



La revaloración de la matemática en el contexto de la pandemia del COVID-19

Victoria Vampa



victoriavampa@ing.unlp.edu.ar

Introducción

Desde el inicio de la emergencia sanitaria debida a la pandemia de COVID-19, numerosos conceptos matemáticos ingresaron en todos los hogares del mundo y se volvieron de uso común. Por ejemplo, un tema de interés fue conocer el tiempo en el que se duplicaban los contagiados, de modo de poder predecir la ocupación de camas y los requerimientos de cuidados intensivos en los hospitales.

Decidimos abordar esos conceptos matemáticos y explicarlos en el marco de la pandemia. Describimos, además, la utilización de modelos matemáticos y presentamos un breve análisis de resultados en nuestro país.

Crecimiento exponencial y tiempo de duplicación

Los contagios en el marco de las epidemias tienen como propiedad su carácter multiplicativo, es decir su crecimiento en una unidad de tiempo es proporcional al número de personas infectadas. En términos de una función exponencial $f(x) = a^x$, esto se expresa como que la derivada es proporcional a la función, esto es $f'(x) = k \cdot f(x)$, siendo $k = f'(0)$.

En el caso más sencillo, cada día la cantidad de nuevos infectados por unidad de tiempo se multiplica por un cierto factor k mayor que uno. Por ejemplo, si $k = 2$, la cantidad de nuevos infectados sigue una progresión geométrica de razón 2, es decir que estos se duplican en cada unidad de tiempo, como se muestra en la Tabla 1. Así, la cantidad de nuevos infectados en función del tiempo responde a una función exponencial en la que para cada día n , $f(n) = 2^n$.



| | | | | | | | | | | |
|-------------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|------------|------------|------------|-----|-----------|-------|
| Tiempo (en días) | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | ... | $D - 1$ | D |
| Cantidad de nuevos infectados | $2^0 = 1$ | $2^1 = 2$ | $2^2 = 4$ | $2^3 = 8$ | $2^4 = 16$ | $2^5 = 32$ | $2^6 = 64$ | ... | 2^{D-1} | 2^D |

Tabla 1

Una de las formas para cuantificar el crecimiento exponencial consiste en considerar el tiempo que debe transcurrir para que el número de nuevos casos se duplique. Este es un dato que se considera central al estudiar la evolución de una enfermedad.

En el ejemplo anterior, cada infectado contagia cada 24 horas a 2 nuevos individuos, el tiempo de duplicación es de un día y , entonces, a lo largo de D días hay D duplicaciones.

Si, en cambio, consideramos $k = 4$, cada infectado contagia día a día a otros 4 individuos, la cantidad de nuevos infectados se multiplica por 4 cada día y el tiempo de duplicación es de medio día.

En tales circunstancias estamos considerando que un enfermo contagia cada día a otras 2 o a otras 4 personas. La cantidad de personas que contagia en promedio un infectado es un número propio de cada enfermedad. En el caso del coronavirus se ha estudiado que ese número está entre 2 y 3, es decir, que la cantidad de nuevos infectados de cada día está entre el doble y el triple de la del día anterior.

Supongamos que los nuevos casos se duplican cada día. Entonces, tendremos la siguiente situación:

Cantidad inicial de casos: A

Día 0: $A_0 = A \cdot 2^0$

Día 1: $A_1 = (A \cdot 2^0) \cdot 2^1$

Día 2: $A_2 = (A \cdot 2^0 \cdot 2^1) \cdot 2^1$

Día 3: $A_3 = (A \cdot 2^0 \cdot 2^1 \cdot 2^1) \cdot 2^1$

.....

Día N : $A_N = (A \cdot 2^0 \cdot 2^{N-1}) \cdot 2^1 = A \cdot 2^N$

Si ahora el tiempo de duplicación de nuevos casos fuera de 2 días, entonces tendríamos:



Día 0: $A_0 = A \cdot 2^0$
 Día 1: $A_1 = (A \cdot 2^0) \cdot 2^{\frac{1}{2}}$
 Día 2: $A_2 = (A \cdot 2^0 \cdot 2^{\frac{1}{2}}) \cdot 2^{\frac{1}{2}} = A \cdot 2^{\frac{1}{2} \cdot 2} = 2A$ (se duplicó)

 Día N: $A_N = A \cdot 2^{\frac{1}{2} \cdot N}$

Si la duplicación de nuevos casos se da en un tiempo de t días, tenemos: $A_N = A \cdot 2^{\frac{1}{t} \cdot N}$ y así, la cantidad de casos se multiplica por $2^{\frac{1}{t}}$ por cada día.

