

Implementación de algoritmos matemáticos para la solución de sistemas de ecuaciones diferenciales que modelan el contagio y la mortalidad por el virus COVID-19 en México

Áyax Saúl Martínez Magaña¹, Esiquio Martín Gutiérrez Armenta², Marco Antonio Gutiérrez Villegas³, Israel Isaac Gutiérrez Villegas⁴, Javier Norberto Gutiérrez Villegas⁵, María de Lourdes Sánchez Guerrero⁶, Josué Figueroa González⁷, Nicolás Domínguez Vergara⁸, Alfonso Jorge Quevedo Martínez⁹, Julio Lara García¹⁰, Minerva del Mar Gutiérrez Armenta¹¹, Juan Manuel Figueroa Flores¹²

^{1,2,3,6,7,8}Departamento de Sistemas, UAM-AZC, México, Ciudad de México.

^{4,5}División de Ingeniería en Sistemas Computacionales, TESE- TecNM, Estado de México.

⁹Departamento de Administración, UAM-AZC, México, Ciudad de México.

¹⁰División de Ingeniería Mecánica, Universidad Politécnica de Tecámac (UPT), Estado de México.

¹¹Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, ESIME-Zacatenco, México D.F., México.

¹²Departamento de Ingeniería y Ciencias Sociales, ESFM-IPN, México, Ciudad de México.

Teléfono 55 1339-1343 Fax (55) 5729-55015 E-mail: esiqv11@hotmail.com

Resumen

En el artículo se pretende realizar un modelo matemático de la infección y la mortalidad causadas por el virus COVID-19 en México, el caso de estudio es la ciudad de México (CDMX) durante los primeros meses en los que fue aumentando la pandemia en nuestro país, que fueron los meses de Mayo – Noviembre 2020, a través de un modelo simple representado por un sistema de ecuaciones ordinarias (EDOs), al cual se le da solución mediante los algoritmos numéricos de Euler, Heun (Euler mejorado) y Runge-Kutta que son implementados en el lenguaje de programación Python. Se analizan las infecciones y las muertes pronosticadas por el modelo y se comparan con los datos oficiales para la validez de éste. Adicionalmente, se hace un análisis cualitativo de la eficiencia y exactitud de los algoritmos al resolver las ecuaciones planteadas en el modelo.

Palabras Clave – Algoritmo, modelo matemático, infección, mortalidad, programación Python, Covid-19, solución numérica de sistemas de ecuaciones diferenciales ordinaria.

Abstract

The article intends to carry out a mathematical model of the infection and mortality caused by the COVID-19 virus in Mexico, the case study is Mexico City (CDMX) during the first months in which the pandemic increased in our country. country, which were the months of May - November 2020, through a simple model represented by a system of ordinary equations (ODEs), which is solved by the numerical algorithms of Euler, Heun (improved Euler) and Runge -Kutta that are implemented in the Python programming language. The infections and deaths predicted by the model are analyzed and compared with the official data for its validity. Additionally, a qualitative analysis of the efficiency and accuracy of the algorithms is made when solving the equations proposed in the model.

Keywords — Algorithm, mathematical model, infection, mortality, Python programming, Covid-19, numerical solution of ordinary differential equation systems.

1. Introducción

Desde se dio inicio la pandemia del virus SARS-CoV-2 (COVID-19) en Wuhan, China el diciembre de 2019 [1], en mundo ha sufrido cambios profundos e irreversibles en parte social, económico y principalmente en salud. En México, desde que empezó a finales de febrero de 2020 [2] a la fecha (septiembre 2022), el total de casos confirmados en el territorio nacional asciende ya a más de 7 millones y el

número de muertos supera los 330 mil [3]; en el caso particular de la CDMX, los números superan los 1.7 millones para el total de casos confirmados y existen más de 43 mil muertos, según las cifras oficiales [4].

Si se han reducido los impactos negativos que el virus ha causado, es necesario entender su comportamiento, es decir, la evolución de los contagios, la mortalidad causada por éste, con el fin de introducir acciones o políticas de salud en etapas clave del proceso de contagio. En este trabajo, se intenta entender de forma elemental, la dinámica de la

*Autor para la correspondencia: josejuan@dominio1.edu.mx

Correo electrónico: jgutierrez@tese.edu.mx (Javier Norberto Gutiérrez Villegas)

transmisión del virus a través de un modelo matemático determinista que se basa en la división de la población en varias categorías (compartimentos) que guardan una estrecha relación con las etapas del proceso de enfermedad cuando una persona es infectada por el virus, desde que inicia, hasta que la persona se mejora de él.

El modelo describe el cambio en la cantidad de individuos por categoría a través del tiempo mediante un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias cuyos parámetros de entrada dependen de la naturaleza del virus (cómo la transmisibilidad de éste) y los tiempos que duran las etapas de la enfermedad.

introducción concluye con el objetivo del trabajo o la hipótesis. Adicionalmente, la introducción se redacta en tiempo presente.

2. Metodología y Desarrollo

El estudio de la transmisión de las enfermedades infecciosas sobre una determinada población surgió en 1662 con el trabajo de John Graunt [5]; sin embargo, no fue sino hasta 1760 que Daniel Bernoulli creó el primer modelo matemático que estudiaba los efectos sobre el virus de la viruela [6]. Entre otras de las aportaciones fundacionales a la epidemiología, destacan el estudio de los patrones espacio-temporales de la diseminación del cólera realizados por John Snow en 1855 [7], y los trabajos de P.D. EN'ko de 1873 a 1894 [8] que contribuyeron a la epidemiología moderna.

El modelado de las enfermedades infecciosas se puede hacer a través de dos clases de modelos [9]:

Deterministas. Los parámetros de entrada de las ecuaciones están fijos es decir no varían de forma aleatoria, así que las predicciones del modelo sobre las variables que describe están predeterminadas.

Estocásticos. Existen elementos probabilísticos que afectan sus parámetros, la tasa de cambio del número de infectados varía de forma aleatoria respecto al tiempo. Entonces los resultados arrojados por el modelo se encuentran sobre un rango de valores y estos ocurren con cierto grado de probabilidad.

Los modelos deterministas, son del tipo compartimentado, la población bajo estudio se divide en varias categorías, los individuos transitan a través de estos grupos de acuerdo con la etapa en que se encuentren de la enfermedad causada por el agente infeccioso. Las tasas de transferencia entre los compartimentos se expresan de forma matemática cómo derivadas de los tamaños de los compartimentos con respecto al tiempo; se supone que el tiempo de estadía en los grupos está exponencialmente

distribuido, el modelo da lugar a una serie de ecuaciones diferenciales. Las bases del modelado mediante compartimentos surgieron a través de los trabajos llevados a cabo Ronald.A. Ross, W.H. Hamer, A.G. McKendrick, y W.O. Kermack entre 1900 y 1935 [10, 11, 12].

