



Revista UIS Ingenierías

ISSN: 1657-4583

ISSN: 2145-8456

revistaingenierias@uis.edu.co

Universidad Industrial de Santander

Colombia

Fedosov, Valery; Fedossova, Alina; Buitrago-Suescún, Oscar
Modelamiento estocástico de la evolución de la transmisión
de virus altamente contagiosos en lugares concurridos
Revista UIS Ingenierías, vol. 20, núm. 1, 2021, -Marzo, pp. 89-102
Universidad Industrial de Santander
Bucaramanga, Colombia

DOI: <https://doi.org/10.18273/revuin.v20n1-2021008>

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=553768365008>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica Redalyc

Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso
abierto

Modelamiento estocástico de la evolución de la transmisión de virus altamente contagiosos en lugares concurridos

Stochastic modeling of the evolution of highly contagious virus transmission in crowded places

Valery Fedosov ¹, Alina Fedosova ², Oscar Buitrago- Suescún ³

¹ Investigador independiente, Moscú, Rusia. Orcid: 0000-0001-6586-6145. Correo electrónico: vlr.fdsv@gmail.com

² Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia. Orcid: 0000-0003-4944-633X. Correo electrónico: afedosova@unal.edu.co

³ Facultad de Ingeniería, Universidad Militar Nueva Granada, Bogotá, Colombia. Orcid: 0000-0002-5064-3624. Correo electrónico: oscar.buitrago@unimilitar.edu.co

Recibido: 10 septiembre, 2020. Aceptado: 15 octubre, 2020. Versión final: 3 noviembre, 2020.

Resumen

Se propone un modelo matemático para la estimación estocástica del número de portadores de virus SARS-CoV-2 en lugares donde hay alta concentración de población como centros comerciales u otros espacios cerrados. El objetivo de trabajo es obtener un modelo matemático de propagación de virus en espacios cerrados calculando el número de portadores nuevos dependiendo del cumplimiento o violación de las distancias seguras y de normas de protección, así como un algoritmo heurístico para su solución. Se recurrió al modelamiento matemático para abordar la situación de transmisión de virus y desarrollar un algoritmo heurístico para la solución del modelo matemático obtenido. La programación, los experimentos numéricos y los gráficos se realizaron en MATLAB. Los experimentos numéricos obtenidos para diferentes casos muestran la dependencia que existe entre la cantidad de nuevos portadores de virus con el no cumplimiento de las recomendaciones de distanciamiento social y de uso de elementos de protección personal. El modelo está abierto a complementos y mejoras y puede ser de interés para soportar la toma de decisiones que deben tomar las autoridades sanitarias y administrativas. El algoritmo resuelve el modelo matemático propuesto para rastrear la transmisión del virus cuando no se cumplen distancias seguras y de protección recomendadas. La aplicación del algoritmo permite proponer controles en situaciones complejas y poco predecibles de desarrollo epidémico en concentraciones de población, por lo que puede utilizarse para mejorar la calidad de las medidas médicas proactivas y demás decisiones relacionadas.

Palabras clave: transmisión de virus; contagio; distanciamiento social; aglomeraciones; algoritmo; comportamiento estocástico; modelamiento matemático; autoridades sanitarias; normas de bioseguridad; experimentos numéricos; SARS-CoV-2; COVID 19.

Abstract

A mathematical model is proposed for stochastic estimation of the number of the SARS-CoV-2 virus infected person in places where there is a high concentration of population, such as shopping centers or other closed spaces. The aim is to obtain a mathematical model of virus propagation in closed spaces calculating the number of infected depending

ISSN impreso: 1657 - 4583. ISSN en línea: 2145 - 8456, CC BY-ND 4.0 

Como citar: V. Fedosov, A. Fedosova, O. Buitrago- Suescún, “Modelamiento estocástico de la evolución de la transmisión de virus altamente contagiosos en lugares concurridos,” *Rev. UIS Ing.*, vol. 20, no. 1, pp. 89-102, 2021, doi: [10.18273/revuin.v20n1-2021008](https://doi.org/10.18273/revuin.v20n1-2021008)

on compliance or violation of safe distances and compliance with protection standards, as well as a heuristic algorithm for their solution. Mathematical modeling was used to research the virus transmission situation and to develop a heuristic algorithm for the solution of the obtained mathematical model. The programming, the numerical experiments and the figures were constrained in MATLAB. The numerical experiments obtained for some cases show the dependence between the number of new infected with non-compliance of the recommendations for social distancing and the use of personal protection elements. The model is open to additions and improvements and may be of interest to support the decisions making process of the health and administrative authorities. The algorithm solves the proposed mathematical model to track virus transmission when the recommended safe and secure distances are not fulfilled. The application of the algorithm allows to propose controls in complex and unpredictable situations of epidemic development in population concentrations, so it can be used to improve the quality of proactive medical measures and other related decisions.

Keywords: virus transmission; contagion; social distancing; crowd; algorithm; stochastic behavior; mathematical modeling; health authority; biosecurity protocols; numerical experiments; SARS-COV-2; COVID 19.

1. Introducción

Las estadísticas reportadas por diversos países muestran que el desarrollo de las epidemias es análogo a una avalancha, el aumento del número de casos es más lento al principio para luego acelerarse durante un periodo hasta alcanzar un pico. La estabilización del brote se asocia con el concepto de "plato" (la proporcionalidad del número de nuevos portadores del virus con los recuperados en una unidad de tiempo), después de lo cual se esperan mejoras notables en los indicadores y la recesión de pandemia [1-3].

El aumento en el número de portadores del virus está determinado por una inmensa cantidad de factores que a menudo son difíciles de medir, son de naturaleza no determinística y, en conjunto, simplemente no pueden explicarse científicamente de forma plena.

Factores como el hecho de que una pandemia aparece de repente, la tasa de cambio de las eventualidades, el largo tiempo que se necesita para el desarrollo de medidas y de herramientas confiables de protección antiviral (por ejemplo, obtener una vacuna o un tratamiento avalado científicamente), conducen a problemas asociados con el poco tiempo disponible para tomar decisiones. Adicionalmente, la selección y adopción de decisiones disuasorias es extremadamente difícil, de hecho, en diferentes países y regiones a menudo son opuestas (por ejemplo, buscar la "inmunidad de rebaño" en unas sociedades contrastado con cuarentena total en otras), y su efectividad se evalúa solo después de un tiempo considerable. Adicionalmente, los numerosos datos estadísticos difundidos en medios de comunicación globales [4, 5] son difíciles de proyectar para situaciones específicas de menor escala, que surgen constantemente a niveles de regiones, ciudades o individuos.

Debido a las diferencias a menudo dramáticas, contrarrestar la epidemia en el terreno es particularmente complicado por la falta de experiencia, la no

disponibilidad del suficiente personal médico calificado y/o de capacidades financieras. Por otro lado, las situaciones a menor escala son más fáciles de modelar. Aunque, incluso en tales casos, los tamaños esperados de las matrices de datos son significativos debido a las decenas o cientos de miles de individuos involucrados.