Llamemos k a ese factor por el cual se multiplican diariamente los nuevos casos: $k = 2^{\frac{1}{t}}$ (*).

Entonces, resulta que $A_N = A \cdot 2^{\frac{1}{t} \cdot N} = A \cdot (2^{\frac{1}{t}})^N = A \cdot k^N$ y el tiempo de duplicación, despejando t en (*) es $t = \frac{1}{\log_2 k}$.

Para el caso en que se duplica cada dos días: $t = \frac{1}{\log_2(2^{\frac{1}{2}})} = 2$.

Si en $f(n) = k^n$ tomamos logaritmos en base 2 miembro a miembro, resulta una nueva función de expresión $g(n) = n \cdot \log_2 k$, que corresponde a una función lineal cuya gráfica es una recta de pendiente $\log_2 k$. Para obtener el tiempo de duplicación, construimos un gráfico (ver Figura 1), medimos la pendiente de la recta y calculamos su inverso multiplicativo.

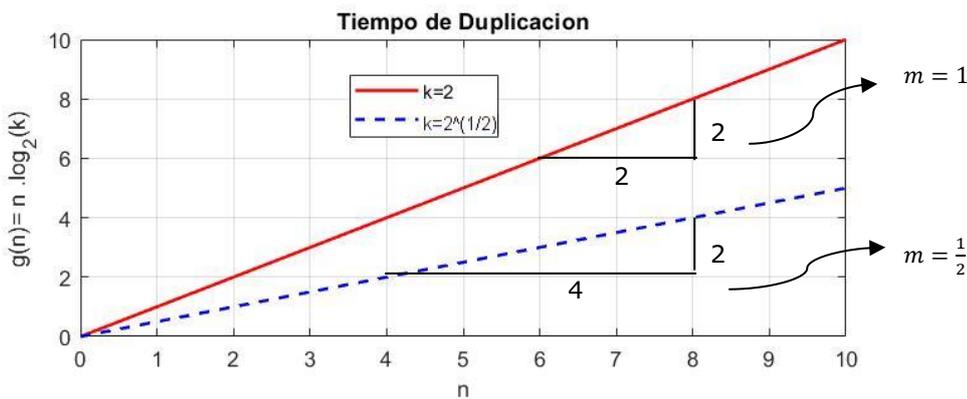


Figura 1: valores que toma la función g vs tiempo (en días)

Entonces, los tiempos de duplicación son, respectivamente $\frac{1}{1} = 1$ y $\frac{1}{1/2} = 2$.



Efectos del aislamiento

Supongamos ahora que en la situación correspondiente a la duplicación de nuevos casos por cada día (el caso de la Tabla 1), se aplican medidas de aislamiento. La Figura 2 es un diagrama de árbol en el que mostramos cómo se expande la enfermedad según el cumplimiento o no de las restricciones impuestas. En la Tabla 2 mostramos la misma información en otro formato:

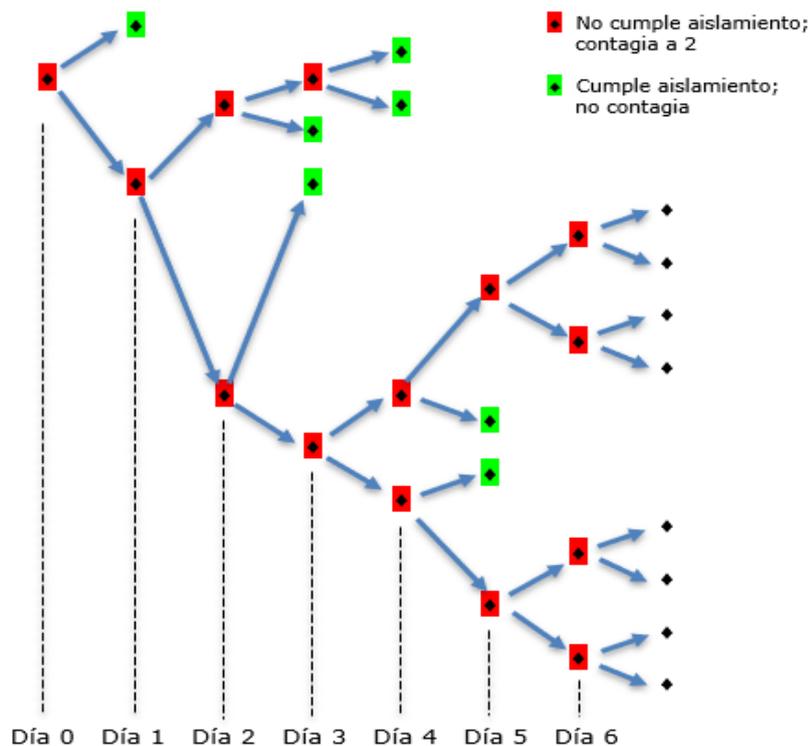


Figura 2

| | | | | | | | | |
|-------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Tiempo (en días) | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 |
| Cantidad de nuevos infectados | 1 | 2 | 2 | 4 | 4 | 4 | 4 | 8 |