Ronald Ross trabajo el modeló la transmisión de la malaria entre humanos y mosquitos de forma compartimentada por lo cual recibió el premio nobel de medicina en 1902 [13], fue en este trabajo dónde se introduce por vez primera el concepto de número básico de reproducción (R_0), idea fundamental en epidemiología. Una de las suposiciones que simplifica el modelado por compartimentos de la ley de acción de masas, establece que la tasa de reacción de una sustancia es proporcional al producto de las concentraciones de los reactantes [9]. Este principio se aplica en el modelado epidemiológico en dónde el riesgo o tasa de infección depende de la cantidad de personas susceptibles e infecciosas de la población; esta idea fue propuesta por W.H. Hamer en 1906 [14].

Desde 1927 a 1933 se desarrollaron una serie de artículos de investigación en dónde se describe el modelo básico del compartimentado de la transmisión de enfermedades infecciosas en honor a sus autores, modelo Kermack-McKendrick [10]. En él se incluyen la dependencia del tiempo desde la infección y dos parámetros: tasa de nuevas infecciones y tasa de recuperación. este se utilizará cómo base para el desarrollo subsecuente modelos epidémicos compartimentados.

Se encuentran Generalizaciones, ampliaciones del modelo Kermack-McKendrick, su aplicación para el estudio de transmisiones de enfermedades infecciosas; tradicionalmente se supone que el tiempo de permanencia de los individuos en los compartimentos está exponencialmente distribuido, pero esto puede modificarse en favor de otros modelos dónde el tiempo de estadía sea arbitrario en un compartimento dado [5]. En algunas aplicaciones concretas de modelos se encuentran el estudio de enfermedades cómo el SARS, la influenza H1N1 y el ébola [15, 16]; por su trascendencia teórica la reformulación del modelo realizado por Diekmann, Heesterbeek y Metz [17].

Para el caso particular del virus COVID-19, se han aplicado modelos compartimentados para el estudio de la transmisión del virus en distintas poblaciones a través del mundo [18], y en particular para la población mexicana [19].

Una vez que se infecta cómo el virus causante del COVID-19 en un individuo, éste atraviesa distintas etapas que son indispensables de identificar para entender, el modelado de los contagios. En la Figura 1 se muestran esquemáticamente los siguientes períodos, Pre-infeccioso o latente. Tiempo que transcurre desde que el individuo es infectado hasta que el mismo puede transmitir el agente

infeccioso a otro individuo. Incubación. Tiempo desde la infección hasta que el individuo desarrolla síntomas.

Infeccioso. Tiempo desde el fin del período latente hasta que el individuo deja de ser infeccioso o contagioso.

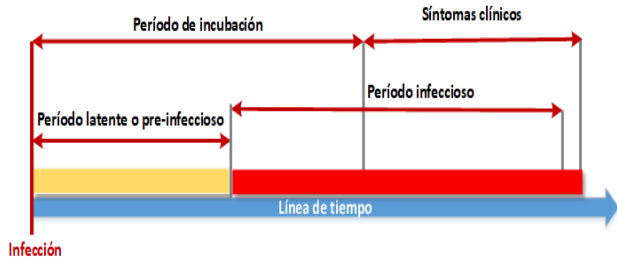


Fig. 1. Períodos de infección

Las personas afectadas desarrollan diversas respuestas inmunológicas ante éste, las cuales dependen tanto del individuo como el microorganismo que lo infecta, pero en general se pueden distinguir tres resultados ante la infección: inmunidad permanente (por ejemplo sarampión, rubéola); inmunidad parcial, donde las personas se recuperan de la infección pero son susceptibles de contraerla nuevamente pero en general con menor probabilidad (malaria) e inmunidad nula, donde las personas no desarrollan inmunidad alguna y permanecen infectadas o infecciosas por todas sus vidas (SIDA).

Para describir la frecuencia de las infecciones dentro de una población determinada, se pueden recurrir a los conceptos de incidencia y prevalencia. La primera de ellas se define como la tasa de casos por unidad de tiempo entre cierta cantidad de individuos susceptibles o en riesgo de infectarse, y la segunda como la cantidad o proporción de individuos infectados en un momento determinado.

Para cuantificar qué tan transmisible es una enfermedad se debe recurrir al concepto de número de reproducción, definido como el número promedio de transmisiones por persona infecciosa. Cobra particular importancia para el modelado, el número básico de reproducción (R_0) es número promedio de contagios producidos por la introducción de un individuo infeccioso en una población totalmente susceptible.

Existen varias maneras de estimar el número básico de reproducción de una epidemia, ver por ejemplo [9]. Si $R_0 > 1$, la enfermedad en una población totalmente susceptible, el número de casos crecerá en ella y la epidemia persistirá; si $R_0 < 1$, los casos decrecerán rápidamente y no se desatará una epidemia.

Debido a que una persona al contraer el virus del Covid no desarrolla inmunidad alguna, permaneciendo infecciosa por un tiempo estimado, se puede dividir a la

población en dos grupos: Susceptibles e Infecciosos; el modelo conocido como SI (Susceptibles-Infecciosos). Para el caso de enfermedades como el COVID-19 o la influenza, un modelo SIR sería adecuado para describir la dinámica de los contagios, donde los individuos Susceptibles (S), se vuelven Infecciosos (I) al contagiarse y finalmente se consideran Recuperados (R), ver Figura 2.

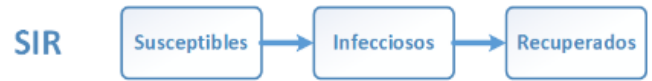


Fig. 2. Modelo SIR

Los casos producidos por enfermedades como el COVID-19 bajo las predicciones basadas en un modelo SIR pueden ser deficientes en precisión debido a que no consideran el período latente del proceso de infección, para ello el modelado de la enfermedad mediante un modelo SEIR pudiera dar resultados más precisos al considerar un compartimento adicional que represente a los Pre-Infecciosos o Expuestos (E). Se pueden realizar estos modelos más cercanos a la realidad.

Otros términos de los modelos SIRD o SEIRD, se toman en consideración los fallecidos (D – deceased). Como aplicación un modelo SEIR, se describe un modelo simple que se usará como base para modelar los contagios causados por el virus SARS-CoV-2 en la CDMX. El cambio en la cantidad de individuos de un compartimento dado se expresará como la derivada del número de individuos [es decir S] con respecto al tiempo t , $[\frac{dS(t)}{dt}]$.



