigaciones Físicas

Dr. Flavio Ghezzi Moris

Email: fghezzi@fiumsa.edu.bo

Dr. Wilfredo Tavera Llanos

Email: witavera@fiumsa.edu.bo

Carrera de Física

Dr. Armando R. Ticona Bustillos

Email: aticona@fiumsa.edu.bo

Casilla 8635, La Paz – Bolivia. Tel.: (591-2) 2792999, Fax: (591-2) 2792622

Misión

La Revista Boliviana de Física (RBF) es el órgano oficial de la Sociedad Boliviana de Física (SOBOFI) y se publica semestralmente en forma conjunta con el Instituto de Investigaciones Físicas y la Carrera de Física de la Universidad Mayor de San Andrés (IIF-UMSA).

La RBF busca difundir la producción científica de la comunidad de físicos y profesionales de ciencias afines, especialmente dentro de Iberoamérica.

Secciones

Los artículos, revisiones y colaboraciones se distribuyen en las siguientes secciones:

- A. **Artículos:** Son trabajos que presentan material nuevo y original. Para su publicación, deben ser revisados y aprobados por árbitros del Consejo Editorial. Los artículos deberán tener un resumen no mayor a 200 palabras y secciones de Introducción, Métodos y Procedimientos, Resultados y/o Discusión de datos, Conclusiones y Referencias.
- B. **Contribuciones y Revisiones:** Estos trabajos no presentan, necesariamente, material original sino que definen la posición del (de los) autor(es) sobre un determinado tópico de debate (en el caso de Contribuciones) o bien, son una revisión de temas conocidos en algún área de la física (en el caso de Revisiones). Las contribuciones deberán estar orientadas hacia la difusión de algún problema o debate interpretativo. Las revisiones estarán orientadas a exponer temas de trascendencia para el desarrollo de las ciencias relacionadas con la física, o exponer en forma didáctica algún tema que los autores encuentren que no ha sido tratado en forma adecuada en la literatura asequible en lengua castellana.
- C. **Memorias de la Reunión Anual de la SOBOFI u otras reuniones de física:** Esta sección reúne los resúmenes de los trabajos presentados durante la última Reunión Nacional Anual de la SOBOFI o de otras reuniones científicas importantes sobre física.
- D. **Enseñanza de la Física:** Esta sección está dedicada a artículos que tratan sobre problemas relacionados a la enseñanza de la física o a la promoción del estudio de la física entre los jóvenes estudiantes. Se incorporan regularmente en esta sección los exámenes de las Olimpiadas de Física y las Olimpiadas de Astronomía y Astrofísica. Las contribuciones a esta sección son seleccionadas exclusivamente por el Comité Editorial.
- E. **Historia:** Esta sección se dedica a la conmemoración de hechos importantes en la historia de la Física Boliviana e Iberoamericana. De igual manera, se orienta a la recopilación de publicaciones relacionadas a la física que, por su importancia histórica, merecen ser nuevamente publicadas.

Instrucciones para los autores

La Revista Boliviana de Física recibe trabajos escritos en castellano, inglés o portugués y deben contar con un resumen en castellano y su correspondiente traducción en inglés.

Los autores deberán enviar sus trabajos preferentemente en los formatos $\text{\LaTeX} 2_{\epsilon}$, *MS Word*, o *sólo texto* (con extensiones *.tex*, *.doc* y *.txt*, respectivamente), ya sea mediante una copia en dispositivo magnético o bien por correo electrónico. En este caso, deberán incluir una carátula donde se especifique el título del trabajo, los nombres de los autores, las direcciones (postal y/o electrónica) y el resumen del trabajo. Además, las figuras, tablas y notas de pie de página contenidas deberán estar indicadas en el texto, debidamente numeradas y referenciadas. Las figuras deberán tener una resolución razonable a fin de que puedan ser vistas con suficiente claridad por el lector.

Los artículos científicos serán revisados por el Comité Editorial y posteriormente por un par de árbitros anónimos quienes dan el veredicto sobre si el artículo es aceptado o no.

La comunicación de los autores con los árbitros se realiza únicamente a través del editor encargado del área.

Los trabajos y consultas sobre la RBF deberán enviarse a las direcciones del Comité Editorial indicadas arriba.

Conflicto de interés: Los autores que envíen artículos para su publicación en la RBF admiten que no tienen conflicto de interés en relación a los trabajos realizados y presentados.

CONTENIDO

A. ARTÍCULOS

COVID-19 EN BOLIVIA: ESTUDIOS Y CONSECUENCIAS DEL
MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIRASD

M. L. Peñafiel & G. M. Ramírez-Ávila

MODELO DE AUTÓMATA CELULAR PARA LA PROPAGACIÓN
DE COVID-19

Alejandra Vargas, Flavio Ghezzi & Armando R. Ticona-Bustillos

ESTIMACIÓN DE LA PROBABILIDAD DE CONTAGIO DE
COVID-19 POR AEROSOLES EN AMBIENTES CERRADOS:
APLICACIONES A CASOS EN LA CIUDAD DE LA PAZ, BOLIVIA

Fernando Velarde, Rubén Mamani-Paco & Marcos Andrade-Flores

NÚMERO EFECTIVO DE REPRODUCCIÓN DEL COVID-19 EN
BOLIVIA

Daniel Bellot

B. CONTRIBUCIONES Y REVISIONES

ANÁLISIS DE UN MODELO MATEMÁTICO SIMPLE PARA LA
DESCRIPCIÓN DE PROPAGACIÓN DE COVID-19

Juan Dennis Tejeira-Huacani