Ahora, uno de los parámetros más importantes para el peligro de contagio es la distancia de contacto, que en la práctica es el más difícil de seguir. En el documento normativo [6], una distancia segura entre los ciudadanos en lugares públicos y en el transporte se define como 1 metro (en algunos lugares, un robot de cuadrúpedo informa a los visitantes de los parques si están cumpliendo con esta medida, Straits Times, Singapur. 10/05/2020. En Colombia la subdirectora de Enfermedades del Ministerio de Salud y Protección Social, Claudia Milena Cuellar Segura, afirma que distanciamiento físico "es evitar el contacto frente a frente con otras personas, conservando una distancia de al menos 1 metro, aunque lo ideal son 2". 08/04/2020). Según la mayoría de las estimaciones, 1,5-2 m se considera una distancia segura para el transporte aéreo, pero esto aplica a personas casi inmóviles. L. Buruiba (Instituto Tecnológico de Massachusetts), basado en muchos años de investigación sobre la dinámica de la espiración, descubrió que, al toser y estornudar, una nube espiratoria gaseosa alcanza los 8 metros y una velocidad de las gotas de hasta 30 m/s, base sobre la cual recomienda una revisión de los estándares de la OMS.

En este sentido, se sabe que con movimientos intensivos de individuos (por ejemplo, en la práctica de deportes), las distancias de seguridad son aún mayores, por ejemplo, B. Bloken [7] mostró que incluso en ausencia de viento en contra, el flujo de gotas con posibles partículas de virus detrás de un corredor a una velocidad de 4 km/h llega hasta 5 m, y a una velocidad de 14,4 km/h alcanza hasta 10 m. Para los ciclistas, los 20 metros se convierten en una zona de riesgo. Por otra parte, P. Pottinger

(Facultad de Medicina de la Universidad de Washington) señaló que cuando se transmite el virus por gotículas en el aire, la distancia de transmisión no es el factor más importante, lo es el tamaño de estas.

Frecuentemente los medios comunican que el aumento en el número de nuevos portadores, además de la distancia y el tiempo de contacto está fuertemente influenciado por el número de portadores iniciales (incluso a nivel de unidad) y la densidad de individuos. Por ejemplo, Corea del Sur informa de una persona infectada (sin síntomas) que, al visitar cinco clubes nocturnos durante la noche, causó más de 80 casos de infección (Emisora Eco de Moscú. 05/11/20). Desde el punto de vista epidemiológico, el número de personas que pueden infectarse por un portador de virus se caracteriza por un número reproductivo (R_0). En el caso del coronavirus de Wuhan se estima $R_0 = 3,3 - 5,5$, que es un valor intermedio entre influenza (1-2) y sarampión (12-18).

Los expertos de Southeast University, Tsinghua University y Universidad de Hong Kong examinaron una muestra de brotes de coronavirus considerando la concentración de la población. La mayoría de los casos (79,9%) fueron en hogares (según una de las encuestas) y (34%) en transporte público (según otra encuesta) y solo una persona se infectó al aire libre (según la agencia MedRxiv, Eco de Moscú. 05.13.20). Dicha información no permite un pronóstico cualitativo, pero indica el papel del número de portadores, la concentración y la movilidad de la población y la disponibilidad de equipos de protección en el desarrollo de brotes de infección y debe tenerse en cuenta en la logística de las herramientas y métodos propuestos para la mitigación (o supresión si se decide por esta estrategia).

La mayoría de los modelos, incluyendo los muy básicos, sobre la propagación global del virus se ven obstaculizados por la incertidumbre de los datos críticos. En el modelo SEIR común, la población se divide en grupos: susceptibles (S), infectados (I), infectados en el período de incubación (E), recuperados (R), y se simulan las transiciones entre ellos. Para el coronavirus (SARS-Cov-2), tal separación es problemática porque la enfermedad avanza de manera diferente en los grupos de edad, debido a la gravedad difusa de los síntomas y las ambigüedades con el procesamiento de un gran volumen de pruebas diagnósticas. El resultado es una subestimación de la infección y baja precisión del pronóstico.

Investigadores de varios países se basaron en modificaciones del modelo SEIR [8-10], para realizar predicciones durante la pandemia. En [11], utilizando el

modelo SEIR, se estudiaron algoritmos para el control óptimo del nivel de financiación de los programas para limitar la transmisión de infecciones en poblaciones humanas. La función objetivo utilizaba coeficientes de peso y como simplificación se supuso que la proporción de vectores infectados en la población, así como el tamaño de la población con infección, son constantes. Las dificultades con la descripción del problema no lineal requirieron de simplificaciones y se transformaron a formas lineales. Se obtuvieron las soluciones que conducen a mejores gestiones, pero no son aplicables como herramienta de trabajo sin la capacitación adecuada.

S. Ilyin [12] considera que la propagación del virus depende de la densidad, los patrones de comportamiento de la población, la fecha de inicio de la pandemia y de las acciones del gobierno. El modelo ofrece una cadena de cálculos simples para varios indicadores en la fecha t_i : $ND(t_i)$ es el número de infecciones detectadas; $NT(t_i)$ es el número total de infectados; $NA(t_i)$ es el número de infecciones no detectadas. La dinámica del cálculo se basa en las fechas t_0, t_1, t_2, t_3 : el comienzo de la epidemia, los cambios en el comportamiento de la población, la introducción y el endurecimiento de la cuarentena respectivamente, así como de los factores de transmisión del virus, que dependen de la densidad y el comportamiento de la población en las etapas de la epidemia. Para la metodología como referencia se utiliza el coeficiente de transmisión k_0 que es el número promedio de personas que una persona infecta el día anterior a su aislamiento (para $k_0 < 1$, la epidemia decae y viceversa). Para suprimir la propagación del virus, k_0 debe ser inferior a 1/6. Al contrastarlo con el desarrollo de la pandemia en China, Italia y Estados Unidos el modelo mostro una buena correlación.

En [13] se describió un modelo basado en datos heurísticos, según el cual el crecimiento de la epidemia, E , sigue una función gaussiana $E(A_T) = A_0 e^{P_0 T + \frac{\sigma}{2} T^2}$ donde: A_0 es el número inicial de portadores, A_T son los casos activos, P_0 es la tasa de crecimiento inicial, σ es la tasa de cambio en el tiempo de la tasa de crecimiento, T es el tiempo. Y en [14] se presentó un modelo heurístico simple aplicado para el Singapur.

Se asume como simplificación que la epidemia está lejos de saturar a la población, por lo que el crecimiento exponencial es aceptable. Utilizan la entrada de datos en línea, el ajuste y la extrapolación están organizados, sobre los cuales es posible un pronóstico de 10 días.

En [15] utilizaron el modelo SEIR con las características de Francia. Por ejemplo, en el compartimiento R unieron las categorías como limitadamente infecciosos,

recuperados y muertos. En la dinámica inicial, se consideran varias ecuaciones diferenciales con un número tradicionalmente considerable de coeficientes condicionales. El modelo incluye una fase de intervención drástica (cuarentena y otras medidas de protección). Los autores señalan una fuerte dependencia de los resultados en la frecuencia de los contactos y de movilidad de los individuos, y los resultados del modelo son más bien teóricos.

