

Analysis and Modeling of Dynamic Behavior of the COVID-19 Outbreak: Study Case of Panama

Juan C. Casaboza and Dorindo E. Cárdenas, *Member, IEEE*

Abstract— Since the start of the outbreak in Wuhan, China, worldwide attention has been given to the progression of this new strain of coronavirus, which has reached the entire World. As Panama is one of the most affected countries in Latin América, and at the same time, it has become one of the countries with stricter control and mitigation measures, we have treated Panama as a modeling lab. In this paper, a mathematical model is proposed in order to analyze the behavior and provide different possible predictions of the virus infection, based in the case of Panama. Public data from the Ministry of Health has been used with a set of differential equations to characterize the outbreak propagation behavior. Key epidemiological parameters were estimated with some degree of confidence to make predictions of the inflection point and possible time of completion of the outbreak in the country. These parameters were obtained using optimization algorithms (non-linear Generalized Reduced Gradient and evolutionary) in order to obtain the minimum possible measures of standard deviation error and mean square error. These parameters were used in the mathematical model described in this paper and in a global comparison simulator, to expand the comprehensive behavior to other possible cases.

Index Terms— Basic reproduction number, COVID-19, generalized gradient optimization, mathematical modeling, Novel Coronavirus, parameter estimation, SEIR model.

I. INTRODUCCIÓN

El brote de la nueva cepa del coronavirus (COVID-19) ha cambiado la forma en la que el mundo se ha comportado en los últimos meses, cobrando la vida de cientos de miles de personas en el globo, con millones de contagios confirmados por hisopado, tan solo en los primeros meses del 2020.

En Panamá, aunque es un país pequeño que gozó en un inicio de una reputación relativamente buena en el manejo del COVID

iniciales dadas por científicos con respecto a la pandemia, pronosticaban que Panamá tendría, en el peor de los casos, números muy bajos de infección total y solo dos meses de extensión con la afectación [1] [2] [3].

Indudablemente, algo no sucedió como se había previsto. Varios estudios relacionados a la situación del COVID-19 se realizaron alrededor del mundo, incluyendo el caso de estudio de Panamá [4] [5] [6]. Sin embargo, se considera apropiado el análisis de ciertas características locales del primer brote, las cuales no se consideran en estudios globales, multinacionales, ni en modelos SIR simplificados.

Varias características tales como la razón de protección de la población o el tomar en cuenta la cantidad de casos reportados diariamente pueden lograr mejores análisis en un estudio local. Más allá del hecho que la mayoría de las bases de datos contienen información de Panamá, que sin un correcto análisis de los eventos locales podrían llevar a malinterpretaciones, el principal objetivo de este artículo es tomar en cuenta el registro de lo sucedido en cada una de las fases de la infección local, la definición de estas fases como han sido entendidas localmente y los métodos de pruebas para obtener resultados más fiables en una comprensión del modelo que pueda ser útil para combatir futuras pandemias y manejar la actual.

En medio de esta guerra contra el brote pandémico, además de las investigaciones médicas o biológicas, los estudios teóricos estadísticos y de modelado matemático juegan un rol significativo en la comprensión del brote, conociendo su punto de inflexión, tiempo de finalización y fundamentando científicamente las decisiones en las medidas para mitigar la propagación de esta o de futuras pandemias. El modelaje es un recurso de amplio espectro en ingeniería [7], y el aprendizaje que se puede obtener entendiendo el comportamiento dinámico de la infección, como si fuese un proceso, puede representar la diferencia entre la vida y la muerte de muchas personas.

II. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

En principios del 2020, la poca información que se tenía del virus y las escasas fuentes de opinión con fundamentación científica, hicieron que las expectativas de los países aún no afectados, incluyendo a Panamá, fuesen mucho mejores de las que se dieron en la realidad. Expertos asesores de todo el mundo, especularon con números de contagio muy inferiores a los que se obtuvieron realmente, y tiempos de reproducción y accionamiento mucho más aletargados que los que experimentamos. Panamá no fue la diferencia de este escenario, en cual según expertos, el coronavirus no debía ser causa de preocupación para ese país [1], y la peor situación estimada sería de unos 500 casos en unos 2 meses [2] [3]. El estado panameño observó y analizó inicialmente la propagación del

Submission date: May 12, 2020. "This work was supported in part by SENACYT under the SNI program"

J. C. Casaboza works as researcher of The ERDI Research Group at The Technological University of Panama, Ave Universidad Tecnológica, Campus Victor Levi Sasso, Building 1, Panama, Rep. of Panama. (e-mail: jcasaboza@gmail.com)

* D. E. Cárdenas works as professor and director of The ERDI Research Group at The Technological University of Panama, Ave Universidad Tecnológica, Campus Victor Levi Sasso, Building 1, Panama, Rep. of Panama. Is also National Researcher of the National System of Research (SNI) of the National Secretariat of Science Technology and Innovation (SENACYT), City of Knowledge, Ave Gallard, Building 205, Panama, Rep. of Panama. Member of CEMCIT-AIP as Associate Researcher. (e-mail: dorindo.cardenas@utp.ac.pa)

19, en solo los dos primeros meses con la pandemia se lograron confirmar por hisopado más de 8,000 contagios acumulados y se excedieron las 200 muertes, sin que se llegara a los efectos del colapso del sistema sanitario. Sin embargo, las previsiones