Tabla 2

Observamos que la cantidad de nuevos infectados del día 7 es de 8 en lugar de los $2^7 = 128$ del modelo original. Puede verse la desaceleración producida como consecuencia de las medidas de aislamiento y el distanciamiento social.

Vale hacer una observación sobre lo desarrollado. Cuando se habla de los tiempos de duplicación de nuevos casos de una enfermedad, por ejemplo, que estos se duplican cada día, el interés está en aplicarlo a grandes poblaciones (una ciudad, un país, una región). De esto no se desprende



necesariamente que cada día *cada individuo contagia a otros dos*, como suele decirse usualmente para el modelo de duplicación diaria (y como lo hemos hecho aquí) ya que esto no contempla que ese individuo que un día contagió a 2, en los días siguientes pueda contagiar a otros. Si quisiéramos ser más precisos en el supuesto que estamos planteando, deberíamos decir que *cada individuo contagia a 2 y solo contagia ese día*. Así, la diferencia observada en las dos tablas expuestas resulta agrandada por la simplificación que realizamos. Del mismo modo, en el caso del aislamiento, suponemos que cada individuo aislado en un cierto día permanece aislado y no contagia. Es claro que ninguno de los dos modelos describe el comportamiento de una enfermedad debido a la incidencia de otros factores.

Si bien las epidemias reales son aún más complejas y no siguen secuencias geométricas, es posible definir, para cada uno de los días transcurridos, cuál es el tiempo en que se duplicarán los casos, de modo de estimar el ritmo de propagación de la enfermedad. Esto nos brinda información de la evolución de la pandemia en el tiempo.

En la Figura 3 se muestran las estimaciones de los tiempos de duplicación de casos positivos de COVID-19 en la Argentina, desde el 31 de marzo y hasta el 23 de agosto de 2020. En dicha figura se evidencia una clara desaceleración del crecimiento exponencial, ya que el tiempo de duplicación aumentó más de 6 veces, pasando de 5 días a más de 30 días. Son *estimaciones* porque no es posible precisar con exactitud el tiempo de duplicación. Lo factible es realizar, mediante un programa computacional, un ajuste de los datos aportados diariamente por el Ministerio de Salud de la Nación con funciones exponenciales a trozos de la forma $I(t) = a \cdot e^{bt}$, considerando períodos de, por ejemplo, 8 días. Luego de tomar logaritmos, $\ln(I(t)) = \ln(a) + bt$, los parámetros a y b se obtienen aplicando una aproximación por mínimos cuadrados, y para cada día, utilizando que $I(t) = ae^{bt}$, y que $I(t+l) = ae^{b(t+l)}$, es posible estimar el tiempo de duplicación l (tal que $I(t+l) = 2I(t)$). Para ampliar, puede verse Cervantes Gómez (2015).

