

# Modelo SEAIR con percepción de riesgo para la CoVid19. Caso Cuba

## SEAIR model with risk perception for CoVid19. Case Cuba

Aymée Marrero Severo<sup>1\*</sup>, Daniel Menció Padrón<sup>2</sup>, Gabriela Bayolo Soler<sup>1</sup>

**Resumen** En este trabajo se propone una variante de modelo poblacional SEIR aplicado a la Epidemiología, distinguiendo entre las poblaciones de infectados sintomáticos y asintomáticos, para representar la dinámica de transmisión de la CoVid19, con funciones que simulan las acciones gubernamentales e individuales ante la percepción de riesgo. Se obtuvieron expresiones para el número reproductivo básico y la tasa de contagio, variables en el tiempo, lo que permitió simular diferentes escenarios y presentar predicciones, que deben ayudar a la acción de control de dicha pandemia, según datos en Cuba.

**Abstract** In this paper is proposed a variant of SEIR model applied to the Epidemiology, distinguishing among the populations of infected symptomatic and asymptomatic, to represent the dynamics of transmission of CoVid19, with functions that simulate the government actions and individual perception of risk. The expressions that were obtained for the reproductive basic number and the infection rate, variables in the time, allow to simulate different scenarios and to present predictions that should help into the action of control of this pandemic, according to data in Cuba.

### Palabras Clave

Modelo SEAIR, CoVid19, Número Reproductivo Básico, tasa de transmisión

### Keywords

SEAIR Model, CoVid19, Basic Reproductive Number, Transmition Rate

<sup>1</sup>Departamento de Matemática, Universidad de la Habana, La Habana, Cuba, [aymee@matcom.uh.cu](mailto:aymee@matcom.uh.cu), [gabriela.bayolo@matcom.uh.cu](mailto:gabriela.bayolo@matcom.uh.cu)

<sup>2</sup>Departamento de Matemática, Universidad de la Habana, La Habana, Cuba, [daniel.mencio@fec.uh.cu](mailto:daniel.mencio@fec.uh.cu)

\*Autor para Correspondencia, Corresponding Author

## Introducción

Las instituciones de Salud Pública y las instancias gubernamentales en Cuba comenzaron a diseñar una estrategia de enfrentamiento a la nueva enfermedad denominada CoVid19, producida por el virus SarsCov2 desde que los reportes de Wuhan, China permitían predecir la posibilidad de una nueva epidemia. Pero a partir del 11 de marzo de 2020 cuando se reportaron los primeros casos en nuestro país, se aceleraron los estudios, trabajos y propuestas de modelación de la dinámica de la misma entre la comunidad científica, con vistas a brindar información y herramientas de control al Sistema de Salud y al Estado, para enfrentarla. Desde los primeros reportes en China a finales de diciembre de 2019, y en menos de 3 meses, la mayoría de los países sufren los devastadores embates de este nuevo coronavirus y en la mayoría se han declarado estados de emergencia, con cierre de escuelas y universidades, cancelación de actividades y eventos presenciales, reducción de la movilidad de los empleados en las empresas, propiciando y estimulando políticas de trabajo desde casa. Todo esto, con la intención de disminuir la propagación y por ende, la velocidad

de la extensión de la enfermedad, que aún no tiene tratamiento específico y mucho menos vacuna o inmunidad. La propuesta relativamente eficaz de la comunidad científica es el llamado distanciamiento o aislamiento social, que no sólo ayudaría a elevar las tasas de supervivencia de esta enfermedad, sino que, al reducir el contacto de persona a persona para que la epidemia se propague lo menos posible y no genere valores máximos elevados de infectados y enfermos, permitiría que no colapsaran los servicios de salud por falta de recursos tanto humanos como materiales [5], [7], [8].

## 1. La modelación biomatemática

A pesar de que a la Matemática la distingue un alto rigor y formalismo que pudiera contrastar con la naturaleza más descriptiva de la Biología, la diferencia no ha sido obstáculo para un matrimonio largo y fructífero, creando las bases de una interacción dialéctica mutuamente ventajosa para ambas ciencias.