COVID-19, lo cual se tradujo en la toma de medidas preventivas para disminuir la propagación del mismo, medidas que son denominables como intervenciones no farmacéuticas o no farmacológicas, las cuales apuntan a la reducción de la razón de contactos en la población y por tanto, la consiguiente reducción de la transmisión del virus en el país [8]. El estado panameño decretó una cuarentena total muy restrictiva, en su propia definición, la cual incluyó un toque de queda (encierro total de su población), con escasas salidas por semana, determinadas por la hora del día de acuerdo con el número de identificación de la persona y por el sexo de la persona (días para hombres y días para mujeres). Estas salidas eran solo para necesidades básicas y se resumieron en 3 oportunidades por semana para salir por un lapso máximo de dos horas para cada persona, y en el caso de los hombres en una gran cantidad de semanas fue reducida solamente a dos salidas. El primer caso de COVID 19 reportado oficialmente en Panamá se dio el 9 de marzo de 2020, el toque de queda nocturno comenzó el 18 de marzo, el 19 de marzo se dio el cierre de los comercios no esenciales (se exceptuaron prácticamente supermercados y farmacias) y el 25 de marzo del 2020 se comenzó con el toque de queda total en las 24 horas del día.

El pánico público en vista del crecimiento del brote del COVID-19 recuerda a la pandemia de influenza de 1918 [9] e incluso, sus características propias, tales como pacientes sintomáticos moderados en la mayoría de los casos y corto intervalo serial (en el rango entre 4 y 5 días) [10] [11] son muy similares a la influenza que ocasionó aquella pandemia.

Debido a estas similitudes, e incluso a que una proporción significativa de las muertes fueron causadas por la neumonía, se hace necesaria la revisión del modelado de la pandemia de influenza de 1918, particularmente, en los efectos de las reacciones individuales (debido al riesgo de infección) y las acciones gubernamentales.

III. SOLUCIÓN PROPUESTA

Comparados a los modelos estadísticos, el modelado matemático basado en ecuaciones dinámicas recibe una menor atención debido a su uso un poco más complejo para analizar el comportamiento de las epidemias, sin embargo, bien ejecutado, puede proveer mecanismos más detallados para la dinámica de la epidemia. Entre estos modelos, el SEIR (Susceptible, Exposed, Infectious, Recovered model) [12] es uno de los más utilizados y adaptados para lograr la caracterización del brote de COVID-19 tanto en China como en otros países [13] [14] [15] [16] [17]. Además de su amplio uso en diferentes países, el modelado matemático basado en SEIR se puede utilizar para determinar la efectividad de diferentes mediciones desde el comienzo del brote [18], lo cual aparenta ser una tarea dificultosa para los modelos estadísticos generales.

Al modificar el modelo SEIR (introduciendo en nuestro caso tres nuevos estados y considerando los efectos de las medidas preventivas) parámetros importantes como el tiempo de latencia, el tiempo de cuarentena y el número básico de reproducción, son calculados de una manera bastante confiable. Asimismo, el punto de inflexión, el tiempo de finalización y casos infectados activos y totales acumulados en el tiempo, pueden ser calculados [19] [20].

A. Metodología del Modelo Conceptual SEIR

Se adoptará como base el modelado “*Susceptible-Exposed-Infectious-Removed*” [18] y se extenderá utilizando 7 estados diferentes, denotando el tiempo t en el cual se encuentra el número acumulado de casos susceptibles $\{S(t)\}$, expuestos $\{E(t)\}$ (expuestos al virus y posiblemente contagiados), infectados $\{I(t)\}$ (con capacidad de infección y aún sin estar en cuarentena, aislados o reportados), recuperados $\{R(t)\}$, fallecidos $\{D(t)\}$, aislados y en cuarentena $\{Q(t)\}$ (confirmados e infectados) y no susceptibles o protegidos $\{P(t)\}$. Los estados de cuarentena y recuperados estarán basados en la información pública de Panamá, para los efectos del desarrollo de este modelo. Es importante señalar que, aunque una persona en cuarentena no significa lo mismo que una persona aislada (esencialmente porque la persona en cuarentena no necesariamente está enferma), para los efectos del modelo, el aislamiento físico provocado por ambos casos es similar, y se consideran los efectos del infectado que ha sido aislado en cuarentena para el parámetro matemático $\{Q(t)\}$.

1) Modelo SEIRQDP

Tomando en cuenta la adición de los estados al modelo convencional SEIR, tendremos el siguiente conjunto de ecuaciones diferenciales ordinarias para describir el comportamiento de propagación del brote, en función del número N que representará el 99% de la población de Panamá [14] [21], una razón de protección α para poder tomar en cuenta la mejoría de la salud pública (promoción de máscaras de protección y otros métodos), β siendo la razón de infección, γ como el recíproco del tiempo promedio de latencia, δ como el recíproco del tiempo promedio necesario para pasar en cuarentena o aislamiento, λ como la razón de recuperación y κ como la razón de mortalidad.