Los modelos heurísticos apuntan más a un pronóstico global, conceptualmente son bastante complejos, requieren procedimientos matemáticos complejos, no responden a la escala de situaciones o al tamaño del espacio. El problema sigue siendo la subestimación de los infectados, además, no se tiene en cuenta el factor de aleatoriedad, aunque está claro que, para la dinámica asociada con situaciones de masas, se vuelve decisivo.

En el presente artículo se propone un modelo heurístico programado en MATLAB para la estimación estocástica del creciente número de portadores de virus según los parámetros que caracterizan directa y localmente los sitios donde hay alta concentración de la población. El modelo está abierto a complementos y mejoras y puede ser de interés en la práctica médica y en la toma de decisiones de gestión.

2. Metodología

En primer lugar, se considera una violación de la distancia segura R entre un portador y un individuo como una posible transmisión del virus, luego, en condiciones estáticas, el área con un radio R determinará la zona afectada por un solo portador. En condiciones dinámicas hay movimientos mutuos de portadores e individuos sanos, cuya longitud, actividad y duración son impredecibles.

Cuando se superponen las zonas de daño y seguridad resultantes con nuevas coordenadas, se debe considerar una nueva distancia segura RI , con $RI \gg R$. El aumento total en las áreas afectadas conduce a un aumento en el número de los infectados, que a su vez forman nuevas áreas afectadas.

Si se asume la naturaleza caótica y continua de los movimientos, entonces a partir de una serie de imágenes fijas de grupos de individuos y portadores con coordenadas aleatorias, se puede estimar el aumento en el número de portadores del virus.

El modelo contiene una lista de parámetros directos que caracterizan el lugar de una mayor concentración de individuos, según la cual se estima el criterio: el posible

número de portadores de virus. Los parámetros básicos del modelo incluyen el tamaño del área de observación, el número de individuos presentes simultáneamente y el número inicial de portadores de virus (todos durante un cierto período).

Se consideraron dos esquemas de transmisión de virus: por gotículas en el aire y a través de superficies de contacto, que difieren en distancias de seguridad. Debe considerarse que un portador de virus puede contagiar a otros aun cuando se encuentren en un radio bastante mayor a la distancia segura para contagio por gotículas o aerosoles, simplemente porque pudo dejar contaminada una superficie durante su desplazamiento.

La lista de parámetros secundarios que actúan directamente o como parte del complejo de resistencia de los individuos a la infección incluye:

- indicador de inmunidad personal.
- efectividad de los elementos de protección personal (máscaras, guantes, gafas, geles, etc.).
- tiempo de contacto con otras personas.

Los parámetros secundarios varían en intervalos aceptables y son únicos para cada individuo.

La certificación precisa de los parámetros de estabilidad de cada individuo es casi imposible, por lo tanto, para muchos individuos fueron declarados de forma aleatoria. Debido a los rangos iniciales y los cálculos matemáticos involucrados, es posible, en cierta medida, tener en cuenta los detalles de todo el conjunto de individuos. Las coordenadas aleatorias de los diferentes individuos sanos y de los portadores iniciales del virus en la región, determinan la denominada disposición inicial (en general una disposición es el conjunto de coordenadas de todos los individuos en un momento determinado y se toma como partida para generar otra disposición).

La condición para la transmisión del virus en condiciones estáticas del conjunto inicial de parámetros de entrada del modelo es la aparición accidental de un individuo en las áreas afectadas por los portadores del virus, así como un nivel insuficiente en sus parámetros de protección personal. La estática del modelo, en cierta medida, se compensa con la consideración del ciclo de disposición.

Las disposiciones cambian una serie de parámetros claves, en particular, el número inicial de contagiados debido a la aparición de nuevos portadores de virus, su matriz de coordenadas y también la matriz de coordenadas de los individuos. Así, una serie de disposiciones debe modelar los movimientos esperados, también aleatorios, de individuos y portadores del virus.

Las disposiciones deben revelar el crecimiento de los portadores de virus dependiendo del conjunto de parámetros formulados como entrada del modelo. Los parámetros secundarios de los individuos pueden guardarse o guardarse parcialmente.

La frecuencia de cambio de disposiciones debe estar de acuerdo con la intensidad de movimientos de los portadores de virus, y también exceder el tiempo crítico de contacto. El tiempo de contacto se considera como crítico cuando es suficiente para la transmisión estable del virus. Si suponemos que los individuos estarán vinculados a las coordenadas constantes de la región, entonces los resultados de una única (primera) disposición pueden considerarse finales.

La nomenclatura para los parámetros incluidos en el modelo se relaciona en la Tabla 1.

Tabla 1. Nomenclatura del modelo

<i>d</i>	Como dimensiones del área.
<i>act</i>	Número total de individuos.
<i>nano</i>	El número de portadores iniciales del virus.
<i>R1</i>	Distancia de seguridad para gotas en el aire.
<i>R2</i>	Distancia de seguridad para transferencias en superficies de contacto.
<i>dsp</i>	Número de disposiciones.
<i>im</i>	Indicador de inmunidad de un individuo.
<i>prot</i>	La efectividad del equipo de protección personal de un individuo.
<i>tk</i>	Es el tiempo de contacto entre individuos.
<i>it</i>	Es el contador de disposiciones.
<i>s</i>	Son las coordenadas de los individuos.
<i>sb</i>	Son las coordenadas de los portadores iniciales del virus.
<i>se1</i>	Son las coordenadas de los nuevos transportadores en las disposiciones durante la transferencia gotas por aire.
<i>se2</i>	Son las coordenadas de los nuevos transportadores en las disposiciones durante la transferencia por las superficies de contacto.
<i>pre1</i>	Es el mínimo permitido de protección del individuo durante la transferencia aérea.
<i>pre2</i>	Es el mínimo permitido de protección del individuo cuando se transfiere a través de superficies de contacto.

Por ejemplo, con $prot() = [0, 10]$ y $min = 8$, todos los individuos de 0 a 8 omitirán el virus, pero de 8 a 10 no harán.

Teniendo en cuenta la nomenclatura presentada, en la Figura 1 se muestra el diagrama de un algoritmo que permite buscar nuevos portadores de un virus en disposiciones.