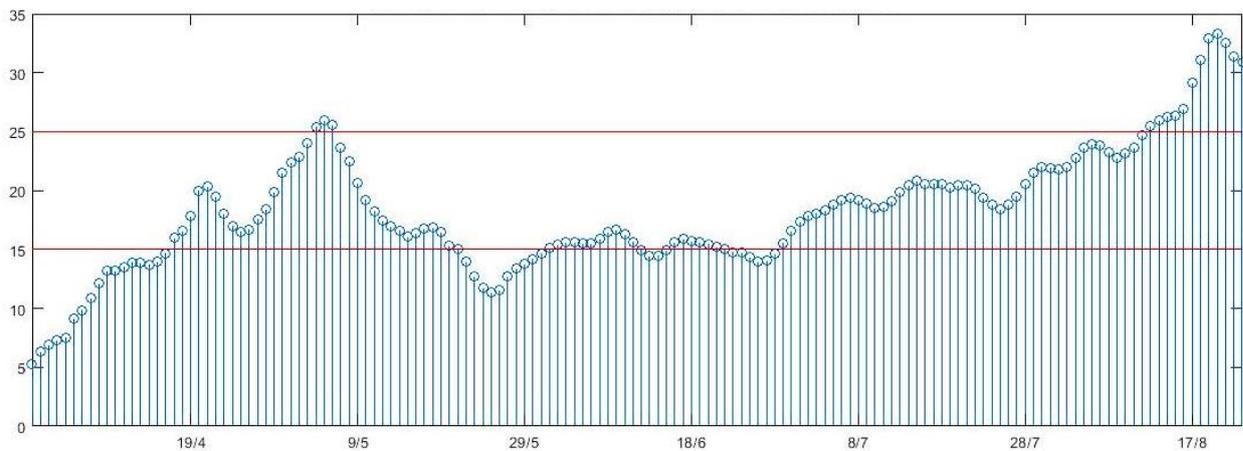


Figura 3. Tiempo de duplicación casos positivos COVID-19 (tiempo –en días– vs fecha)

Modelización de una epidemia

Un punto de partida adecuado para analizar la propagación de epidemias es la adopción del llamado modelo SIR (iniciales de "Susceptibles, Infectados y Recuperados o Removidos"), formulado en 1927, a partir de estudios sobre la malaria, por A.G. Mc Kendrick (1876-1943) y W. Kermack (1898-1970). En este modelo, la población se divide en tres grupos: 1) los individuos susceptibles de contraer la enfermedad **S**, 2) los infectados, **I**, y 3) los removidos (que incluyen tanto a los que superan la enfermedad como a los que fallecen por su causa), representados por **R** (ver Figura 4).

Las relaciones entre las cantidades **S**, **I** y **R** en cada tiempo t responden a tres ecuaciones diferenciales. Así la cantidad de infectados aumenta por el contacto entre susceptibles e infectados y disminuye al crecer los removidos. Además, cabe señalar que una de las suposiciones del modelo es que $\mathbf{S} + \mathbf{I} + \mathbf{R} = \mathbf{N}$, donde **N** es la cantidad total de la población. Este modelo tiene un parámetro que representa el número medio de casos originados por el contagio de un solo infectado y tiene valor predictivo, ya que por debajo del valor crítico 1 la epidemia está en retirada, pero si es mayor que 1, significa que la enfermedad se está extendiendo.

Los modelos que se utilizan actualmente son modelos de epidemia de última generación con más variables y más poblaciones, distintos del SIR original. Incluyen la población de Expuestos (MODELO SEIR), donde E son los portadores en período de incubación, pero asintomáticos.

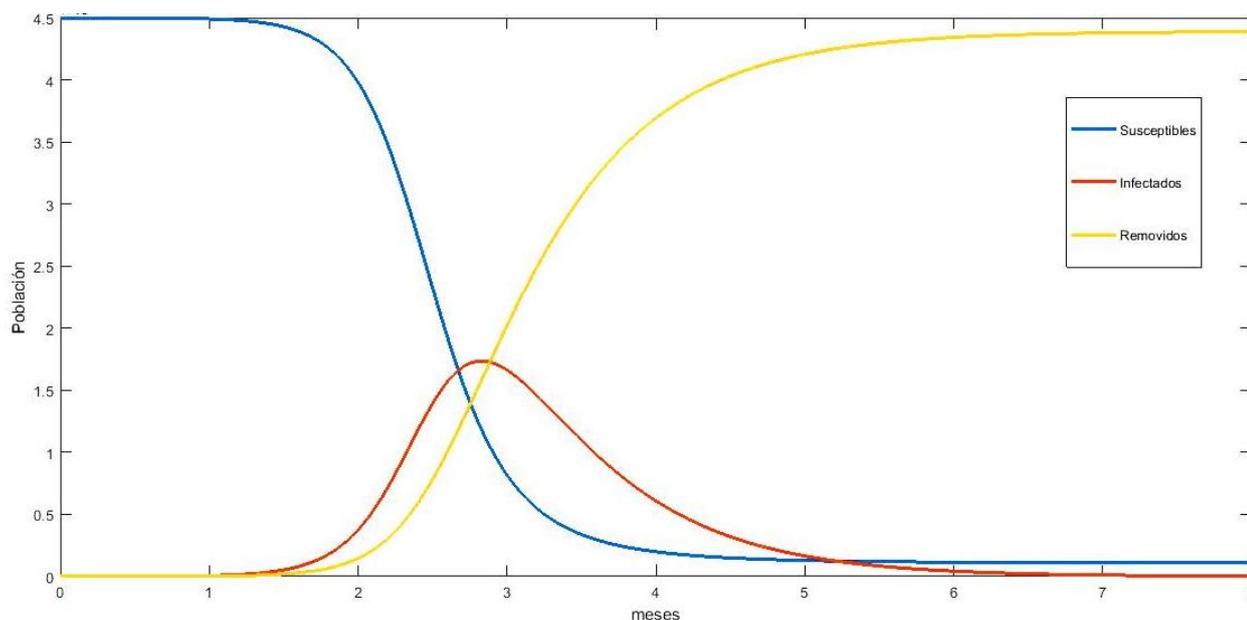


Figura 4. Curvas representativas del modelo SIR (población –en millones– vs tiempo –en meses–)