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta \times \frac{S(t) \times I(t)}{N} - \alpha \times S(t) \quad (1)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \beta \times \frac{S(t) \times I(t)}{N} - \gamma \times E(t) \quad (2)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \gamma \times E(t) - \delta \times I(t) \quad (3)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \lambda \times Q(t) \quad (4)$$

$$\frac{dQ(t)}{dt} = \delta \times I(t) - \lambda \times Q(t) - \kappa \times Q(t) \quad (5)$$

$$\frac{dD(t)}{dt} = \kappa \times Q(t) \quad (6)$$

$$\frac{dP(t)}{dt} = \alpha \times S(t) \quad (7)$$

$$N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t) + Q(t) + D(t) + P(t) \quad (8)$$

El tomar todos estos valores en cuenta ayuda en gran manera al rastreo más efectivo de contactos y el encerramiento más eficiente de la comunidad (o partes de la misma), además, se asumirá una población susceptible en estable decrecimiento, que es una de las razones con las que se valida la introducción de una razón de protección en nuestro modelo.

Podemos ver un diagrama del modelo generalizado

SEIRQDP [13] adoptado en este artículo en la Fig. 1.

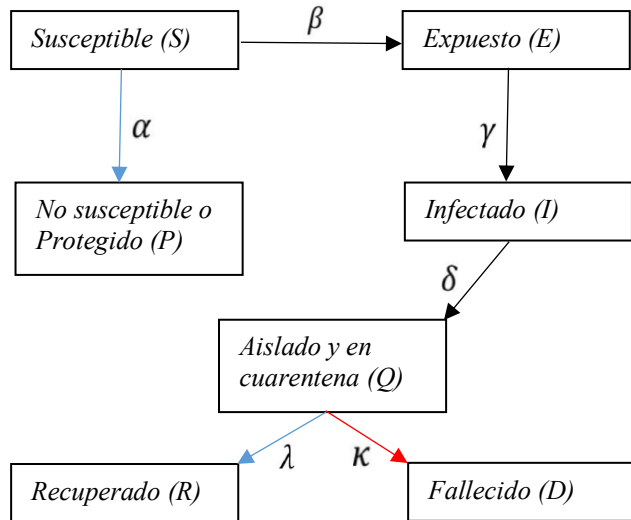


Fig. 1. Diagrama del modelo SEIRQDP adoptado en esta investigación.

Debido a la añadidura de la razón de protección al modelo, el número básico de reproducción BRN se verá modelado de acuerdo con la ec. (9) donde T representará el tiempo transcurrido en días [13].

$$BRN = \frac{\beta}{\delta} \times (1 - \alpha)^T \quad (9)$$

El valor de \mathcal{R}_0 será la evaluación del número básico de reproducción en $T = 0$, lo cual representará una situación con población totalmente susceptible y puede ser obtenido utilizando diversas aproximaciones. En este caso, por simplicidad preferimos el método Next Generation Matrix [22]. Si se toma de forma instantánea, este número puede ser muy elevado, conduciendo a los sistemas a una rápida divergencia o a dificultades para lograr la convergencia; por ello es usual aproximarlos utilizando el comportamiento promedio inicial de la infección. Para cualquiera de los casos, se cumple que:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\delta} \quad (10)$$

Es importante destacar que, para Panamá, se conoce que hubo retrasos entre la identificación, aislación y reporte de casos; retrasos debido a casos anteriores siendo reportados en fechas posteriores a las que realmente se dieron, además de un retraso aleatorio en el tiempo de presentación de los pacientes ante las autoridades para la identificación del virus. Tales retrasos no se considerarán como significativos en este estudio. También es importante destacar que un modelado SEIR simple con retrasos, podría resultar en predicciones cuestionables debido a cambios en el diagnóstico, sobrestimaciones en el modelo y posible análisis prematuro de la epidemia [16] [13] [14].

IV. RESULTADOS

1) Estimación de parámetros para el modelo SEIRQDP

Se han utilizado como fuente de datos los reportes oficiales del Ministerio de Salud (MINSA) de Panamá, que a su vez son los mismos datos oficiales que la Organización Mundial de la Salud ha tomado, reportado y actualizado diariamente durante el desarrollo de la pandemia en [23]. Estos reportes oficiales

diarios del MINSA de Panamá dieron luces al caso real sobre el estado $Q(t)$. Asimismo, se reportaron los casos fallecidos y recuperados, sin embargo, es importante hacer notar que estos dos estados $D(t)$ y $R(t)$, están relacionados directamente al estado $Q(t)$ a través de una tasa (o razón) de recuperación y una razón de mortalidad, por tanto, el número de casos confirmados y aislados jugará un rol clave en este modelado. Un argumento similar puede realizarse en cuanto a los casos no susceptibles. Además, el número preciso de casos infectados y el número de casos expuestos son muy difíciles de determinar, razón por la cual, se omitirá la visibilidad de ambas.