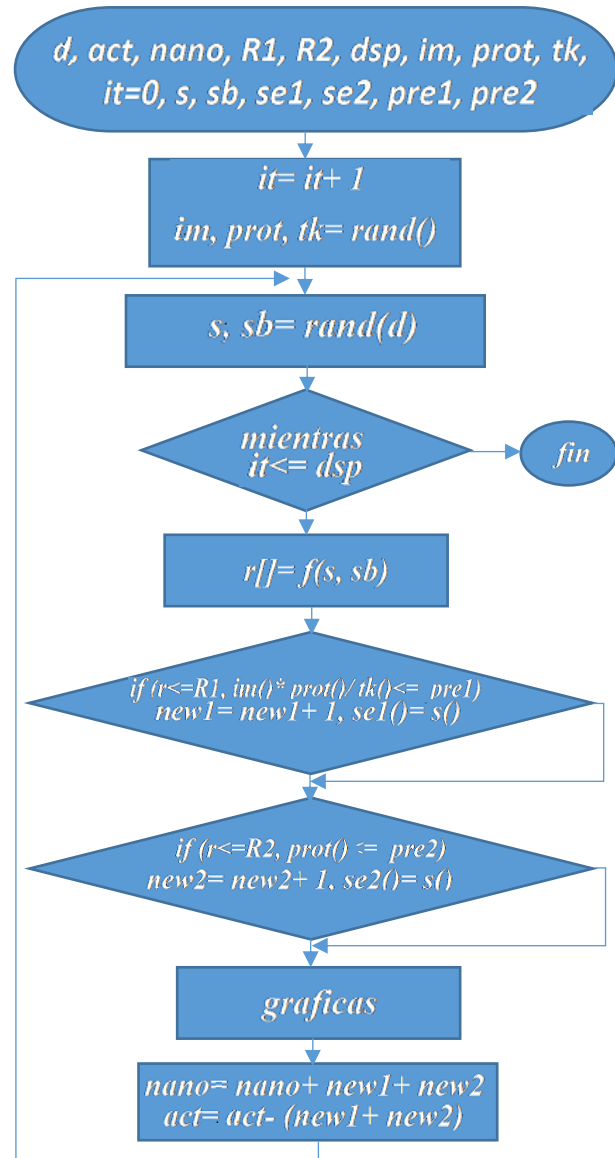


Figura 1. Diagrama de flujo de algoritmo. Fuente: elaboración propia.

Después de inicializar los parámetros de entrada, el algoritmo anuncia un ciclo de disposiciones que registran la ubicación aleatoria de los individuos, incluidos los portadores iniciales del virus. Debido al advenimiento de nuevos, se aumenta el número de portadores iniciales del virus en las disposiciones.

El criterio básico derivado de la densidad de individuos en una región es la matriz $r[]$ de distancias de todos los individuos y de todos los portadores. En esta matriz, el número de filas es act , el número de elementos en las filas es variable en el intervalo $[1, nano]$. En forma indexada (1):

$$r_{i,j} = \sqrt{(s_{1,i} - sb_{1,j})^2 + (s_{2,i} - sb_{2,j})^2}, \quad (1)$$

donde: $[i = 1 \dots act]$ son los índices de conjunto de los individuos, $[j = 1 \dots nano]$ son los índices de portadores de virus.

Para la transmisión de virus, se debe ejecutar $r_{i,j} \leq R1, R2$. El contacto del portador del virus no necesariamente es único, sino que también puede provocar el contagio de varias personas. También en la condición se incluyeron las comparaciones de los parámetros de protección individual con los límites de su efectividad.

El algoritmo contiene dos bloques para comparar combinaciones de coordenadas de individuos con portadores. El cumplimiento de las condiciones se verifica mediante cuatro indicadores (todos usando la lógica 'AND'). En el primero, se detectan combinaciones de los portadores de virus que caen en las zonas de peligro $\pi R1^2$, así como con el nivel de protección permisible más bajo $im, prot, tk$, que corresponde a la transmisión por goteo.

La aparición de nuevos portadores está fijada por el contador $new1$. En el segundo, se detectan combinaciones de portadores de virus que caen en las zonas de peligro $\pi R2^2$, así como con un parámetro permisible más bajo ($prot$), que corresponde a la transmisión en las superficies de contacto. La aparición de nuevos medios está fijada por el contador $new2$.

Nuevos portadores $new1 + new2$ aumentan el número de portadores iniciales de virus $nano$ en la próxima disposición.

El algoritmo está abierto a un aumento casi ilimitado en la cascada de condiciones de comparación. Naturalmente, también hay un aumento ilimitado en el número de parámetros tomados en cuenta y los intervalos utilizados.

La condición 1 contiene un filtro para el complejo protector, que incluye $im, prot, tk$. Y la condición 2 es solo $prot$. El algoritmo permite incluir cualquier otro conjunto de elementos de seguridad. Una evaluación más adecuada del número de elementos ingresados, los

intervalos de sus valores, el diseño de los conjuntos y, lo más importante, el establecimiento de los umbrales de eficiencia (para valorar el nivel de protección otorgado), está abierta para que sea hecha por especialistas en epidemiología, virología, enfermería, entre otras disciplinas.

El cumplimiento de la condición de contagio para una pareja individuo-portador significa que, en primer lugar, el individuo y el portador se han acercado tanto que han violado la distancia segura y, en segundo lugar, el individuo tiene una protección (inmunidad, efectividad del equipo de protección, tiempo de contacto) que es insuficiente. En este caso la transmisión del virus se considera completada. Es decir, las personas con una protección inferior a la mínima requerida se infectan y que el cumplimiento del valor mínimo requerido de protección hace que los individuos sanos no se contagien incluso si caen en la zona de peligro alrededor del portador del virus.

Cuando aparece un nuevo(s) portador(es) del virus, se determinan sus coordenadas en esta disposición. Así, a la siguiente disposición llega el nuevo aumentado número de portadores de virus. El resultado de pasar todas las disposiciones, además de cuantificar el aumento en el número de portadores de virus, se puede mostrar de forma gráfica para mejor visualización.

La presencia de contacto $\leq R1, R2$ aun no significa una infección. Es de naturaleza probabilística dependiendo de la edad, inmunidad personal, duración del contacto, disponibilidad o efectividad del equipo de protección. Todo esto puede ser tenido en cuenta por una serie de parámetros personales del individuo. Es cierto que tal "pasaporte" de individuos es bastante complicado y obliga a recurrir a estimaciones aleatorias.

Así, se cuenta con la posibilidad de una evaluación rápida y una adecuada visualización de los resultados dependiendo de los conjuntos de parámetros de entrada del modelo, así como la identificación de varias relaciones de interés para el investigador, todo en la etapa de planificación de tales eventos.

3. Experimentos y resultados

3.1. Experimentos numéricos

En los experimentos numéricos los parámetros que se usaron son: $d = [500, 800]$, $act = 3500$, $nano = 50$, $R1 = [1, 8]$, $R2 = R1 + 1$, $dsp = [1, 10]$, $im = 0,1 + rand(0,9)$, $prot = 4 + rand(6)$, $tk = 3 + rand(3)$, $pre1 = 1,4$, $pre2 = 7$. Las coordenadas de los individuos s , de los portadores iniciales sb y de los nuevos sev, sek fueron generadas aleatoriamente.

Dado que hay una selección aleatoria de coordenadas para nano, se utilizó un redondeo, así el número real nano es ligeramente diferente a la inicial. A manera de ilustración y para mostrar el orden de magnitud de la poca fluctuación del modelo, los resultados de diez experimentos se ven en la Tabla 2.

El objetivo inicial de los experimentos es obtener un valor según el criterio del modelo en el campo $[R1, dsp]$, que muestra su dependencia principal del tamaño de las distancias peligrosas alrededor de los portadores de virus y la intensidad de los movimientos de los individuos y de los portadores "puros". Se implementó una serie de ocho disposiciones sin repetición. La suavidad de cambiar y combinar los resultados en disposiciones y series separadas muestra una reproducibilidad suficiente para poder obtener conclusiones confiables.

La Figura 2 muestra una fuerte dependencia no homogénea del criterio con respecto campo del parámetro $[R1, dsp]$. A distancias de 2-3 m, el número inicial de portadores sigue siendo decisivo. Con 4 o más metros en combinación con los movimientos de las personas, el número de portadores ya está creciendo proporcionalmente al valor inicial. Cuando la distancia de la infección es más de 6 m, junto con los movimientos intensivos (según la existencia de tal área), se produce un aumento explosivo (exponencial) en el número de portadores.