Fig. 3. Modelo SEIR

La Figura 3 se puede observar que del grupo de susceptibles $[S(t)]$ solamente representa la salida de cierta proporción de los individuos de dicho grupo quienes a la vez ingresan al grupo de infecciosos $[I(t)]$; así la tasa de cambio en el número de susceptibles en el tiempo t , está dada por la cantidad negativa de proporción de personas susceptibles que se infectan por unidad de tiempo. Esta última cantidad se calcula como el producto del número de personas susceptibles en el tiempo t $[S(t)]$, por el riesgo de que una persona se infecte en el mismo tiempo, conocido como riesgo o fuerza de infección $[\lambda(t)]$, esto es:

$$\frac{ds(t)}{dt} = -\lambda(t)S(t) \tag{1}$$

Esta infección varía con respecto al tiempo, depende del número de individuos infecciosos como de la frecuencia de contactos que estos tienen con el resto de la población. Para calcular esta cantidad, se supone que todos los individuos dentro de la población se comportan como partículas o sustancias que interactúan de forma homogéneas decir la probabilidad de que dos partículas/individuos cualesquiera interactúen/hagan contacto entre ellos es la misma, independientemente de las características particulares de cada individuo; esta simplificación es análoga a ley de acción de masas (cuando los contactos entre los individuos dependen de factores como la edad, el género, etc., se habla de una ‘mezcla’ heterogénea y el modelo tiende a ser más preciso pero más complejo [20]). Con esta suposición, la fuerza de infección $[\lambda(t)]$ sería proporcional al número de infecciosos en el tiempo t :

$$\lambda(t) = \beta I(t) \tag{2}$$

Donde β es la constante de proporcionalidad definida como la tasa per cápita en la que dos individuos cualesquiera tienen un contacto efectivo (aquel contacto que de ocurrir entre un individuo infeccioso y uno susceptible implicaría el contagio de este último) por unidad de tiempo. Una fórmula para calcular dicha constante se deriva en [9], se muestra ecuación, (3), ésta se usará en el modelo por definir:

$$\beta = \frac{R_0}{ND} \tag{3}$$

Donde R_0 es el número de reproducción básico anteriormente definido, N es el tamaño de la población y D es el período infeccioso de la enfermedad. Sustituyendo las ecuaciones (2), (3) en (1), se tiene que la tasa de cambio instantánea por unidad de tiempo del número de personas susceptibles, y por ende la primera ecuación del modelo está dada por:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta I(t)S(t) = -\frac{R_0}{ND} I(t)S(t) \tag{4}$$

Para describir la variación del compartimento de pre-infecciosos $E(t)$ con respecto al tiempo, se debe observar que en la Figura 3, los individuos susceptibles a ser infectados por unidad de tiempo entran a este compartimento, mientras otros pasan del período latente al infeccioso salen de él; por lo tanto, la derivada de $E(t)$ con respecto a t , está dada por la diferencia de esas dos cantidades. La primera cantidad, por $[\lambda(t)S(t)]$; para el caso de los individuos en estado de latencia que se tornan infecciosos por unidad de tiempo, se tiene que esta cantidad es igual al producto de los pre-infecciosos en el tiempo $t[E(t)]$ y la tasa α por la cual los individuos pre-infecciosos se tornan infecciosos, es decir $\alpha E(t)$. Se supondrá

que α es constante, y simplemente se tomará el inverso del período latente, esto es:

$$\alpha = \frac{1}{\text{Tiempo promedio de período pre-infeccioso}} \tag{5}$$

La suposición de que α es constante se basa en el supuesto de que el período latente sigue la distribución exponencial, lo cual no es necesariamente cierto, pero dicha simplificación resulta útil para el estudio de varias infecciones que confieren cierto grado de inmunidad [5]. Esta idea se utilizará para calcular la tasa r de recuperación de los individuos infecciosos. Se tiene que la tasa de cambio instantánea por unidad de tiempo del número de personas pre-infecciosas dada por la ecuación 6.

$$\frac{dE(t)}{dt} = \lambda(t)S(t) - \alpha E(t) \tag{6}$$

de la Figura 3, se ve que la derivada es igual a la diferencia entre la proporción de individuos que estando en fase pre-infecciosa entran en estado infeccioso por unidad de tiempo (es decir $\alpha E(t)$), la cantidad de individuos infecciosos que se recuperan de la enfermedad. Para calcular esta última cantidad, se multiplica la tasa r a la cual las personas infecciosas se recuperan por la cantidad de personas infecciosas en el tiempo $t[I(t)]$, es decir, $rI(t)$. dada por la ecuación 3:

$$r = \frac{1}{\text{Tiempo promedio de período infeccioso}} \tag{7}$$

la derivada del grupo de infecciosos con respecto al tiempo, y así la tercera ecuación 8. del modelo:

$$\frac{dE(t)}{dt} = \alpha E(t) - rI(t) \tag{8}$$

Realizando un razonamiento análogo, es fácil ver que la derivada de los individuos recuperados (R) con respecto al tiempo, dada por la ecuación 9:

$$\frac{dR(t)}{dt} = rI(t) \tag{9}$$

El sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden por las ecuaciones 4,6,8 y 9, constituye el modelo SEIR, los valores de los parámetros se calculan con las ecuaciones 3 y 7 Para encontrar una solución del sistema se deben de tener valores iniciales particulares en el tiempo, para predecir los valores futuros del modelo S E I R. se requieren estimar los valores de dichos grupos en el instante elegido como referencia.

Conocer estos valores iniciales no es sencillo a pesar de existir datos sobre los casos confirmados, estos deben ser distribuidos en los grupos E, I, R a partir de ciertas suposiciones de los períodos: pre-infeccioso e infeccioso; el modelo pudiera ser muy sensible a pequeñas variaciones en los valores iniciales de estos grupos. Se dará una argumentación heurística para estimar dichos valores. Adicionalmente, la estimación de los parámetros del sistema también presenta ciertas dificultades, pues los valores de los distintos períodos de la infección tienden a estar dados en rangos o discrepan un poco entre la literatura disponible [21, 22, 23]. Por estas razones, no se pretende que el modelo tenga un gran grado de exactitud.

En este caso se utilizarán los métodos numéricos para resolver el sistema de ecuaciones, entre los cuales están Euler, Euler Mejorado y Runge-Kutta de cuarto orden, se escribirán en su forma vectorial:

$$\vec{x}' = \begin{pmatrix} x'_1 \\ \vdots \\ x'_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f_1(t, x_1, \dots, x_n) \\ \vdots \\ f_n(t, x_1, \dots, x_n) \end{pmatrix} \quad (10)$$

la condición inicial:

$$\vec{x}(t_0) = \begin{pmatrix} x_1(t_0) \\ \vdots \\ x_n(t_0) \end{pmatrix} = \vec{x}_0 = \begin{pmatrix} x_{10} \\ \vdots \\ x_{n0} \end{pmatrix} \quad (11)$$

Forma Recursiva del Método de Euler.

$$y_{n+1} = y_n + h f(x_n, y_n), h > 0 \quad (12)$$

El error global de truncamiento es aproximadamente h .

Forma recursiva del Método Euler Mejorado:

$$y_{n+1}^* = y_n + h f(x_n, y_n) \quad (13)$$

$$y_{n+1} = y_n + \frac{h}{2} (f(x_n, y_n) + f(x_{n+1}, y_{n+1}^*)) \quad (14)$$

un error global de truncamiento aproximado a h^2 [24]. El error de truncamiento global para el método de Runge-Kutta de cuarto orden es aproximado a h^3 .

Estos se trabajarán en forma vectorial debido a que es un sistema de ecuaciones.