Se comprende, entonces, que tendremos 6 coeficientes desconocidos: $\alpha, \beta, \gamma, \delta, \lambda, \kappa$ y tendremos a su vez dos condiciones iniciales $\{E_0, I_0\}$ con relación a las variables ocultas, las cuales serán extraídas de la información de la serie de datos $\{Q(t)\}$, que en nuestro caso representará aquellas personas con la infección y aisladas en cuarentena. Este problema es abordado y resuelto encontrando el error medio cuadrático entre la lista $Q(t)$ y la serie de datos reportados (experimentales), para luego optimizar el problema utilizando el algoritmo GRG no lineal (Generalized Reduced Gradient Algorithm) debido a que sus resultados son muy fiables [24]. Luego de esto, se obtiene el valor de desviación estándar de error para proceder a minimizarlo, utilizando el algoritmo de optimización Evolucionario [25]. El resultado metodológico es un incremento de la eficiencia matemática al utilizar ambos algoritmos [26]. Además, es destacable que, para lograr mejores resultados, ambos algoritmos debieron ser aplicados múltiples veces, lo cual, aunque incrementa el tiempo de cómputo, aumenta la fiabilidad de los resultados, y al usar una tasa moderada de mutación en el algoritmo evolutivo, se pueden encontrar respuestas más creativas [27]. Se encontraron los parámetros obteniendo el mínimo valor del error cuadrático medio que también resulta en el mínimo valor de la desviación estándar del error. Así, se obtuvo un modelo próximo al comportamiento real y con heterocedasticidad mínima. Para realizar el procedimiento anteriormente descrito, se necesitan los puntos de partida, presentados en la Tabla I.

Las magnitudes variables para la realización de iteraciones serán $\{\alpha, \beta, \gamma, \delta, \lambda, \kappa\}$ tomando de bases iniciales a E_0, I_0 como 74 y 8 respectivamente [28]. Para hallar los parámetros, la necesidad de límites en las variables fue imprescindible. Se hizo la asunción del valor de γ^{-1} siendo este estimado en unos pocos días [29] [30] [31] [13] [14], otras restricciones incluyen a β como un valor entre 0 y 1 (debido a ser un valor porcentual donde 0 es la razón de infección nula y 1 es una razón de infección máxima), α tiene que ser un valor entre 0 a 1, δ tiene que ser un valor entre 0.1 y 0.25 (lo cual quiere decir un tiempo de cuarentena por persona promedio entre 10 y 4 días respectivamente) [13], λ siendo un valor restringido entre los valores de 0.00101 (valor mínimo calculado en base a los reportes de recuperados excluyendo el valor nulo) y 1, finalmente, se tomó en consideración el valor mínimo de la tasa de mortandad (κ) entre los casos reportados (0.00179).

TABLA I
VARIABLES INICIALES Y OPTIMIZADAS AL 2 DE MAYO

Variable	Valor original	Valor optimizado	Referencias
E_0	74 casos	210 casos	[28]
I_0	8 casos	8 casos	[28]
α	17.2%	2.76%	[13]
β	100%	39.2836%	Asumido
γ	0.5 <i>días</i> ⁻¹	0.4306 <i>días</i> ⁻¹	[29] [30]
δ	0.1351 <i>días</i> ⁻¹	0.1351 <i>días</i> ⁻¹	[13]
λ	0.101%	0.5564%	Asumido (calculados)
κ	0.179%	0.2037%	Asumido (calculados)

Comparación de los valores usados inicialmente y los optimizados al día 2 de mayo de 2020. Se enlistan las referencias validando el uso de los valores iniciales.

2) Previsión para la epidemia

Lo más importante, ya teniendo el modelado y los parámetros a mano, es que se pueden llevar simulaciones por un periodo de tiempo mucho mayor y prever la potencial tendencia de la epidemia por COVID-19. Se puede apreciar en Fig. 2 y Fig. 3 el posible número de casos activos y el número de casos expuestos más los casos infectados calculados para los siguientes 90 días al ajuste de datos que se tenían hasta el 6 de mayo de 2020. Es importante destacar que luego del 7 de mayo de 2020, el MINSA decidió cambiar su definición de recuperados $\{R(t)\}$, que hasta el momento estaba dada en función de dos pruebas PCR (Reacción en Cadena de Polimerasa) negativas para COVID-19, a simplemente un diagnóstico de recuperación clínica de los pacientes [32], con lo cual no hubo más datos públicos de recuperados por PCR luego de esa fecha.

Se aprecian los datos publicados por el MINSA desde el primer día de la infección [33] como puntos naranjas en la gráfica, el resultado del modelo como la línea azul y la suma de los casos expuestos e infectados representados por la línea gris. Los datos publicados por el MINSA, que también son los datos oficiales de la OMS [23], nos han servido en principio como datos experimentales para establecer las condiciones iniciales del modelo, y ahora nos sirven como criterio experimental de comparación en el desarrollo de la pandemia.