La aplicación del razonamiento matemático en la biología ha tenido un efecto de retroalimentación notable y data de

tiempos inmemoriales en el marco de epidemias como la peste, las gripes o influencias, en que los matemáticos han tratado de mostrar y analizar datos, explicarlas y predecirlas.

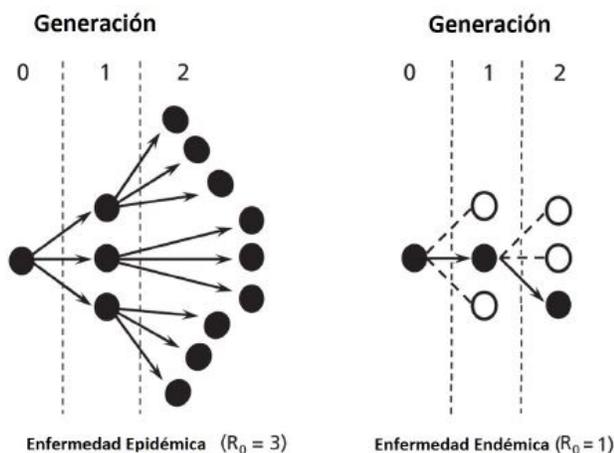
Modelar matemáticamente no es más que "traducir" al lenguaje de ecuaciones, variables, funciones, la dinámica de fenómenos que ocurren en la vida y las herramientas más empleadas para ello son los sistemas dinámicos y las ecuaciones diferenciales, la teoría de grafos o redes, la teoría de la probabilidad y estadística y los procesos estocásticos.

En particular en la Epidemiología tienen un valor inestimable los llamados Modelos Poblacionales, que subdividen a la población de estudio en subpoblaciones según los atributos que las distinguen, permitiendo usar tipos clásicos de modelos con parámetros diferentes para simular lo que ocurre en un brote epidemiológico y en la transmisión social de una determinada enfermedad.

### 1.1 Modelo SIR

El más simple de los modelos poblacionales aplicados a la Epidemiología es el llamado modelo SIR, definido por ecuaciones diferenciales ordinarias (por la manera natural en que este tipo de ecuaciones describe las variaciones en el tiempo) que considera las subpoblaciones de Individuos Susceptibles, Infectados y Recuperados y que permite calcular expresiones para el importante *Número Reproductivo Básico* ( $R_0$ ), cuyo valor ayudará a predecir si a partir de un brote inicial, la enfermedad se extinguirá (cuando  $R_0 < 1$ ), será endémica (cuando  $R_0 = 1$ ), o transitará a pandemia (cuando  $R_0 > 1$ ), pues representa la cantidad de nuevos casos que, en promedio, generará un infectado.

La figura 1 muestra de manera gráfica, una interpretación del significado del número reproductivo básico  $R_0$ .



**Figura 1.** Representación gráfica del número reproductivo básico. Figura tomada de [9]

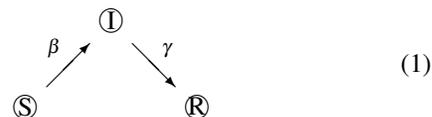
En el caso de la CoVid19, la mayoría de los artículos publicados entre enero y marzo de 2020 aseguran que  $2 < R_0 < 4$ . De forma sucinta puede asegurarse que el  $R_0$  depende entre otros, de los siguientes factores:

- Duración de la Infección

- Cantidad de Contactos por día
- Probabilidad de Transmisión
- Susceptibilidad al Contagio

Esta clase de modelos son el cimiento para otros tipos más complejos que consideran especificidades como la latencia de ciertas dolencias, la inmunidad natural o inducida por vacunas, el comportamiento estacional, entre otros aspectos.

Describe la más simple de las dinámicas de transmisión considerando que cierta proporción de la población de Susceptibles establece contacto transmisor con un infectado y tiene probabilidad de contagiarse con tasa  $\beta$ , por lo que transitará a la subpoblación de Infectados. Finalmente, la subpoblación de Recuperados se nutre de los Infectados que pasan el período de infestación de la enfermedad y se recuperan. Es clásico, en el caso de brotes epidémicos, no considerar nacimientos y muerte naturales por el corto intervalo de tiempo que se analiza, aunque cuando proceda debe incorporarse la muerte por la enfermedad.