Runge-Kutta de cuarto orden en forma vectorial:

$$\vec{k}_{m1} = \vec{f}(t_m, \vec{x}_m) \quad (15)$$

$$\vec{k}_{m2} = \vec{f}(t_m + \frac{h}{2}, \vec{x}_m + \frac{h}{2} \vec{k}_{m1}) \quad (16)$$

$$\vec{k}_{m3} = \vec{f}(t_m + \frac{h}{2}, \vec{x}_m + \frac{h}{2} \vec{k}_{m2}) \quad (17)$$

$$\vec{k}_{m4} = \vec{f}(t_m + h, \vec{x}_m + \vec{k}_{m3}) \quad (18)$$

$$\vec{x}_{k+1} = \vec{x}_{k+1} + \frac{1}{6} (k_{m1} + 2k_{m2} + 2k_{m3} + k_{m4}) \quad (19)$$

Se realiza algo similar para los otros dos métodos.

Para el modelado de los contagios y defunciones del virus en la CDMX, se usará un modelo similar al modelo SEIR descrito anteriormente, con la salvedad de que ahora se considerarán el número de defunciones a través del tiempo; por lo cual se agregará un compartimento para los fallecidos (D), generándose de esta manera un modelo del tipo SEIRD, que se muestra en la Figura 5.

En dicho diagrama, se puede observar que cierto porcentaje de infecciosos que deberían recuperarse (m), fallecen, mientras que, el porcentaje restante ($1-m$) se logra recuperar; es por ello, que las ecuaciones del modelo SEIR sufren ese pequeño cambio de la ecuación (4) a las dos ecuaciones mostradas en el diagrama del modelo SEIRD.

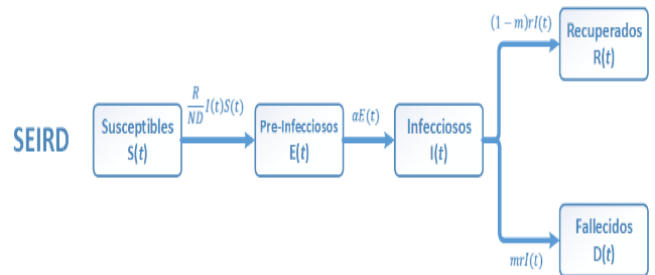


Fig. 5. Modelo SEIRD

Para calcular los valores se debe considerar:

Se estima que el R_0 promedio para la CDMX es de aproximadamente $R_0=1.1$ de acuerdo al INEGI, en el año 2020 existían alrededor de 9.2 millones de habitantes, por simplicidad, este número se redondeará a 9 millones, $N = 9.0$ millones. El tiempo promedio del período infeccioso es de 9 días, $D = 9$. Sustituyendo estos valores en la ecuación (4), se tiene la primera ecuación (18)

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{1.1}{81 \cdot 10^6} I(t)S(t) \tag{19}$$

El período de pre-infeccioso; éste se estima de 5.5 días según [21]. Así que $\alpha = 1 / 5.5$. De lo anterior, se tiene que la segunda ecuación del modelo es:

$$\frac{dE(t)}{dt} = -\frac{1.1}{81 \cdot 10^6} - \frac{1}{5.5} E(t) \tag{20}$$

el valor de r , a partir del cual se puede encontrar el sustraendo, está dado por el recíproco del tiempo de infección; se sabe que el período de infección es de aproximadamente 9 días, según [23], así que $r = 1 / 9$. Por ende, la tercera ecuación del modelo SEIRD.

$$\frac{dI(t)}{dt} = \frac{1}{5.5} E(t) - \frac{1}{9} I(t) \tag{21}$$

Antes de deducir las 2 últimas ecuaciones del modelo SEIRD, se notar que éstas dependen del valor de m , el porcentaje de infectados que fallecen.

Para estimarlo, se debe considerar el tiempo específico t_0 (día) que definirá las condiciones iniciales del sistema de EDOs para así poder calcular la proporción de fallecidos entre el inicio de la pandemia y t_0 .

Se sabe que existen grandes limitaciones en los modelos Kermack-McKendrick (los compartimentados) cuando describen la dinámica de la infección en los inicios de un brote epidemiológico o pandemia ya que estos suponen que el tamaño de los compartimentos debe ser lo suficientemente grande para que exista un mezclado homogéneo [20].

Por ello, se tomará como tiempo inicial t_0 un instante en el tiempo durante la pandemia donde el número de casos confirmados supere los miles de casos. Por practicidad, se tomará el 1 de mayo de 2020 como dicho instante; para entonces existían ya 10 mil casos confirmados y 1300 defunciones [4]. De lo anterior, se tiene que $m = 1300/10000 = 0.13$; por lo tanto, finalmente la cuarta y quinta ecuaciones del presente modelo quedan como:

$$\frac{dR(t)}{dt} = (1 - m)rI(t) = \frac{.87}{9} I(t) \tag{22}$$

$$\frac{dD(t)}{dt} = mI(t) = \frac{.13}{9} I(t) \tag{23}$$

se dará un argumento heurístico (criterio usado) para distribuir el total de casos confirmados en el tiempo t_0 (1 de Mayo) a partir del cual se harán las predicciones. El día en que se registró un nuevo caso, coincide con el día en que la persona infectada empezó a desarrollar síntomas. Por lo tanto, en promedio, las personas con COVID-19 fueron expuestas al virus 5 días antes de confirmarse su infección, y 2 días antes de dicha confirmación era ya infecciosas [23].

Debido a que el período infeccioso dura 9 días, por lo tanto, los casos confirmados al menos 7 días antes del 1 de mayo se pueden considerar dentro de las categorías R o D . Para calcular el número de recuperados simplemente se resta D de R hasta ese entonces. Los datos muestran que hasta el 24 de abril había aproximadamente ya 6500 casos confirmados y 600 fallecimientos [4]. Hay que recordar que como se menciona arriba, que el número de muertos es igual a 1300 al 1 de mayo; por lo que las condiciones iniciales para los susceptibles, recuperados y fallecidos quedarían como:

$$S(t_0) = S_0 = 9000000 \tag{24}$$

$$R(t_0) = R_0 = 5900 \tag{25}$$

$$D(t_0) = D_0 = 1300 \tag{26}$$

Los casos confirmados entre el 24 de abril y el 1 de mayo se pueden considerar como infecciosos para este último día. Para calcular el número de personas pre-infecciosas, debido que al período latente se estima de 5.5 días, estas personas aparecen como casos confirmados hasta 5.5 días del 1 de mayo. Los datos indican que, del 24 de abril al 1 de mayo, hubo aproximadamente 3,500 nuevos casos. Asimismo, del 1 de mayo a un período de 5.5 días después, se estima que existieron 3300 nuevos casos. Por lo tanto, las condiciones iniciales para el número de infecciosos y pre-infecciosos del sistema de ecuaciones quedaría como:

$$E(t_0) = E_0 = 3300 \tag{27}$$

$$I(t_0) = I_0 = 3500 \tag{28}$$

Las consideraciones anteriores que se usaron para llevar a cabo las derivaciones de las condiciones iniciales se muestran gráficamente (Figura 6) a continuación:



Fig. 6. Distribución de casos en compartimentos

el sistema de ecuaciones (18-21) sujeto a las condiciones iniciales dadas por las ecuaciones (24-28) constituye el modelo **SEIRD** que se usará para hacer las predicciones de los contagios y defunciones. Un par de observaciones son pertinentes al respecto de estas ecuaciones. Primero, nótese que

$$\frac{dS(t)}{dt} + \frac{dE(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} + \frac{dR(t)}{dt} + \frac{dD(t)}{dt} = 0 \tag{28}$$

la población se considera como un sistema cerrado donde el número de personas que existen en ésta permanece constante a través del tiempo (considerando a los fallecidos como parte de la población).