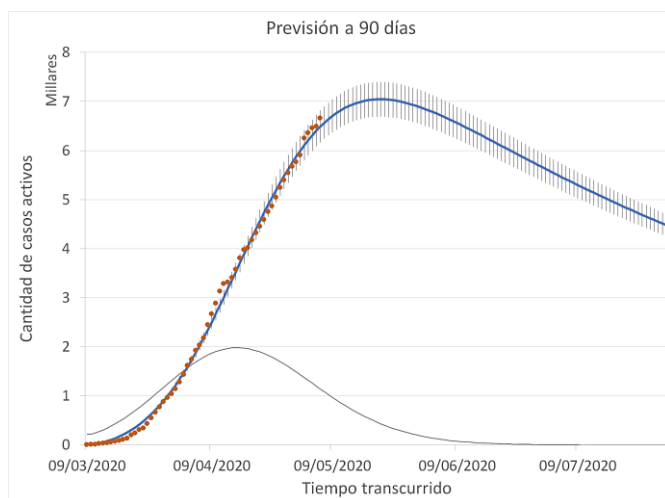


Fig. 2. Gráfico de previsión a 90 días

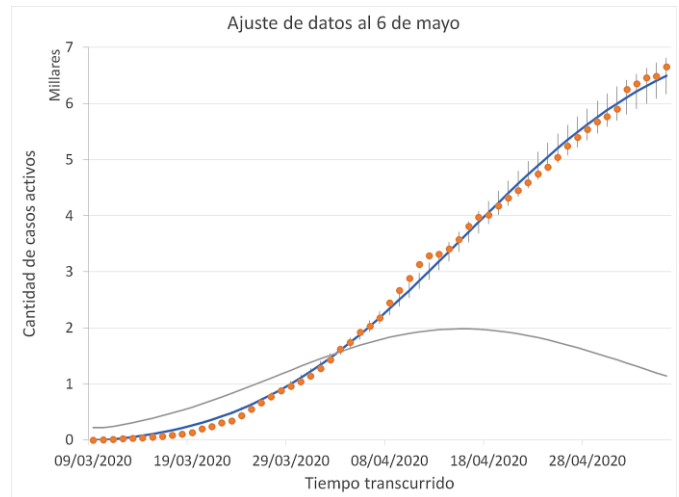


Fig. 3. Gráfico de ajuste de datos al 6 de mayo.

En el gráfico se utilizan barras de error pertenecientes a un intervalo de confianza del 95%. Utilizando la distancia euclidiana $\|\cdot\|_2$, el error relativo promedio será:

$$RE = \sqrt{\frac{\|CR - CS\|_2}{\|CR\|_2}} \quad (11)$$

Esto es tomando en cuenta CR casos reportados y CS casos simulados, obtenemos un $RE = 3.1952\%$ al 6 de mayo de 2020.

A pesar de que el 8 de abril se encontraron irregularidades en el reporte de casos, los cuales descompensaron la simulación original y modificaron las sobreestimaciones realizadas, también revela en gran medida la situación severa en Panamá. Las predicciones pueden resumirse en:

- Debido a las aproximaciones positivas y tomando en cuenta las intervenciones no farmacéuticas tomadas por el país, este primer brote de la epidemia en Panamá debería encontrarse en su etapa final luego del mes de julio, si no cambiasen las condiciones.
- De acuerdo con la estimación del número básico de reproducción, se calcula que la fecha de inflexión fue realmente más aproximada hacia el comienzo de la tercera semana de abril, y no durante la primera como esperaba inicialmente el MINSA. El gráfico asociado puede encontrarse en la Fig. 4, donde se aprecia que la línea naranja que corta horizontalmente la curva es el indicativo para el número básico de reproducción unitario.
- El número básico de reproducción se modela como inferior a la unidad desde las últimas semanas de abril en adelante, sin embargo esta aproximación por sí sola no es un factor decisivo, y sería la más susceptible de variación con la realidad en vista de que es altamente impactada por las medidas de flexibilización que pueda tomar el estado desde mayo 2020 en adelante y los factores de protección que puedan implementar los individuos que aún estén en el grupo de susceptibles $\{S(t)\}$.

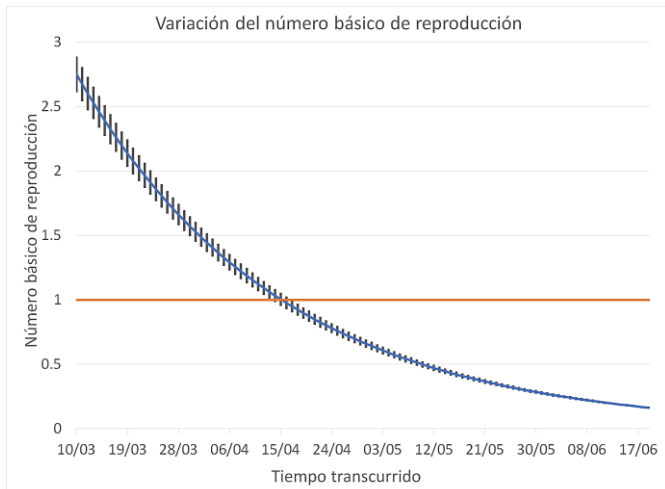


Fig. 4. Gráfico de variación del número básico de reproducción del primer brote de COVID-19, considerando las condiciones dadas hasta el 6 de mayo de 2020.

B. Estimaciones a Partir de un Simulador de Comparación Mundial

La ventaja de haber calculado los valores relacionados al comportamiento de la epidemia en Panamá es que podremos tener una aproximación más fiel a la situación actual, los cuales al introducirlos a un simulador de comparación mundial, con las ecuaciones explicadas [34] [35], permiten obtener un vistazo de la situación en comparación con los datos epidemiológicos reportados mundialmente.

Para todo esto, se utilizó la cantidad de camas en la sala de hospitalización y camas habilitadas en cuidados intensivos, provista por datos del MINSA y aquellos publicados por el periódico La Prensa [36].

En la Fig. 5 se puede apreciar el ajuste de los datos con los puntos naranja representando los casos reportados y con la línea verde el modelo del simulador ajustado a los datos optimizados, mientras que en la Fig. 6 se provee la previsión modelada a 90 días del simulador, con los datos optimizados.