Y también agregan estratificaciones por edad-debido a que enfermedades como el COVID-19 afectan en forma diferente a jóvenes y a adultos mayores, la población de pacientes hospitalizados y a los internados en unidades de cuidados intensivos. En estos modelos se contemplan, además, parámetros que reflejan el comportamiento social y la movilidad, a partir de las localizaciones que brinda la telefonía móvil y de dispositivos colocados en avenidas y autopistas.

Otras técnicas diferentes al modelo SIR y sus variantes son las basadas en el análisis de Series Temporales, cuyos desarrollos teóricos comenzaron en 1920 y 1930. Una serie temporal es una colección de datos que se recogen en tiempos equidistantes. Se estudia la evolución de esos datos con el tiempo, analizando lo que ha ocurrido en el pasado y la posibilidad de predecir el futuro. Se trata de examinar las tendencias (crecimiento o decrecimiento), identificar datos discordantes, estudiar la existencia de estacionalidad o la correspondencia con un modelo aleatorio. Se utilizan herramientas provenientes de la estadística y del cálculo de probabilidades.

Es importante señalar que, debido a que los contagios se producen cuando dos personas se acercan a menos de un metro y medio de distancia, la movilidad es uno de los datos cruciales para detener la propagación de la enfermedad. Resulta, entonces, de importancia fundamental el desarrollo de aplicaciones informáticas y de la ciencia de datos para analizar la movilidad y así contribuir a prevenir la transmisión del virus.



Consideraciones finales

Dentro de las pocas consecuencias positivas que trajo consigo la emergencia sanitaria mundial en la que estamos viviendo, el uso de herramientas matemáticas para describir y predecir la evolución de la pandemia logró que muchas personas se familiarizaran con este lenguaje, dejaran de percibirlo como abstracto y alejado de lo cotidiano y por el contrario, tomaran conciencia de su potencial para dar cuenta de buena parte de lo que nos rodea. Además, se abre una gran oportunidad para que los docentes de la disciplina logren poner en evidencia que las matemáticas tienen múltiples aplicaciones y que, en no pocos casos, resultan imprescindibles para diagnosticar problemas y diseñar sus posibles soluciones.

En cuanto a las medidas tomadas en Argentina, lo expuesto deja en claro que permitieron aplanar la curva de infectados y adecuar el sistema de salud. La evolución de la pandemia dependerá fundamentalmente de nosotros y de los nuevos tratamientos y vacunas que resulten de las investigaciones científicas actualmente en desarrollo.

Fuentes consultadas

Amster, P. (2020, 30, 03). Qué modelo hay que tomar para seguir. Recuperado de

<https://amster-pablo.medium.com/qu%C3%A9-modelo-hay-que-tomar-para-seguir-2f9fd777c028>

Andrini, L. (2020, 04, 10). *Matemáticas y pandemia: ¿Qué significa "achatar" la curva de infectados?*

Recuperado de

<http://www.agenciapacourondo.com.ar/debates/matematicas-y-pandemia-que-significa-achatar-la-curva-de-infectados>

Cervantes Gómez, L. (2015). Modelización Matemática, Principios y Aplicaciones. Facultad de

Ciencias Físico Matemática. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Recuperado de

<https://www.fcfm.buap.mx/assets/docs/publicaciones/Modeliza.pdf>

Leung, G. (2020, 06, 04). "Así es cómo debe levantarse la cuarentena": qué aconseja hacer una de las máximas eminencias en la lucha contra el coronavirus. Recuperado de

<https://www.infobae.com/america/eeuu/2020/04/06/asi-es-como-debe-levantarse-la-cuarentena-que-aconseja-hacer-una-de-las-maximas-eminencias-en-la-lucha-contra-el-coronavirus/>

Vampa, V. (2020, 03, 05) *Covid-19. ¿Qué significa un crecimiento exponencial?* Recuperado de

<http://www.agenciapacourondo.com.ar/ciencia-y-tecnologia/covid19-que-significa-un-crecimiento-exponencial>