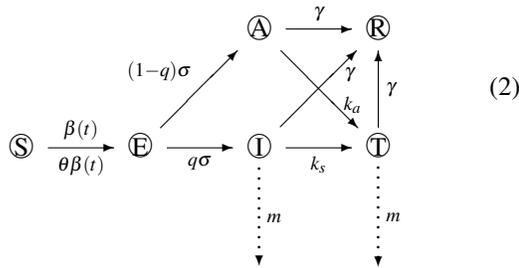
Describe la más simple de las dinámicas de transmisión considerando que cierta proporción de la población de Susceptibles establece contacto transmisor con un infectado y tiene probabilidad de contagiarse con tasa  $\beta$ , por lo que transitará a la subpoblación de Infectados. Finalmente, la subpoblación de Recuperados se nutre de los Infectados que pasan el período de infestación de la enfermedad y se recuperan. Es clásico, en el caso de brotes epidémicos, no considerar nacimientos y muerte naturales por el corto intervalo de tiempo que se analiza, aunque cuando proceda debe incorporarse la muerte por la enfermedad.

## 2. Modelando matemáticamente la CoVid19

Dada la novedad de esta enfermedad, debe trabajarse asumiendo algunas hipótesis aún sin una información biomédica y epidemiológica completa y certera, por ejemplo: no hay precisión en las características del período de latencia e inmunidad, en la relación de contagio entre personas asintomáticas y sintomáticas, en si las personas después de recuperarse disfrutan de algún período de inmunidad, entre otras.

A partir del estudio de varios artículos con información esencialmente de la situación en Wuhan, China, ver [5], [1], [3], [8]. En este trabajo se propone una modificación SEAIR del modelo tipo SEIR (que adiciona la subpoblación de individuos en período de incubación o latencia), distinguiendo entre los infectados sintomáticos y asintomáticos, considerando estos últimos como una nueva subpoblación. Además, esta propuesta tiene en cuenta las acciones de control y la percepción de riesgo.

**Diagrama del modelo SEAIR propuesto**



**Variables del Modelo**

- $S(t)$  : Susceptibles  
Personas sanas en la población en el instante de tiempo  $t$
- $E(t)$  : Expuestos  
Personas que tuvieron contacto transmisor con Infectados sintomáticos o asintomáticos en el instante de tiempo  $t$  y permanecen en la población hasta que pasan el período de latencia
- $A(t)$  : Infectados Asintomáticos  
Infectados (no testados) en el instante de tiempo  $t$ , que pasado el período de incubación no desarrollan síntomas y permanecen en la población hasta que son testados o se recuperan
- $I(t)$  : Infectados con síntomas  
Infectados (no testados) en el instante de tiempo  $t$ , que pasado el tiempo de incubación desarrollan síntomas y permanecen en la población hasta que son testados, se recuperan o mueren
- $T(t)$  : Testados Activos  
Infectados sintomáticos y asintomáticos positivos al test, que se mantienen activos en el instante de tiempo  $t$  y pasado el tiempo de infestación se recuperan o mueren
- $R(t)$  : Recuperados  
Infectados sintomáticos, asintomáticos y confirmados que pasado el período de infestación se recuperan de la enfermedad
- $N(t)$  : Población  
Cantidad de personas en la población total en el instante de tiempo  $t$

Las subpoblaciones  $S, E, A, I$  no están controladas por las instancias de salud, por lo que se considera que están conviviendo y por ende, transmitiendo el virus en la sociedad y sólo la subpoblación  $T$ , diagnosticados con test y pruebas diagnósticas, están bajo control de las entidades sanitarias

y comunitarias, ya sea en centros hospitalarios, centros de aislamiento o bajo la observancia en sus domicilios.