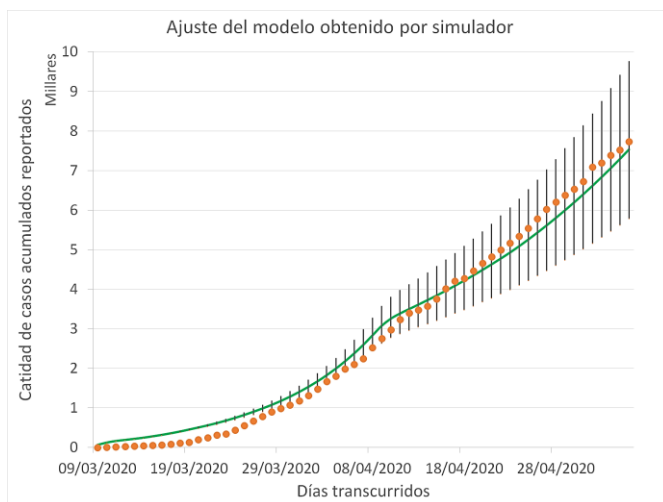


Fig. 5. Gráfico de ajuste del modelo obtenido por el simulador mundial.

Debido a que el simulador de comparación utiliza rangos tanto como para el número de reproducción como para las acciones gubernamentales, se pueden apreciar las barras de error pertenecientes a estos rangos en la Fig. 5.

Variable	VALOR	Referencia
Número inicial de casos	$E_0 + I_0 = 218 \text{ casos}$	Calculado
Camas hospitalarias	6450 camas	[36]
Camas UCI	396 camas	[36]
R_0 promedio anual	Entre 2.7 a 3	Calculado
Periodo de latencia	$\gamma^{-1} = 1/0.4306 \approx 2 \text{ días}$	Calculado
Periodo infeccioso	$\delta^{-1} = 1/0.1351 \approx 7 \text{ días}$	Calculado
Transmisión por temporada	0	[14]
Estancia hospitalaria	3 días	[35]
Estancia UCI	14 días	[35]

Parámetros optimizados utilizados en la simulación de comparación mundial para caracterizar el comportamiento del primer brote COVID 19 en Panamá.

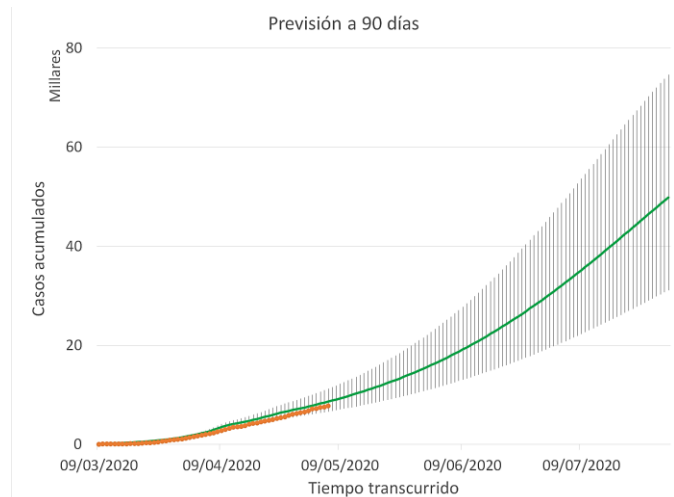


Fig. 6. Gráfico de previsión a 90 días usando el simulador de comparación mundial, datos optimizados y barras de error pertenecientes a los rangos superiores e inferiores de la simulación.

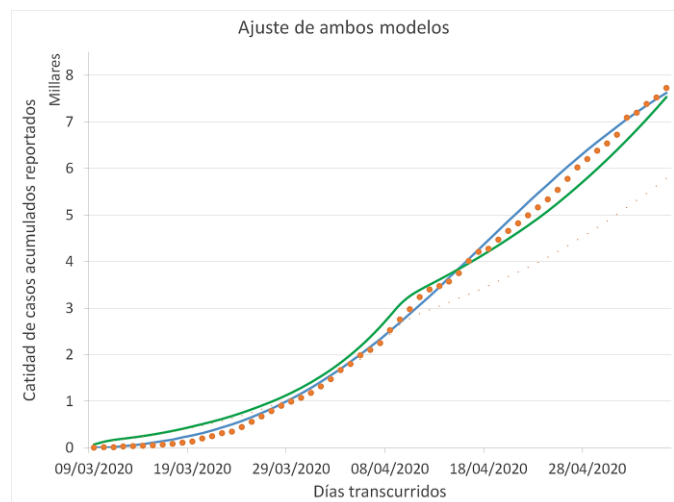


Fig. 7. Gráfico de comparación entre el modelo matemático y el simulador de comparación mundial usando valores de mitigación debido a las condiciones dadas hasta el 6 de mayo de 2020 en Panamá.

También se procedió a calcular el error relativo promedio del simulador, el cual resultó en $RE = 6.67\%$ al 6 de mayo de 2020, con más de 3 puntos porcentuales superior al error relativo de nuestro modelo.

Se puede apreciar en la Fig. 7 la comparación entre ambos modelos usando la línea azul para el modelado matemático realizado mientras la línea verde representa el comportamiento obtenido usando el simulador de comparación mundial [35]. Los parámetros epidemiológicos utilizados se encuentran en la Tabla II.