Esto se hace debido a que las predicciones se harán dentro de un período corto de apenas 6 meses, donde el número de habitantes no varía mucho debido a los nacimientos y muertes debidos a otros factores distintos al virus. Si se quisieran considerar estos factores, el modelo tendría que modificarse haciéndolo más complejo [5]. Segundo, se tiene que la suma de los valores iniciales de los compartimentos **E, I, R, D** es igual a 14,000 personas, 4,000 más que el número de casos confirmados de acuerdo a los datos el 1 de Mayo.

Estos números surgieron debido a la argumentación que se dio previamente; por lo que se hará un ajuste de esta diferencia al número de casos confirmados en los datos oficiales para mantener la consistencia entre la información. Al implementarse estos métodos, se hará un análisis de los resultados producidos por cada uno. Además, se harán varias corridas de ellos con la ayuda del comando **% timeit** con el fin de dar un promedio del tiempo de ejecución para cada algoritmo. El objetivo de esto es darse una idea de la precisión y optimalidad de cada método.

En la Tabla 1 se muestran las cantidades de personas por compartimento dentro del período del 1 de mayo a 1 de Noviembre de 2020 con una frecuencia quincenal para cada uno de los tres métodos que se implementaron. Estos números se aproximaron con un valor de **h=0.01**; en la Tabla 2 se muestran los cálculos para

TABLE I.
MUESTRA LOS MÉTODOS CON UN VALOR DE H = 0.01

Periodo	Susceptibles			Pre-infectados			Infectados			Recuperados			Fallecidos		
	Rango-Kutta	Euler	Heun	Rango-Kutta	Euler	Heun	Rango-Kutta	Euler	Heun	Rango-Kutta	Euler	Heun	Rango-Kutta	Euler	Heun
1 mayo	9000000	9000000	9000000	3300	3300	3300	3500	3500	3500	5900	5900	5900	1300	1300	1300
15 mayo	8992870	8992870	8992870	2937	2937	2937	4509	4509	4509	11541	11541	11541	2143	2143	2143
1 junio	8982947	8982947	8982947	3276	3276	3276	5059	5059	5059	19400	19399	19400	3317	3317	3317
15 junio	8973899	8973899	8973899	3590	3590	3590	5548	5548	5548	26573	26572	26573	4389	4389	4389
1 julio	8962504	8962504	8962504	3981	3981	3981	6157	6157	6157	35618	35617	35618	5741	5740	5741
15 julio	8951534	8951534	8951534	4352	4352	4352	6735	6735	6735	44336	44335	44336	7043	7043	7043
1 agosto	8936850	8936850	8936850	4840	4840	4840	7498	7498	7498	56022	56021	56022	8789	8789	8789
15 agosto	8923549	8923549	8923549	5275	5275	5275	8179	8179	8179	66624	66623	66624	10374	10373	10374
1 septiembre	8905812	8905812	8905812	5842	5842	5842	9069	9069	9069	80787	80786	80787	12490	12489	12490
15 septiembre	8889811	8889811	8889811	6342	6342	6342	9857	9857	9857	93588	93587	93588	14403	14402	14403
1 octubre	8869878	8869878	8869878	6950	6950	6950	10816	10816	10816	109566	109565	109566	16790	16789	16790
15 octubre	8850915	8850915	8850915	7512	7512	7512	11706	11706	11706	124800	124799	124800	19067	19066	19067
1 noviembre	8825876	8825876	8825876	8231	8231	8231	12847	12847	12847	144966	144965	144966	22080	22079	22080

TABLE II.
MUESTRA LOS MÉTODOS CON UN VALOR DE H = 0.0001

Periodo	Susceptibles			Pre-infectados			Infectados			Recuperados			Fallecidos		
	Rango-Kutta	Euler	Heun	Rango-Kutta	Euler	Heun	Rango-Kutta	Euler	Heun	Rango-Kutta	Euler	Heun	Rango-Kutta	Euler	Heun
1 mayo	9000000	9000000	9000000	3300	3300	3300	3500	3500	3500	5900	5900	5900	1300	1300	1300
15 mayo	8992870	8992870	8992870	2937	2937	2937	4509	4509	4509	11541	11541	11541	2143	2143	2143
1 junio	8982947	8982947	8982947	3276	3276	3276	5059	5059	5059	19400	19400	19400	3317	3317	3317
15 junio	8973899	8973899	8973899	3590	3590	3590	5548	5548	5548	26573	26573	26573	4389	4389	4389
1 julio	8962504	8962504	8962504	3981	3981	3981	6157	6157	6157	35618	35618	35618	5741	5741	5741
15 julio	8951534	8951534	8951534	4352	4352	4352	6735	6735	6735	44336	44336	44336	7043	7043	7043
1 agosto	8936850	8936850	8936850	4840	4840	4840	7498	7498	7498	56022	56022	56022	8789	8789	8789
15 agosto	8923549	8923549	8923549	5275	5275	5275	8179	8179	8179	66624	66624	66624	10374	10374	10374
1 septiembre	8905812	8905812	8905812	5842	5842	5842	9069	9069	9069	80787	80787	80787	12490	12490	12490
15 septiembre	8889811	8889811	8889811	6342	6342	6342	9857	9857	9857	93588	93588	93588	14403	14403	14403
1 octubre	8869878	8869878	8869878	6950	6950	6950	10816	10816	10816	109566	109566	109566	16790	16790	16790
15 octubre	8850915	8850915	8850915	7512	7512	7512	11706	11706	11706	124800	124800	124800	19067	19067	19067
1 noviembre	8825876	8825876	8825876	8231	8231	8231	12847	12847	12847	144966	144966	144966	22080	22080	22080

En la Figura 7, se muestran las predicciones del modelo relativas al número de susceptibles $[S(t)]$ del 1 de Mayo al 1 de Noviembre de 2020, usando los datos obtenidos mediante el método de Runge-Kutta.

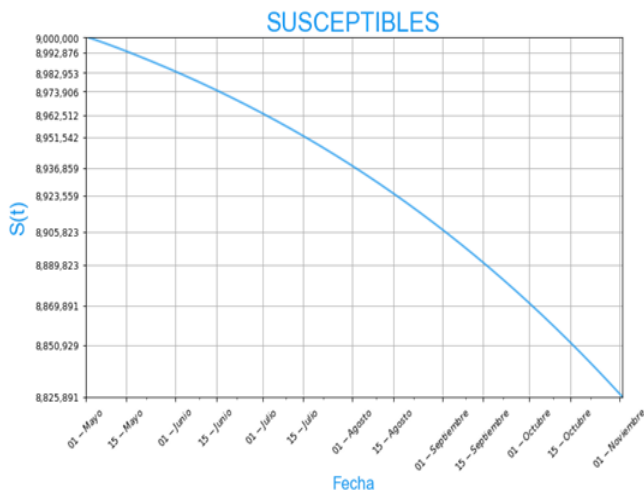


Fig. 7. Predicciones relativas al número de susceptibles

El número de susceptibles va decreciendo con el tiempo, como era de esperarse, pues por (1) , $S'(t)$ es siempre negativa y por ende el número de susceptibles va disminuyendo con el tiempo se muestran abajo en la Figura 8.