**El Modelo**

$$\left\{ \begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta(t)\frac{SI}{N} - \theta\beta(t)\frac{SA}{N} \\ \frac{dE}{dt} &= \beta(t)\frac{SI}{N} + \theta\beta(t)\frac{SA}{N} - \sigma E \\ \frac{dA}{dt} &= (1-q)\sigma E - (\gamma+k_a)A \\ \frac{dI}{dt} &= q\sigma E - (\gamma+m+k_s)I \\ \frac{dT}{dt} &= k_aA + k_sI - (\gamma+m)T \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma(I+A+T) \\ \frac{dN}{dt} &= -mN \end{aligned} \right. \quad (3)$$

**Condiciones Iniciales:**

$S_0 = 0,9 \cdot 11 \cdot 10^6$ ,  $N_0 = 11 \cdot 10^6$ ,  $I_0 = 3$ ,  $E_0 = A_0 = R_0 = T_0 = 0$ .  
Donde

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

define el coeficiente de contagio o transmisión.

La incorporación de la percepción de riesgo individual y las acciones gubernamentales y de las instancias de salud, con el objetivo de medir su impacto en la variación cuantitativa y cualitativa de las curvas que describen la propagación de la epidemia, están representadas en dicha expresión del modelo, que contiene los parámetros  $\alpha$  y  $k$ , que definen la fuerza de las acciones estatales y de la percepción de riesgo en la población respectivamente, considerando la influencia de la tasa de muerte en esta última.

Así mismo, aunque inicialmente se manejaron valores discretos (constantes a trozos) para  $\alpha$ , según se reporta en [5], finalmente se obtuvo una expresión que describe la fuerza de la acción gubernamental, a través de una función exponencial  $\alpha(t) = 1 - e^{-\delta t}$ , lo que permitió mejores ajustes y predicciones, manejando diferentes escenarios.

**Parámetros del Modelo**

En la tabla 1 se muestran los valores de los parámetros que intervienen en el modelo. Teniendo en cuenta los estudios y simulaciones iniciales, se decidió estimar algunos parámetros esenciales que describen la dinámica del modelo, manteniendo otros según reportan los principales y más recientes estudios ([5], [1], [3]). Las estimaciones se realizaron formulando un

Tabla 1. Parámetros del modelo

	Definición	Valor			Fuente
$\theta$	Constante de transmisión de asintomáticos	6,19	7,54	10,26	MCP
$\sigma$	Tasa de latencia	0,25			Datos
$\gamma$	Tasa de infestación	0,04	0,04	0,03	MCP
$m$	Tasa de muerte	$3,25 \cdot 10^{-2}$			MCP
$b_0$	Coefficiente inicial de transmisión	0,24	0,20	0,21	MCP
$\delta$	Cte. de intervención del gobierno	0,06	0,066	0,095	Supuesto
$k$	Fuerza acción individual	100,3	100,6	100,0	MCP
$q$	Proporción de infectados con síntomas	0,2			Datos
$k_a$	Tasa de testados asintomáticos	0,07			MCP
$k_s$	Tasa de testados con síntomas	0,9			Supuesto

problema de optimización con función objetivo mínimo cuadrada ponderada (MPC). Se realizaron tres ajustes teniendo en cuenta diferente acción gubernamental ( $\delta$ ). Los resultados obtenidos coinciden o están en concordancia con los reportados en la literatura consultada.

### Análisis del Modelo

Las condiciones de existencia y unicidad de la solución de un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias están dadas por teoremas clásicos que aparecen en una vasta literatura matemática, ver por ejemplo [2]. Formulamos, por tanto, la llamada variante epidemiológica de dicho teorema, válido en una región biológicamente factible, que garantiza la no negatividad de las soluciones (Demostración en [6]).

**Teorema 1** Sea  $F : \mathbb{R}_+^n \rightarrow \mathbb{R}_+^n$  localmente lipschitz continua y  $\forall j = 1, 2, \dots, n$  se satisface que  $F_j(x) \geq 0, \forall x \in \mathbb{R}_+^n$ , entonces  $\forall x_0 \in \mathbb{R}_+^n$  existe una única solución de  $\dot{x} = F(x)$ ,  $x(0) = x_0$  con valor en  $\mathbb{R}_+^n$  definida sobre el intervalo  $[a, b]$  con  $b \in [0, \infty)$ .

