

Modelo epidemiológico geo-estocástico aplicado a la pandemia: Estrategias de vacunación y el efecto de las nuevas variantes del SARS-CoV-2

- Nadia L. Barreiro N. L.,¹ T. Govezensky,² C. I. Ventura,³ M. Nuñez,^{4,5,6} P. G. Bolcatto,^{1,7} R. A. Barrio⁸

¹Instituto de Investigaciones Científicas y Técnicas para la Defensa (CITEDEF), 1603, Buenos Aires, Argentina

²Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México 04510, México

³(CONICET) Centro Atómico Bariloche-CNEA, and Universidad Nacional de Río Negro, 8400-Bariloche, Argentina

⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina

⁵Departamento Materiales Nucleares, Centro Atómico Bariloche, Comisión Nacional de Energía Atómica (CNEA), Bariloche, Argentina

⁶INIBIOMA, Universidad Nac. del Comahue, Bariloche, Argentina

⁷Instituto de Matemática Aplicada del Litoral (IMAL, CONICET/UNL), FHUC. Santa Fe, 3000, Argentina

⁸Instituto de Física. Apartado Postal 20-365, Universidad Nacional Autónoma de México, México 04510, México

Al día de hoy, la expansión mundial de la COVID-19 ha producido cientos de millones de contagios. A medida que el virus se propaga, su genoma se replica produciendo errores que conducen a mutaciones. Si bien se han descubierto miles de ellas, solo algunas pocas, que modifican la proteína “spike”, afectan la transmisibilidad de la enfermedad volviéndolas más infecciosas y resistentes a las vacunas. Estas variantes con relevancia clínica son denominadas variants of concern (VOC) por la organización mundial de la salud. En este contexto, resulta relevante el estudio de la dinámica de propagación del virus, debido a las nuevas cepas, en diferentes escenarios de vacunación. Para ello, en este trabajo, se elabora un modelo epidemiológico geo-estocástico basado en trabajos previos [1-3] que, integrando parámetros epidemiológicos, demográficos y sociales, permite estudiar la evolución de la pandemia en una región o un país. Este utiliza un mapa matemático de ecuaciones discretas demoradas en el tiempo basado en un sistema compartimental tipo SEIR modificado para incluir tanto las nuevas variantes como la vacunación. En esta charla se hará una breve reseña del funcionamiento del modelo, indicando sus beneficios y limitaciones, y se mostrarán resultados preliminares de la aplicación del modelo en áreas geográficas conocidas comparándolos con datos oficiales. Finalmente se comentará sobre la necesidad (o no) de nuevas dosis de la vacuna en el futuro.

Referencias:

[1] Barreiro N. L., Govezensky T. Bolcatto P.G., and Barrio R.A., *Detecting infected asymptomatic cases in a stochastic model for spread of Covid-19: the case of Argentina* Sci. Rep. **11**,10024 (2021).

[DOI](#)

[2] Rafael A. Barrio, Kimmo K. Kaski, Gumundur G. Haraldsson, Thor Aspelund, and Tzipe Govezensky, *A model for social spreading of Covid-19: Cases of Mexico, Finland and Iceland* Phys. A **582**, 126274 (2021). [DOI](#)

[3] Barreiro, N. L., Ventura, C. I., Govezensky, T., Nuñez, M., Bolcatto, P. G., and Barrio, R. A., *Strategies for COVID-19 vaccination under a shortage scenario: a geo-stochastic modelling approach*, Medrxiv, (2021). [DOI](#)