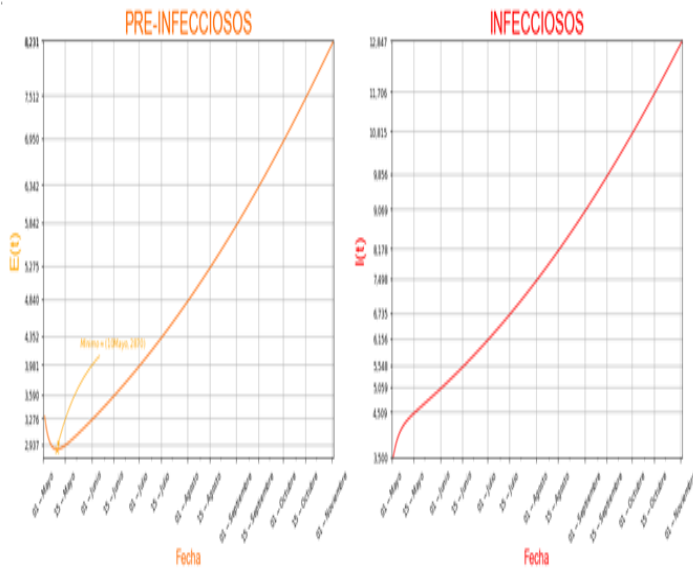


Fig. 8. Número de personas pre-infecciosas e infecciosas

Finalmente, el número de personas recuperadas y fallecidas se muestran abajo en la Figura 9. Las dos gráficas son crecientes y tienen formas similares; esto no es de sorprenderse pues las ecuaciones (4) y (5) son ambas positivas y difieren la una de la otra por una constante multiplicativa k .

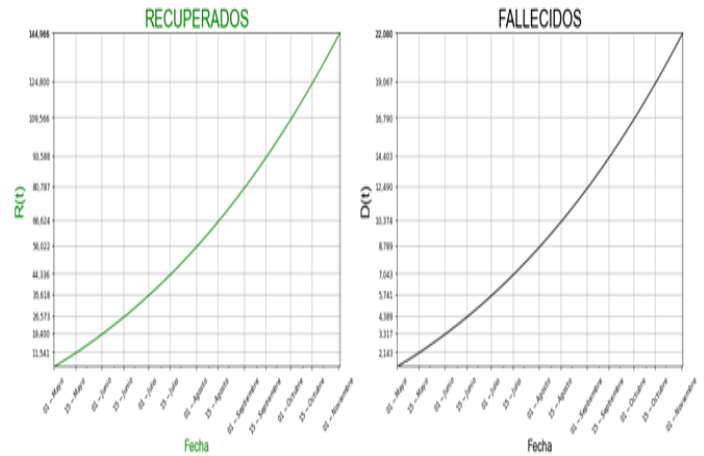


Fig. 9. Número de personas recuperadas y fallecidas

3. Resultados

A partir de las Tablas 1 y 2, se observa que los valores calculados por cada algoritmo con $h = 0.01$, son idénticos para los tres métodos para casi todos períodos y compartimentos; solo en algunos compartimentos, las aproximaciones dadas por el algoritmo de Euler difieren de las de los otros métodos, aunque por apenas unas cuantas unidades que, comparadas con las soluciones mismas, son despreciables.

Por ejemplo, la discrepancia más grande de la Tabla 1 ocurre el 1 de noviembre para los susceptibles con un número estimado de personas igual a 8,825,884 dado por Runge-Kutta y Heun, mientras que el estimado por Euler es igual 8,825,884; siendo pues la diferencia entre ambos métodos igual 8, que comparada con las soluciones equivale a menos de las diez millonésimas ($<10^{-7}$) fracción de las mismas. Para el caso de $h = 0.0001$, la Tabla 2, muestra que los valores son idénticos dentro del período considerado para todos los compartimentos y métodos ejecutados.

De lo anterior, se infiere lo siguiente. Primero, no hay necesidad de escoger un valor de h tan pequeño para aproximar las soluciones, pues en este caso, las h diferían entre ellas por un factor de 100 y aun así se obtuvieron resultados idénticos para los métodos de Runge-Kutta y Heun, y casi idénticos para el de Euler. Esto es importante, pues el número de iteraciones (y por ende el tiempo de ejecución) crece con el número de divisiones que se hagan del intervalo donde se quieren encontrar las soluciones, que a su vez depende del valor de h (cómo se mostrará en breve).

Segundo, para un h en particular, los resultados encontrados por el método de Runge-Kutta en comparación con los arrojados por los de Heun y Euler; o son idénticos o no presentan gran variación; por lo tanto, en este caso no

parece justificarse el uso del primer método pues toma más tiempo en ejecutarse (Tabla 3). A la vez, el método de Heun comparado con el de Euler, da resultados muy similares o idénticos; por lo que parece que el método de Euler es el claro ganador para obtener las soluciones del modelo por ser el más eficiente (Tabla 3) y dar resultados lo suficientemente precisos (aunque si se insiste en tener una gran precisión, se puede recurrir al uso del algoritmo de Heun sin que haya grandes penalizaciones de tiempo de ejecución).

Los tiempos de ejecución de los algoritmos mostrados en la Tabla 3 están en concordancia con los análisis preliminares que se hicieron en el desarrollo de este proyecto. Más específicamente, para un h particular el tiempo de ejecución del método de Heun fue casi el doble del de Euler (para $h = 0.01$, $t_{HEUN} = 192 \text{ ms} \approx 2 * t_{EULER} = 2 * 94.2 \text{ ms} = 188.4 \text{ ms}$), y el de Runge-Kutta fue aproximadamente el doble del de Heun (para $h = 0.0001$, $t_{RUNGE-KUTTA} = 42.5 \text{ s} \approx 2 * t_{HEUN} = 2 * 18.8 \text{ s} = 37.6 \text{ s}$). Esta duplicación en los tiempos se debe, a cómo anteriormente se mencionó, a que, a la vez, se duplica la cantidad de llamadas a la función que representa al sistema de ecuaciones (con distintos argumentos) de un método a otro.

Ahora, para un método dado, su tiempo de ejecución, se incrementa en un factor de aproximadamente 100 al pasar de $h = 0.01$ a $h = 0.0001$ (para Runge-Kutta, con $t(h = 0.0001) = 42.5 \text{ s} \approx 100 * t(h = 0.01) = 100 * 419 \text{ ms} = 41.9 \text{ s}$). Nuevamente, la razón de esto ya se dio; la complejidad en el tiempo de los algoritmos crece linealmente con

$$n = (t - t_0) / h$$

de donde se puede ver que si h decrece en un factor de 10- n , el valor de n , y por tanto el número de iteraciones del algoritmo, crece por un factor de 10 n . Para el caso de los tiempos de ejecución de los métodos, la teoría y la práctica parecen encajar bastante bien.