Estos resultados matemáticos teóricos garantizan que el modelo propuesto tenga sentido epidemiológico, dentro de una región invariante en la que todas las soluciones del sistema se mantienen no negativas para todo  $t > 0$ , y acotadas,

considerando que toda la población

$$N(t) = S(t) + E(t) + A(t) + I(t) + T(t) + R(t),$$

esto implica

$$\frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dE}{dt} + \frac{dA}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dT}{dt} + \frac{dR}{dt},$$

al sustituir todas las ecuaciones de estado del sistema, se obtiene que  $\frac{dN}{dt} = -mN$ .

Como todas las nuevas infecciones se consideran secundarias derivadas de los Infectados, no hay inmigración de individuos en las subpoblaciones de enfermedades, lo que asegura que el conjunto libre de enfermedad es invariante (es decir, cualquier solución sin los Infectados en algún instante de tiempo, será libre de infección para todos los tiempos). Esto a su vez asegura que el equilibrio libre de la enfermedad ( $S, 0, 0, 0, 0$ ) es un equilibrio del sistema completo.

### 2.1 El Número Reproductivo Básico para el SEAIR propuesto

Usando la matriz de próxima generación, herramienta de frecuente uso en la literatura especializada por su sencillez y viabilidad, para el punto libre de infección donde todas las variables toman valor cero excepto S que coincide con la población total y teniendo en cuenta que la tasa de transmisión es una función del tiempo, se obtuvo una expresión, también variable en el tiempo para este importante factor epidemiológico:

$$R_0(t) = \sqrt{\beta(t) \left( \frac{q}{\gamma + m + k_s} + \frac{\theta(1-q)}{\gamma + k_a} \right) \frac{S_0}{N}}.$$

La expresión para el  $R_0$  de una enfermedad como valor propio dominante o radio espectral de la matriz de próxima generación se deriva de una vecindad del estado libre de infección.

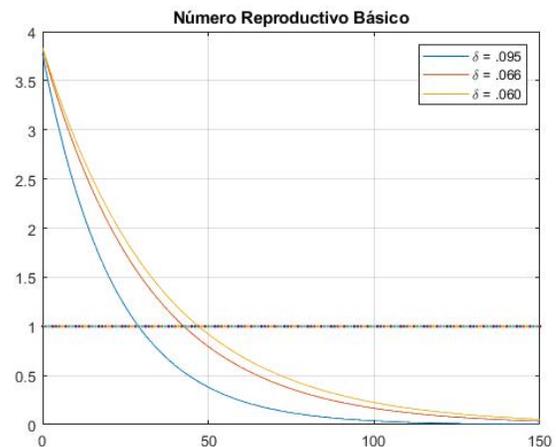


Figura 2. Variación del  $R_0$  en el tiempo

### 2.2 Análisis de las simulaciones y resultados preliminares

Correspondiendo con las variables esenciales del modelo y otras con valores acumulativos, se muestran gráficos que ilustran algunos de los resultados obtenidos.

Contar con una expresión variable para el número reproductivo básico permitió describir la dinámica de la epidemia variando en el tiempo. Adicionalmente, la expresión del parámetro que describe la fuerza de la acción gubernamental en función del tiempo garantizó simular el comportamiento de las variables más representativas del modelo y otras como la de las muertes por la enfermedad para diferentes valores de dicho parámetros y representar el decursar de la epidemia en diferentes escenarios.