La suavidad del crecimiento del criterio muestra la continuidad de las disposiciones, su independencia de las coordenadas aleatorias de individuos y portadores (movimientos impredecibles) y, en general, la estructura aceptable del algoritmo.

Tabla 2. Reproducibilidad del resultado en el modelo estocástico

Número real de Portadores iniciales	99	99	99	98	97	99	99	99	98	99
Número de portadores nuevos	6	5	4	4	7	7	5	6	7	5

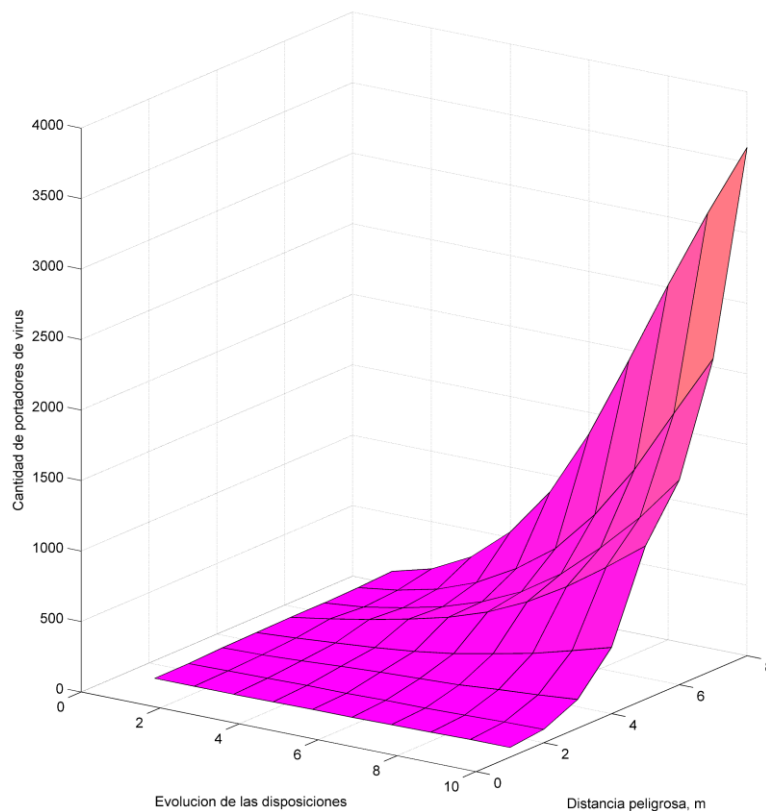


Figura 2. Dependencia del crecimiento del número de portadores de virus de la distancia de la lesión y de la intensidad del movimiento. Fuente: elaboración propia.

La distancia de seguridad y el tiempo se presentan entre los parámetros principales, lo cual es lógico y consistente con la realidad.

Las disposiciones realmente simulan la duración e intensidad de los movimientos locales de los individuos. Si estos indicadores son mínimos, mientras se mantiene la distancia de seguridad dentro de 1,5-2 m, prácticamente no hay crecimiento en los nuevos portadores, y el número futuro de ellos permanece en el nivel inicial (incluso si este último es significativo).

La distancia de 3-4 m se vuelve peligrosa al mismo tiempo comenzando con movimientos medianos y más intensos de las personas. Las distancias superiores a 4 m además de desplazamientos promedio y superiores corresponden a un crecimiento proporcional al número inicial de casos.

En relación con los valores máximos de las distancias de seguridad y los tamaños de los movimientos, el crecimiento de los contagiados se vuelve explosivo y, en tal situación, apenas es controlable. La tendencia del crecimiento exponencial de la pandemia se observa en [13, 15].

La Figura 3 (a, b, c, d) muestra una serie de mapas de transmisión de virus concentradas a lo largo de la diagonal (distancias - disposiciones). Los parámetros de entrada restantes son los mismos. Las coordenadas de los individuos se muestran en azul, las coordenadas de los portadores iniciales también en azul y los nuevos individuos infectados en rojo.

En el mapa a), los valores de distancia $R1 = 3$, $R2 = 4$ son casi aceptables y el número de disposiciones $dsp = 3$ aún no es grande. La transmisión del virus se registra como casos aislados, lo que aumentó ligeramente el número total de portadores.

En el mapa b) hay un notable aumento en el número de portadores, ya que las distancias $R1 = 5$, $R2 = 6$ excedieron la permitida, el número de disposiciones alcanzó un número intermedio y la cantidad de nuevos portadores “apenas” superó los 40. En el mapa c), las distancias y las disposiciones alcanzaron valores críticos, lo que resultó en cientos de nuevos contagios.

La Figura 3d debe reconocerse como prohibitiva. Simultáneamente caracteriza la actividad extrema y prolongada de las personas. El número de portadores originales y nuevos ya prevalece sobre las personas sin el virus. Tales situaciones son inaceptables. Deben ir precedidos de decisiones de restricción complejas. Así, el

algoritmo propuesto permite simular previamente y evitar el desarrollo de tales eventos.

En todos los mapas, los nuevos contagiados seguramente estarán cerca de los contagiados previos, lo que verifica la lógica del algoritmo para la aproximación a la realidad. En los mapas de disposición, los individuos aparecen en proximidad aleatoria relativa a los portadores de virus existentes. Si la distancia de las personas al portador excede $R1$, $R2$, entonces no se produce la transmisión del virus. La infección ocurre solo cuando se cumplen condiciones complejas monitoreadas por el algoritmo. Un punto importante es que el mapa también muestra qué portador particular causó la nueva infección.

Es posible que, en la próxima disposición alguna concentración local de individuos sea particularmente alta. Si al mismo tiempo el portador está cerca, entonces es posible una infección grupal. En la Figura 4a se encuentra un ejemplo de infección de dos individuos a la vez (coordenadas [218, 743], [215, 742]) por un portador con coordenadas [218, 742], que terminó en un gran grupo de individuos. La primera infección se produjo por gotitas en el aire, la segunda, por el contacto con una superficie. Además, se registró una infección más de un solo contacto debido a una proximidad inmediata del portador. Otros dos portadores parecían estar a una distancia lejana de los individuos y no se produjo infección. Los dos restantes, a primera vista, se ubicaron cerca de los portadores, pero no hubo transmisión del virus, probablemente debido a la inmunidad suficiente o uso de los elementos de bioseguridad, protección personal o protectores disponibles.

La transmisión múltiple del virus es posible en el grupo más pequeño. En la Figura 4b, el portador del virus estaba en contacto directo con solo dos individuos y ambos fueron infectados. El contacto de este grupo se produjo a una distancia considerable del resto. Este suceso confirma la lógica y desempeño de los procedimientos incluidos en el algoritmo.

También se confirmó el rendimiento y la sensibilidad del modelo a las variaciones en los parámetros de protección de las personas (elementos de protección personal, inmunidad y los otros mencionados). Con las entradas fijas se verificó la dependencia del criterio de cambio solamente en parámetros de protección en el intervalo $im * prot / tk = [0, 5, 3]$ (Figura 5). La dependencia es incondicional y es consistente con la lógica del modelo.