En la Figura 11, se muestra la comparativa gráfica entre el número de contagios que el modelo predijo y el número de contagios que ocurrió en realidad durante el período de estudio.

Se puede notar que la gráfica del modelo acerca bastante bien a la gráfica de los casos reales, en especial en el último mes del período. Se debe tener presente que este tipo de modelos tratan de hacer predicciones que se acerquen a la realidad, pero en promedio, no pretende reflejar el comportamiento exacto de los patrones de cambio de la realidad. En la Tabla 4, se muestran los valores uno a uno de forma quincenal; en ésta se observa que el error de aproximación crece inicialmente durante las primeras tres quincenas, pero tiende a disminuir a partir de ahí hasta alcanzar un mínimo de error de 1.7%. Con las soluciones del modelo, se pueden encontrar cantidades que reflejan a *grosso modo* la cantidad real de contagios que ocurrieron durante el período.

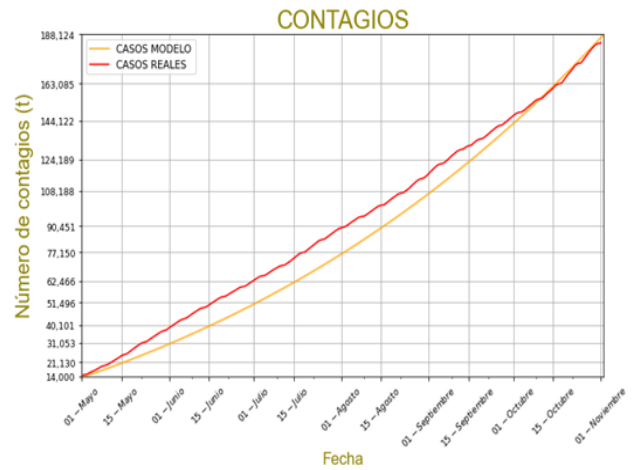


Fig. 11. Número de contagios

TABLA III.
NÚMERO DE CONTAGIOS A TRAVÉS DEL TIEMPO

Periodo	Modelo	Reales	Error de Aproximación (%)
1 mayo	14,000	14,008	0.06
15 mayo	21,130	23,975	13.47
1 junio	31,053	38,298	23.33
15 junio	40,101	49,785	24.15
1 julio	51,496	62,506	21.38
15 julio	62,466	73,528	17.71
1 agosto	77,150	89,259	15.70
15 agosto	90,451	100,660	11.29
1 septiembre	108,188	116,914	8.07
15 septiembre	124,189	130,997	5.48
1 octubre	144,122	146,424	1.60
15 octubre	163,085	160,320	1.70
1 noviembre	188,124	183,425	2.50

Tabla 4. Número de contagios a través del tiempo

Finalmente, en la Figura 12 y en la Tabla 5, se observan las diferencias existentes entre las soluciones del modelo y lo que en realidad sucedió para el caso de las defunciones.

A diferencia del caso de los contagios, desafortunadamente, las gráficas presentan comportamientos que llaman la atención. Por ejemplo, para el 1 de noviembre, el modelo predice 22080 defunciones, pero en realidad solo hubo 14588 para ese entonces.

Esto se explica debido a que se utilizó una tasa de mortalidad $m = .13$, la cual se calculó con los datos obtenidos al 1 de Mayo; sin embargo, si utilizamos los datos

durante el periodo del inicio de la pandemia al 1 de Noviembre, este número se estima en 8.1% [3], i.e., $m = .081$, lo cual significa una reducción de aproximadamente 2 terceras partes del valor que se usó; y, ya con esto, por ejemplo, $(2/3)(22080) = 14720 \approx 14588$, los valores *finales* reales y del modelo estarían más cercanos el uno del otro. Las diferencias en el número de fallecidos en el tiempo entre el inicio y el fin del período se pueden explicar debido a la simplificación del modelo; más particularmente, éste suponía que solamente las personas infecciosas fallecían y lo hacían al mismo ritmo (r). Un modelo más realista (y complejo) encontraría tasas de mortalidad (en general distintas) tanto para el compartimento de infecciosos como el de pre-infecciosos. En este modelo no se consideraron tales tasas por la dificultad de estimarlas.

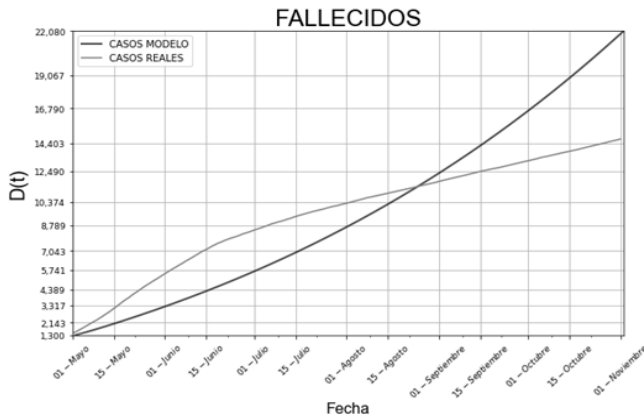


Fig. 12. Número de fallecidos

TABLA III.
COMPARACIÓN ENTRE EL MODELO Y LO REAL

Periodo	Modelo	Reales	Error de Aproximación (%)
1 mayo	1,300	1,302	0.15
15 mayo	2,143	3,012	40.56
1 junio	3,317	5,374	62.00
15 junio	4,389	7,035	60.28
1 julio	5,741	8,361	45.65
15 julio	7,043	9,296	31.98
1 agosto	8,789	10,192	15.96
15 agosto	10,374	10,883	4.91
1 septiembre	12,490	11,685	6.44
15 septiembre	14,403	12,378	14.06
1 octubre	16,790	13,096	22.00
15 octubre	19,067	13,749	27.89
1 noviembre	22,080	14,588	33.93

Tabla 5. Comparación entre modelo y lo real

Se puede observar que entre más sea el tamaño de la franja sea muy pequeña ahora al de evaluarla en la función esta tiende a cero por este motivo no se en cuenta una solución cercana a la solución analítica.

4. Conclusiones

En particular se desarrolló un modelo de los contagios y fallecimientos en el contexto de la CDMX. Este modelo se expresó mediante un sistema de EDOs. Se reconoció que la aplicabilidad del modelo es limitada; se realizaron predicciones cualitativas de los contagios durante el periodo de estudio. En las predicciones relativas de defunciones fueron mucho menos precisas como para asegurar utilidad. El modelo se puede usar como base para desarrollar unos más complicados con mayor exactitud, las predicciones del modelo son muy sensibles a pequeños cambios en los parámetros de las ecuaciones, debido a que las estimaciones de estos en la literatura no cuentan con un margen de error.

Se encuentran modelo incurra en ciertas imprecisiones adicionales. Se podrían ajustar las ecuaciones de estos modelos para encontrar valores más precisos.