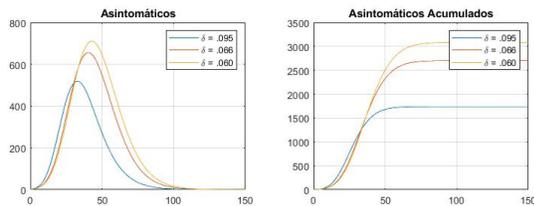


Figura 3. Individuos infectados asintomáticos activos y acumulados

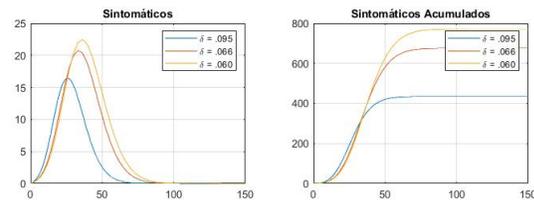


Figura 4. Individuos infectados sintomáticos activos y acumulados

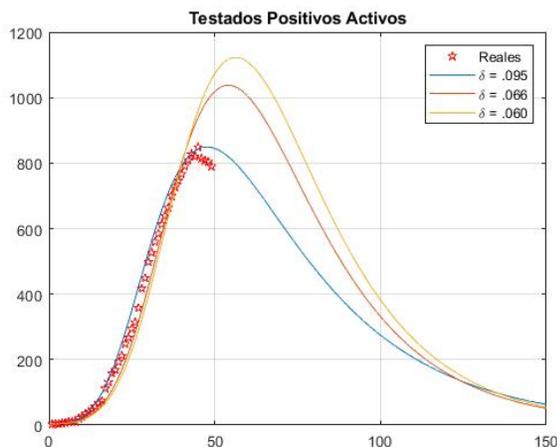


Figura 5. Testados positivos activos

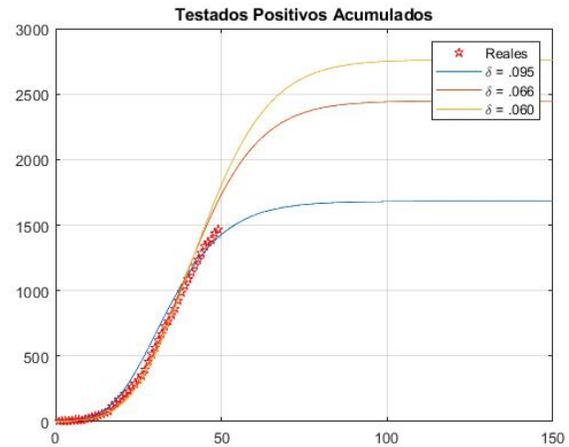


Figura 6. Testados positivos acumulados

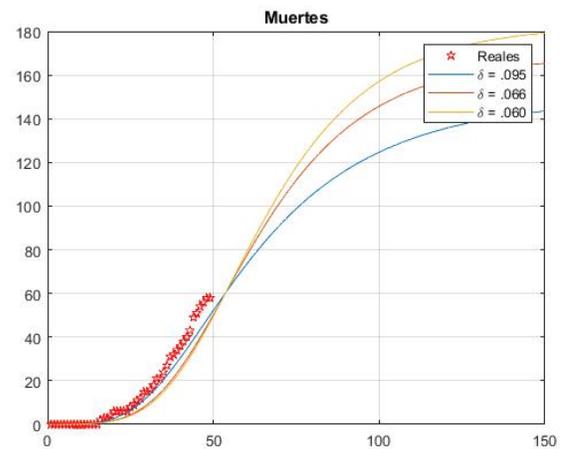


Figura 7. Número de fallecidos en el tiempo

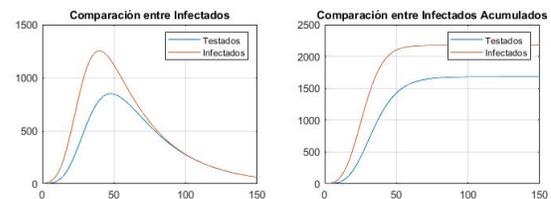


Figura 8. Comparación entre los testados y el total de infectados ( $\delta = 0,095$ )

### 3. Algunas consideraciones finales

Tanto nuestra población como las instancias gubernamentales y de Salud Pública están muy interesados en precisar cuándo será el "pico" en la curva de Infectados, cuál será el número máximo de casos, cuándo comenzará de disminuir el número de enfermos. Estas preguntas no tienen una respuesta precisa o absoluta pues los modelos matemáticos son idealizaciones de la realidad y tratan de simular y con cierto éxito predecir estos y otros aspectos de interés, especialmente para brindar herramientas en el control de la enfermedad.