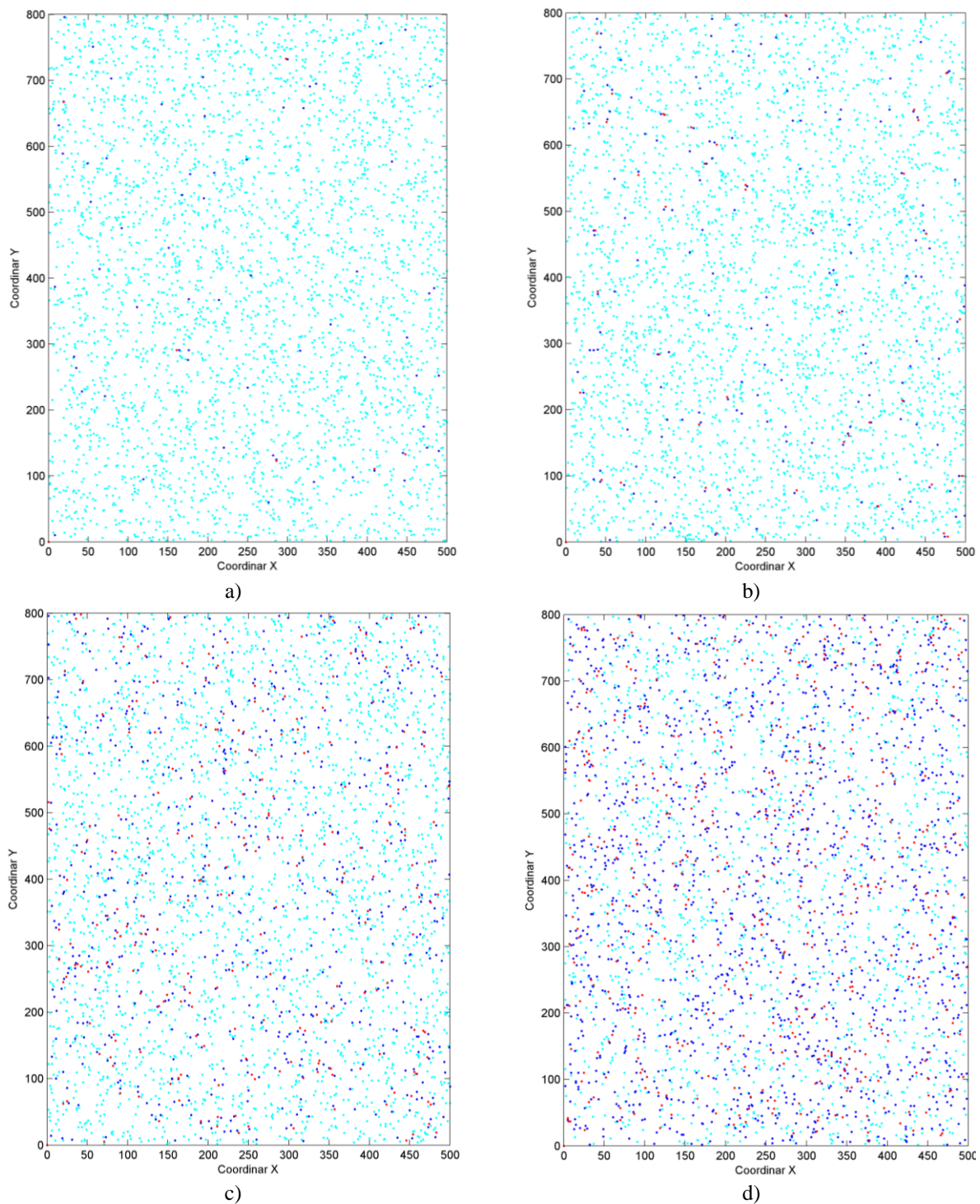


Figura 3. Disposición de mapas de crecimiento a diferentes distancias de lesión (a): $R1=3$, $dsp=3$; (b): $R1=5$, $dsp=5$; (c): $R1=7$, $dsp=7$; (d): $R1=8$, $dsp=8$). Fuente: elaboración propia.

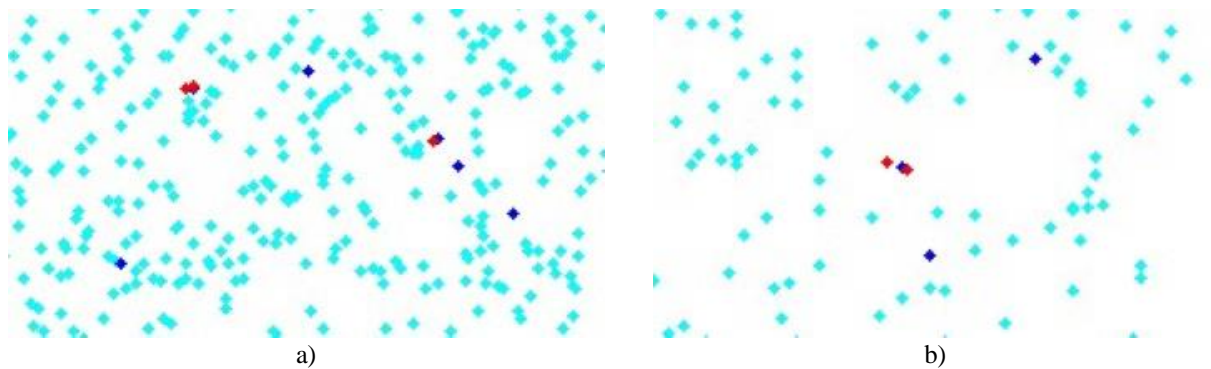


Figura 4. Segmentos de áreas con casos de transmisión múltiple del virus a individuos: (a) - en un grupo denso, (b) - en un grupo raro. Fuente: elaboración propia.

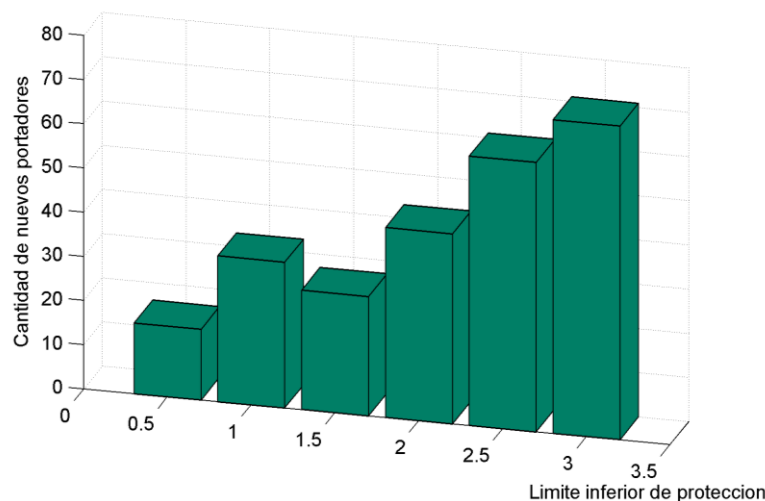


Figura 5. Sensibilidad del modelo a los parámetros de protección de los individuos. Fuente: elaboración propia.