Se implementaron algoritmos numéricos que aproximaron las soluciones del modelo propuesto. Se observa la eficiencia y precisión de cada uno de los tres métodos implementados. Debido a que todos los algoritmos eran de la misma complejidad $O(n)$, la división del intervalo en partes más pequeñas incurría en grandes penalizaciones de tiempo de ejecución con pocas o nulas ganancias en los resultados. La elección de un h lo suficientemente pequeño en el método de Euler fue suficiente para garantizar resultados adecuados para el estudio del comportamiento del modelo. Con esto se pone de manifiesto que no siempre es necesario ni eficiente recurrir a métodos de solución demasiado complejos o sofisticados para resolver tipos de ecuaciones derivadas de modelos simples.

5. Agradecimientos

E. M. Gutiérrez, M. A. Gutiérrez, M.de L. Sánchez y J. Figueroa agradecen a la Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Azcapotzalco e I. I. Gutiérrez y J. N. Gutiérrez agracen al Tecnológico de Estudios Superiores de Ecatepec- TecNM. , y a la revista RICT Revista de Investigación Científica, Tecnológica e Innovación por su apoyo de la publicación del manuscrito.

6. Referencias

- [1] Page, J., Hinshaw, D., & McKay, B. (2021, febrero 26). In hunt for Covid-19 origin, patient zero points to second Wuhan market. Wall Street Journal (Eastern Ed.). <https://www.wsj.com/articles/in-hunt-for-covid-19-origin-patient-zero-points-to-second-wuhan-market-11614335404>.
- [2] NCBI Epidemiología de COVID-19 en México: del 27 de febrero al 30 de abril de 2020 (s. f.). Recuperado 2 de octubre de 2022, de <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7250750/>.
- [3] COVID-19 tablero México. (s/f). COVID - 19 Tablero México. Recuperado el 2 de octubre de 2022, de <https://datos.covid-19.conacyt.mx/>.
- [4] COVID-19 tablero CDMX. (s/f). Geoint COVID - 19 Tablero CDMX. Recuperado el 2 de octubre de 2022, de <https://cdmx.dash.covid19.geoint.mx/>.
- [5] Fred Brauer, Carlos Castillo-Chavez, Zhilian Feng (2019) Mathematical Models in Epidemiology. Springer Science, 0939-2475.
- [6] Bernoulli, D. (1766) Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole. Mem. Math. Phys. Acad. Roy. Sci. Paris, 1–45.
- [7] Snow, J. (1855) The mode of communication of cholera (2 nd ed.), Churchill, London.

- [8] En'ko, P.D. (1889) On the course of epidemics of some infectious diseases, *Vrach. St. Petersburg*, X: 1008–1010, 1039–1042, 1061–1063. [translated from Russian by K. Dietz, *Int. J. Epidemiology* (1989) 18: 749–755].
- [9] Emilia Vynnycky, Richard G -White (2010.) *An Introduction to Infectious Disease Modelling*, OXFORD University Press 978-0-19-856-576-5.
- [10] Kermack, W.O. & A.G. McKendrick (1927) A contribution to the mathematical theory of epidemics, *Proc. Royal Soc. London*, 115:700–721.
- [11] Kermack, W.O. & A.G. McKendrick (1932) Contributions to the mathematical theory of epidemics, part. II, *Proc. Roy. Soc. London*, 138:55–83.
- [12] Kermack, W.O. & A.G. McKendrick (1933) Contributions to the mathematical theory of epidemics, part. III, *Proc. Roy. Soc. London*, 141:94–112.
- [13] Ross, R.A.(1911) *The prevention of malaria* (2nd edition, with Addendum). John Murray, London.
- [14] Hamer, W.H. (1906) Epidemic disease in England - the evidence of variability and of persistence, *The Lancet* 167: 733–738.
- [15] Tan, X., Yuan, L., Zhou, J., Zheng, Y., & Yang, F. (2013). Modeling the initial transmission dynamics of influenza A H1N1 in Guangdong Province, China. *International Journal of Infectious Diseases: IJID: Official Publication of the International Society for Infectious Diseases*, 17(7), e479-84. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2012.11.018>.
- [16] Barbarossa, M.V., A Denes, G. Kiss, Y. Nakata, G. Rost, & Z. Vizi (2015) Transmission dynamics and final epidemic size of Ebola virus disease dynamics with varying interventions, *PLoS One* 10(7): e0131398. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0131398>.
- [17] Diekmann, O. & J.A.P. Heesterbeek (2000) *Mathematical epidemiology of infectious diseases: Model building, analysis and interpretation*, John Wiley and Sons, Ltd.
- [18] Kapetanovic, A. L., & Poljak, D. (2020). Modeling the epidemic outbreak and dynamics of COVID-19 in Croatia. *2020 5th International Conference on Smart and Sustainable Technologies (SpliTech)*, 1–5.
- [19] Avila-Ponce de León, U., Pérez, Á. G. C., & Avila-Vales, E. (2020). An SEIARD epidemic model for COVID-19 in Mexico: Mathematical analysis and state-level forecast. *Chaos, Solitons, and Fractals*, 140(110165), 110165. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110165>.
- [20] Michael Y. Li (2018) *An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases*, Springer 978-3319721217.
- [21] Wu, Y., Kang, L., Guo, Z., Liu, J., Liu, M., & Liang, W. (2022). Incubation period of COVID-19 caused by unique SARS-CoV-2 strains: A systematic review and meta-analysis: A systematic review and meta-analysis. *JAMA Network Open*, 5(8), e2228008. <https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2022.28008>.
- [22] Xin, H., Li, Y., Wu, P., Li, Z., Lau, E. H. Y., Qin, Y., Wang, L., Cowling, B. J., Tsang, T. K., & Li, Z. (2022). Estimating the latent period of Coronavirus disease 2019 (COVID-19). *Clinical Infectious Diseases: An Official Publication of the Infectious Diseases Society of America*, 74(9), 1678–1681. <https://doi.org/10.1093/cid/ciab746>
- [23] Parry, A. E., Sheel, M., & Housen, T. (2020, abril 12). How long are you infectious when you have coronavirus? *The Conversation*. <http://theconversation.com/how-long-are-you-infectious-when-you-have-coronavirus-135295>.
- [24] *Ordinary Differential Equations An Elementary Textbook for Students of Mathematics, Engineering, and the Sciences* (Morris Tenenbaum, Harry Pollard).
- [25] Estimating the Latent Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). (s/f). Oup.com. Recuperado el 2 de octubre de 2022, de <https://academic.oup.com/cid/article/74/9/1678/6359063>.
- [26] Tariq, A., Banda, J. M., Skums, P., Dahal, S., Castillo-Garsow, C., Espinoza, B., Brizuela, N. G., Saenz, R. A., Kirpich, A., Luo, R., Srivastava, A., Gutierrez, H., Chan, N. G., Bento, A. I., Jimenez-Corona, M.-E., & Chowell, G. (2021). Transmission dynamics and forecasts of the COVID-19 pandemic in Mexico, March–December 2020. *PloS One*, 16(7), e0254826. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0254826>.
- [27] Tracking SARS-CoV-2 variants. (s/f). Who.int. Recuperado el 2 de octubre de 2022, de <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>.
- García, F. J., 2007. Título del libro. Nombre de la editorial, Lugar de publicación.
- García, F. J., Martínez, R., (2008). Título del artículo. Nombre de la revista número volumen, números de página.