Pero hay un aspecto que además de estar presente en la bibliografía especializada consultada y en la realidad de algunos países, lo ha corroborado el modelo propuesto y los resultados preliminares de esta investigación.

*Para que el "pico" de Infectados no sea alto y para que la curva de Infectados se mantenga "aplanada", la tasa de contagio y transmisión debe mantenerse controlada, pero esto depende de varios factores, en la mayoría de los cuales podemos influir con una labor conjunta.*

*De momento no podemos influir en la Susceptibilidad al contagio (mientras no se encuentre vacuna o los estudios bioquímicos celulares y médicos del virus puedan explicar algún tipo de inmunidad), pero sí podemos influir en*

- Duración de la infección (con el pesquisaje y búsqueda de contactos, vigilancia médica, hospitalización) (contempladas en las Acciones del Estado y de las Instancias de Salud)
- Cantidad de contactos por día (Aislamiento Social y percepción de riesgo individual) (Acciones de cada ciudadano)
- Tasa de transmisión (Medidas higiénicas) (Acciones Individuales de cada ciudadano)

De modo que, la combinación de las acciones médicas y la estrategia de Aislamiento y/o Distanciamiento Social no sólo ayudará a disminuir la tasa de letalidad y morbilidad de la enfermedad elevando la sobrevivencia, sino que permitirá una mejor calidad en la atención a los enfermos, al garantizar que no colapsen los servicios de salud.

## Referencias

- [1] Chen, T., Rui, J., Wang, Q., Zhao, Z., Cui, J. and Yin, L. *A mathematical model for simulating the phase-based transmissibility of a novel coronavirus*. Infectious Diseases of Poverty. <https://doi.org/10.1186/s40249-020-00640-3>
- [2] Elsgoltz, L. *Ecuaciones Diferenciales y Cálculo Variacional*. MIR, pp.172-206, 1969.
- [3] Gutierrez, J.M. and Varona, J.L. *Análisis del Covid-19 por medio de un modelo SEIR*. Blog del Instituto de Matemáticas de la Universidad de Sevilla, 20 de marzo 2020
- [4] Hellewell, J., Abbott, S., Gimma, A., Bosse, N., Jarvis, C., Russell, T., Munday, J., Kucharski, A. and Edmunds, J. *Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts*. Centre for the Mathematical Modelling of Infectious Diseases COVID-19 Working Group, Sebastian Funk, Rosalind M Eggo. Published Online February 28,2020 [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(20\)30074-7](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(20)30074-7).
- [5] Lin, Q., Zhao, S., Gao, D., Lou, Y., Yang, S., Musa, S., Wang, M., Caig, Y., Wang, W., Yang, L. and Hee, D. *A conceptual model for the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in Wuhan, China with individual reaction and governmental action*. International Journal of Infectious Diseases journal, home page: [www.elsevier.com/locate/ijid](http://www.elsevier.com/locate/ijid)
- [6] López, R. *Structured SI Epidemic Models with Applications to HIV Epidemic*. Arizona State University, pp: 27-46, 2006.
- [7] Tang, B., Bragazzi, N.L., Li, Q., Tang, S., Xiao, Y. and Wu, J. *An updated estimation of the risk of transmission of the novel coronavirus (2019-nCoV)*. Infectious Disease Modelling 5 (2020) 248e255. journal homepage: [www.keaipublishing.com/ijdm](http://www.keaipublishing.com/ijdm)
- [8] Wu, J.T., Leung, K. and Gabriel M Leung. *Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modeling study*. Published Online January 31, 2020. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30260-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30260-9)
- [9] [http://www.lookfordiagnosis.com/mesh\\_info.php?term=Basic+Reproduction+Number](http://www.lookfordiagnosis.com/mesh_info.php?term=Basic+Reproduction+Number) lang=1.