El valor aceptado de $pre1 = 1,4$ significa que la protección para todos los individuos con valores previos será insuficiente y conducirá a la infección. Complementariamente se puede mostrar la sensibilidad del modelo al parámetro $im()$. En un trabajo futuro se puede darle un significado más profundo, de acuerdo con los logros modernos (y acelerados por la pandemia) de las ciencias médicas.

El segundo nivel de comparación (Figura 1) contiene la prueba $prot() \leq pre2$. La sensibilidad del modelo a $prot()$ se verificó en el intervalo $pre2 = [5-10]$ (Figura 6) y es bastante alta.

Todos los parámetros de protección que se tienen en cuenta en el algoritmo afectan el criterio junto con otros como act , $nano$, $R1$, $R2$. La lista de parámetros de protección se puede ampliar, detallar o mejorar mediante fórmulas de cálculo. El modelo le permite al decisor

quitar la protección de una parte o de todos los individuos, lo que se refleja inmediatamente el crecimiento de los infectados.

3.2. Discusión de resultados

La Tabla 3 muestra una serie de experimentos numéricos con diferentes conjuntos de parámetros de entrada del modelo. Se determina el número esperado de portadores de virus y sus características por tipo de infección. Según cada disposición, se crearon los mapas del posicionamiento del número de infectados. Al analizar las entradas y los resultados de los experimentos numéricos, se pueden hacer ajustes a cualquiera de las situaciones para obtener cantidades de infección más tolerables.

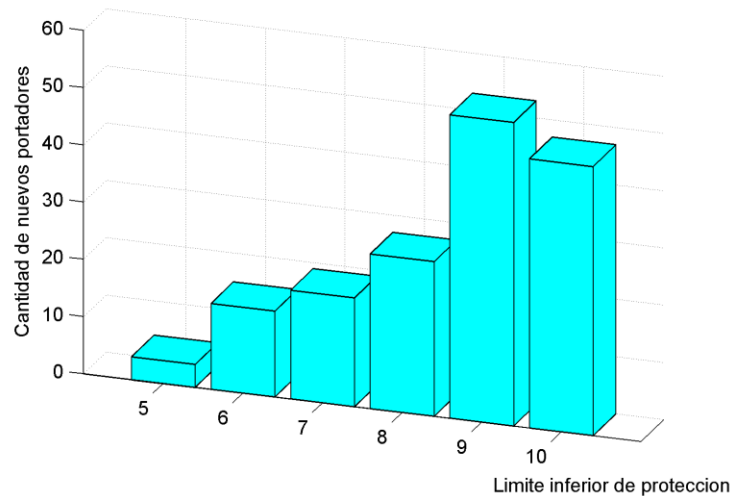


Figura 6. Sensibilidad del modelo al equipo de elementos de protección personal. Fuente: elaboración propia.

Tabla 3. Modelación de diferentes situaciones

NN	Parámetros de modelo								Criterios		
	<i>d</i>	<i>act</i>	β	nano	<i>R1</i>	<i>dsp</i>	<i>pre1</i>	<i>pre2</i>	<i>new1</i>	<i>new2</i>	Total
1	[342,517]	1740	0.01	148	4	4	2.5	7	205	47	400
2	[202,600]	4085	0.034	72	2	3	1	5	25	10	107
3	[100,420]	963	0.023	15	7	1	3	10	32	7	54
4	[350,680]	1755	0.007	44	5	5	2	8	116	33	193
5	[600,960]	3002	0.006	17	1	2	1.5	6	0	0	17
6	[100,1500]	1011	0.007	29	3	10	0.5	9	14	69	112

El número total de portadores de virus al final de la evaluación (última disposición) está determinada solo por la combinación de todos los parámetros del modelo en consideración (hacer seguimiento de estas combinaciones es complicado), sin embargo, a nivel de tendencias, algunas explicaciones de los resultados pueden resultar obvias.

Considerando el caso del experimento en que resultaron 1400 portadores, se tuvo desde principio un número significativo de portadores iniciales y una alta intensidad de sus movimientos. Además, la densidad de individuos era bastante moderada. La mayoría de las infecciones ocurrieron por gotículas suspendidas en el aire.

En el experimento 2, la densidad inicial de los individuos fue aumentada. Sin embargo, la observancia de la distancia permitida y la baja intensidad de los movimientos limitaron el crecimiento en el número de infectados por un factor de 1,5.

En el experimento 3, el número inicial de portadores fue pequeño, los movimientos globales de los individuos

también fueron mínimos (*dsp*), pero los movimientos particulares (*R1*) ya fueron significativos. Como resultado se obtuvo el número de portadores 3 veces más grande.

El experimento 4 condujo a un aumento de 4 veces en el número de portadores, principalmente debido a los valores altos tanto de actividad local (*R1*), como de global (*dsp*) de los individuos. La protección de los afectados no fue suficiente para defender de los ataques aéreos (estornudos, aerosoles y partículas en el aire) de los portadores.

Los resultados del experimento 5 son interesantes, dado que la infección no ocurrió. Las razones de este resultado tan ideal son bastante comprensibles para el modelo y se explican por la presencia estática de una pequeña distancia de daño *R1* en los portadores iniciales y en prácticamente la ausencia de desplazamientos *dsp*. Así que las recomendaciones obvias para los lugares de congestión masiva (restaurantes, cines, etc.) se siguen a partir de aquí: estricto cumplimiento de las distancias de seguridad más minimización de los movimientos mutuos.

El equipo de protección personal también fortalece la garantía de no proliferación del virus.

Es difícil comentar las estimaciones cuantitativas de las diferentes formas de transmisión del virus en los experimentos, porque el modelo establece parámetros de protección (*pre1*, *pre2*), pero los valores específicos para las personas se asignaron aleatoriamente.

En el último experimento, el radio de infección en los portadores iniciales ya era notable, y la dinámica de los movimientos de los individuos simplemente estaba más allá de lo que se pudiera considerarse seguro. El número resultante de 112 personas afectadas puede ser mucho peor, teniendo en cuenta que el número fijado de portadores iniciales fue relativamente pequeño.

Es difícil comentar las estimaciones cuantitativas de diferentes mecanismos de transmisión del virus en experimentos, dado que el modelo establece solo filtros de detección *pre1*, *pre2*, pero los parámetros de protección específicos de los individuos son aleatorios.

En este trabajo, se intenta conectar las coordenadas de los individuos, las distancias permitidas de seguridad, la dinámica y el factor de aleatoriedad en un solo sistema. El modelo confirmó la extrema relevancia de mantener distancias seguras y el papel del equipo de protección.

En el modelo pueden ser agregados otras características de las personas, como, por ejemplo, el grupo etario, la presencia de anticuerpos o el estado de los que se han recuperado, el momento de la última prueba, etc. Además, puede considerarse la actividad variable del portador del virus como un factor aleatorio e introducirlo en las condiciones de infección. La variedad de formas de transmisión del virus puede incrementarse para aproximar más el modelo a la realidad.