V. CONCLUSIONES

En este estudio se propuso un modelo generalizado SEIR, expandido a SEIRQDP, para analizar lo más precisamente posible el primer brote epidémico del COVID-19 en Panamá usando los datos oficiales disponibles. Este modelo incorpora apropiadamente el impacto intrínseco de los casos expuestos e infectados no reportados o confirmados durante el desarrollo de la epidemia, lo cual se volvería complicado de obtener con los análisis estadísticos tradicionales, además de incorporar un nuevo estado (Q) para representar los casos confirmados y reportados, que junto al estado de recuperados (R) logra reemplazar el estado de “removidos” original de los modelos clásicos MSEIR, SEIR y SIR, entre otros.

Dentro del estudio se trabaja con dos tipos de variables, las inherentes al virus (no modificables con el comportamiento de la población) y las inherentes al brote local (describiendo el comportamiento de la propagación debido al comportamiento colectivo). Para mejorar la situación actual, es conveniente la modificación del comportamiento del colectivo, lo cual afectaría su impacto en el estudio.

Estas modificaciones se verían reflejadas en la razón de protección α (al mejorar las intervenciones no farmacéuticas). Es importante entender, que esta razón de protección tiene un gran sentido individualista por cada uno de los agentes susceptibles. Las ecuaciones directamente impactadas por una α mejorada, son las ecuaciones (1) y (7) relativas a las razones de cambio de susceptibles y protegidos (no susceptibles), dejándonos ver directamente que las acciones de protección individual serían de hecho las de mayor, más rápido y más directo impacto (mascarillas y elementos de protección personal efectivos en su uso contra el virus, correcto aseo individual, distanciamiento social adecuado). Si los susceptibles son impactados en una forma conveniente, todas las siguientes etapas (expuestos, infectados, recuperados) serán impactadas en igual manera.

Las tasas de mortalidad y recuperación también tienen un impacto apreciable en la forma como puede modificarse el modelo. Con las mejoras en los tratamientos de los casos, ambos parámetros podrían impactar la dinámica del modelo, sin que necesariamente esto implique la existencia de una vacuna.

Si bien es cierto, las intervenciones para el control de propagación del brote local dieron resultados iniciales alentadores; en el caso de Panamá, se puede notar que existieron cambios abruptos de la metodología de medición y control pandémico luego del 7 de mayo del 2020, se consideraron medidas de protección individual que condujeron a un factor de protección pobre de apenas 2% y se llegó incluso a una reapertura poco controlada de la nación, considerando las

limitadas capacidades médicas del momento; lo cual repercutió en mayores números de contagio, luego de un inicio que se pudo considerar como bueno.

Es destacable que la razón de protección está calculada en Panamá en un aproximado apenas superior al 2%, lo cual, comparado al 8% de Wuhan y razones de protección muy superiores en otras partes de China (hasta de 18%) [13], da pie a esperar un amplio margen de crecimiento pandémico en Panamá.

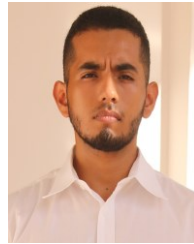
La última forma de mejorar el comportamiento del modelo, es aumentar a los “no susceptibles” o “protegidos” $\{P(t)\}$, de forma que si el número total N de población se considera constante de acuerdo a la ecuación (8), se tengan que ver disminuidas las ponderaciones y por tanto razones de cambio de susceptibles y expuestos en las ecuaciones (1) y (2); pero esto es virtualmente imposible de lograr sin una medida farmacológica tipo vacuna (o algún agente de generación de inmunidad) o sin que la población desarrolle inmunidad por efectos de haber pasado por la infección, pues hasta el momento no se conoce de otros métodos en los que pueda declararse directamente a un individuo como “protegido”.

A pesar de que el 8 de abril se encontraron irregularidades en el reporte de casos, los cuales descompensaron la simulación que pudo llevarse a cabo en fechas anteriores y modificaron las sobreestimaciones realizadas, también se reveló en gran medida la situación severa que había pasado Panamá, lo cual dejaba ver ya la necesidad de una mayor atención a las medidas de protección personal a futuro, que serían las que mayormente impactarían de forma conveniente, la dinámica del modelo ante posibles rebotes. Asimismo, entre los valores epidemiológicos encontrados en el periodo y condiciones de estudio para el primer brote, se destaca un periodo de latencia (γ^{-1}) aproximándose a los 2 días, el periodo infeccioso (o periodo de cuarentena) (δ^{-1}) de aproximadamente 7 días, razón de infección del 39.28%, razón de protección del 2.71%, tasa de recuperación de 0.56% y 0.20% como tasa de mortalidad, la mayoría de estos valores se encuentran cercanos a los modelos estudiados [34] [18] [17] [37] [13] [8] [14] [16].