Cualquier disposición determina el número y las coordenadas de los nuevos portadores del virus y permanece en el pasado, dando paso a una nueva disposición. En la nueva disposición, las coordenadas de todos los participantes serán nuevas, es decir, no se repiten, y corresponden a los movimientos continuos y aleatorios tanto de individuos sanos como de portadores del virus. Por lo tanto, el algoritmo no brinda recomendaciones sobre coordenadas con posiciones seguras en las disposiciones siguientes o futuras.

El algoritmo proporciona una estimación superior (máxima posible) del desarrollo de la epidemia. En realidad, los resultados pueden ser más bajos debido a la inmunidad personal individual de los individuos y su

porcentaje puede incorporarse numéricamente a la metodología.

Hay un parámetro de fondo que es la densidad de individuos en la región. El algoritmo permite usando los parámetros *d*, *act* introducir cualquier densidad en el modelo y analizar su influencia en los criterios.

La propuesta tiene en cuenta los parámetros más importantes, pero limitados, lo cual es una ventaja para el procesamiento. Aunque fuera del modelo, siguen existiendo un número mucho mayor de otros fenómenos y factores que probablemente requerirán enfoques mucho más complejos, la metodología permite dividir la región en zonas con diferentes probabilidades de violación de distancias seguras y actividad de movimientos (por ejemplo, vestuarios y otros trabajadores en espacios públicos).

El modelo describe la situación en espacios concurridos en la etapa de crecimiento de contagios de la pandemia. En etapa de atenuación de la pandemia, se tendrá una disminución de número de portadores y posiblemente la expansión de la inmunidad en la sociedad y para que el modelo sea útil en esta etapa, se tendría que nuevos valores de parámetros, nuevas variables y datos.

Es posible que los movimientos caóticos simultáneos en toda la masa de individuos estén lejos de tener lugar siempre y lo más probable es que sean selectivos y desiguales en tamaño. En este caso el modelo predice el peor resultado posible y recomienda soluciones con un "margen de seguridad" inflado, lo cual no es malo, ya que se está hablando de la vida de las personas.

Aunque se ha logrado la compacidad, la simplicidad y la correspondencia con cierta lógica, es imposible discutir la adecuación del modelo y, además, considerar el problema resuelto. Los resultados del pronóstico del modelo podrían ser cerca de los reales si existe una seguridad de entradas reales lo que es complicado de considerar.

El algoritmo debe considerarse como la base para una mejora adicional con la participación obligatoria de especialistas de diferentes campos.

4. Conclusiones

Se propone un modelo heurístico para predecir el crecimiento del número de portadores de virus en un área limitada en espacios cerrados (centros comerciales, reuniones, etc.) con un número fijo de individuos y portadores iniciales.

El algoritmo rastrea la transmisión del virus cuando no se cumplen distancias seguras y normas de bioseguridad. Las disposiciones aleatorias de los individuos en el área simulan la dinámica de los movimientos de los individuos y muestran un aumento suave y exponencial en el número de infectados.

La aplicación del algoritmo permite proponer controles en situaciones complejas y poco predecibles de desarrollo epidémico en grupos de población locales, lo que mejora la calidad de las medidas médicas proactivas y las decisiones administrativas. Los resultados también ratifican la necesidad de cumplir las normas de distanciamiento social y de bioseguridad. No resulta conveniente dejar el cumplimiento de estas al albedrío de los individuos y por lo tanto las autoridades y administradores de los centros comerciales y sitios cerrados similares deben tomar las medidas necesarias para garantizar su cumplimiento.

Referencias

- [1] S. Jiumeng, et al. “COVID-19: epidemiology, evolution, and cross-disciplinary perspectives,” *Trends in Molecular Medicine*, vol. 26, no. 5, pp. 483-495, 2020, doi: 10.1016/j.molmed.2020.02.008
- [2] T. Lupia, S. Scabini, S. M. Pinna, G. Di Perri, F. G. De Rosa, S. Corcione, “2019-novel coronavirus outbreak: A new challenge,” *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, vol. 21, pp. 22-27, doi: 10.1016/j.jgar.2020.02.021
- [3] B. Ivorra, M. R. Ferrández, M. Vela-Pérez, A.M. Ramos, “Mathematical modeling of the spread of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) taking into account the undetected infections. The case of China,” *Communications in nonlinear science and numerical simulation*, vol. 88, 2020, doi: 10.1016/j.cnsns.2020.105303
- [4] T. Pueyo, “Coronavirus: Por qué Debemos Actuar Ya,” 2020, [En línea]. Disponible en: <https://medium.com/tomas-pueyo/coronavirus-por-qu%C3%A9-debemos-actuar-ya-93079c61e200>
- [5] E. N. Nikolaev, M.I. Indeykina, A.G. Brzhozovskiy, A.E. Bugrova, A. Kononikhin, N.L. Starodubtseva, G.T. Sukhikh, “Mass Spectrometric detection of SARS-CoV-2 virus in scrapings of the epithelium of the nasopharynx of infected patients via Nucleocapsid N protein,” *Journal of Proteome Research*, 2020, doi: 10.1021/acs.jproteome.0c00412
- [6] Resolution of the Chief Sanitary Doctor of the Russian Federation N9 of 30.03.2020. On additional measures to prevent the spread of COVID-19. [En línea]. Disponible en: https://www.rosпотребнадзор.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=14155
- [7] B. Blocken, et al., “Towards aerodynamically equivalent COVID19 1.5 m social distancing for walking and running,” [En línea]. Disponible en: http://www.urbanphysics.net/COVID19_Aero_Paper.pdf
- [8] Z. Yang, Z. Zeng, K. Wang, S.S. Wong, W. Liang, M. Zanin, J. Liang, et al., “Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions,” *Journal of Thoracic Disease*, vol. 12, no. 3, 2020, doi: 10.21037/jtd.2020.02.64
- [9] S. He, Y. Peng, K. Sun, “SEIR modeling of the COVID-19 and its dynamics,” *Nonlinear Dynamics*, vol. 101, no. 3, pp. 1667–1680, 2020, doi: 10.1007/s11071-020-05743-y
- [10] L. Peng, W. Yang, D. Zhang, C. Zhuge, L. Hong, “Epidemic analysis of COVID-19 in China by dynamical modeling,” *medRxiv*, 2020, doi: 10.1101/2020.02.16.20023465
- [11] R. M. Batalin, V. A. Terletskiy, “Optimal control in models of epidemics of vector-borne diseases with SEI-SEIR systems,” *Bulletin of Irkutsk State University. Serie: Mathematics*, vol. 14, pp. 18-30, 2015.
- [12] S. Ilyin, “Coronavirus infection: modeling and prognosis,” Institute of Petrochemical Synthesis. A.V. Topchiev RAS. [En línea]. Disponible en: <https://www.kommersant.ru/doc/4322667>
- [13] “nCovForecast: Forecasting tool code nCov (aplication Shiny)”. [En línea]. Disponible en: <https://github.com/benflips/nCovForecast>
- [14] F. H. Lee, “A Heuristic Model for Spreading of COVID 19 in Singapore,” *medRxiv*, 2020, doi: 10.1101/2020.04.15.20067264
- [15] N. Bacaer, “Modèle mathématique de l’émergence de l’épidémie de coronavirus en France. Institut de Recherche pour le Développement,” *Math. Model. Nat. Phenom.*, vol. 15, 2020, doi: 10.1051/mmnp/2020015