REFERENCIAS

- [1] F. M. Angel, «‘La desinformación circula más rápido que cualquier virus’: Xavier Sáez-Llorens,» *La Prensa*, 9 febrero 2020.
- [2] A. Coriat, «El coronavirus podría durar dos meses José M. Teran,» *El Siglo*, 16 marzo 2020.
- [3] La Estrella de Panamá, «Podríamos esperar alrededor de 500 casos de coronavirus,» *La Estrella*, 15 marzo 2020.
- [4] R. M. Vega, «Realidad del COVID-19 en Panamá,» *Universidad Nacional de La Plata*, vol. 1, junio 2020.
- [5] L. F. Chaves, L. A. Hurtado, M. Ramírez, M. D. Friberg, R. Marín y M. L. Avila-Aguero, «COVID-19 basic reproduction number and assessment of initial suppression policies in Costa Rica,» *Mathematical Modelling of Natural Phenomena*, vol. 15, no 32, p. 13, 2020.
- [6] A. Ledezma y J. L. Laguardia, «Modelos de evolución del Covid-19 en Panamá,» COVID-19 CSUCA, Abril 2020. [En línea]. Available: <http://covid19.csuca.org/15/>.
- [7] D. Cárdenas, «Propuesta de un Modelo Matemático para calcular el Calentamiento de Conductores Eléctricos,» *Tecnociencia*, vol. 12, no 2, pp. 71-88, 2010.
- [8] G. KRR, M. KVR, P. R. SSP y F. Casella, «Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and

- healthcare demand.» 16 Marzo 2020. [En línea]. Available: <https://ssrn.com/abstract=3560688>. [Último acceso: 12 abril 2020].
- [9] D. He, J. Dushoff, T. Day, J. Ma y J. D. D. Earn, «Inferring the causes of the three waves of the 1918 influenza pandemic in England and Wales.» *Proceeding of the Royal Society*, vol. 280, no 1766, 2013.
- [10] C. You, Y. Deng, W. Hu, J. Sun, Q. Lin, F. Zhou, C. H. Pang, Y. Zhang, Z. Chen y X.-H. Zhou, «Estimation of the time-varying reproduction number of COVID-19 outbreak in China.» *MedRxiv*, pp. 1-12, 2020.
- [11] S. Zhao, D. Gao, Z. Zhuang, M. Chong, Y. Cai, J. Ran, P. Cao, K. Wang, Y. Lou, W. Wang, L. Yang, D. He y M. Wang, «Estimating the serial interval of the novel coronavirus disease (COVID-19): a statistical analysis using the public data in Hong Kong from January 16 to February 15, 2020.» *MedRxiv*, pp. 1-10, febrero 2020.
- [12] J. L. Aron y I. B. Schwartz, «Seasonality and period-doubling bifurcations in an epidemic model.» *Journal of Theoretical Biology*, vol. 110, no 4, pp. 665-679, October 1984.
- [13] P. Liangrong, W. Yang, D. Zhang y C. Zhuge, «Epidemic analysis of COVID-19 in China by dynamical modeling.» *ResearchGate Publication*, vol. 339323999.
- [14] Q. Ling, S. Zhao, D. Gao, L. Yang, D. He, Y. Lou, S. Yang, S. S. Musa, M. H. Wang, Y. Cai y W. Wang, «A conceptual model for the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in Wuhan, China with individual reaction and governmental action.» *International Journal of Infectious Diseases*, vol. 93, pp. 211-216, 04 Marzo 2020.
- [15] O. M. Otunuga y M. O. Ogonolu, «Qualitative analysis of a stochastic SEITR epidemic model with multiple stages of infection and treatment.» *Infectious Disease Modelling*, vol. 5, pp. 61-90, Diciembre 2020.
- [16] A. Kucharski, T. Russel, C. Diamond, Y. Liu, J. Edmunds, S. Funk, R. Eggo, F. Sun, M. Jit, J. Munday, N. Davies, A. Gimma, K. Zandvoort, H. Gibbs, J. Hellewell, C. Jarvis, S. Clifford, B. Quilty, N. Bosse y S. Flasche, «Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study.» *The Lancet Infectious Diseases*, vol. 20, 01 Marzo 2020.
- [17] J. Labadin y H. Hong, «Transmission Dynamics of 2019-nCoV in Malaysia.» *MedRxiv*, pp. 1-10, 2020.
- [18] B. Tang, N. Luigi, Q. Li, S. Tang, Y. Xiao y J. Wu, «An updated estimation of the risk of transmission of the novel coronavirus (2019-nCoV).» *Infectious Disease Modelling*, vol. 5, pp. 248-255, Febrero 2020.
- [19] Michel Tibayrenc, *Encyclopedia of Infectious Diseases: Modern Methodologies*, John Wiley & Sons, Inc., 2007.
- [20] H. W. Hethcote, «Three Basic Epidemiological Models.» *Applied Mathematical Ecology*, pp. 119-144, 1989.
- [21] «Población total en Panamá.» 2018. [En línea]. Available: <https://datos.bancomundial.org/indicador/SP.POP.TOTL?locations=PA>. [Último acceso: 12 abril 2020].
- [22] O. Diekmann, H. Heesterbeek y T. Britton, «The basic reproduction number.» de *Mathematical Tools for Understanding Infectious Disease Dynamics*, Princeton, pp. 161-204.
- [23] World Health Organization, «WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard.» World Health Organization, 2020. [En línea]. Available: <https://covid19.who.int/table?tableChartType=heat>. [Último acceso: 29 julio 2020].
- [24] J. Facó, «A Generalized Reduced Gradient Algorithm for Solving Large-Scale Discrete Time Nonlinear Optimal Control Problems.» *IFAC Proceedings Volumes*, vol. 22, no 2, pp. 45-50, Junio 1989.
- [25] S.-C. Oh y A. J. Hildreth, de *Analytics for Smart Energy Management: tools and applications for Sustainable Manufacturing*, Springer, pp. 67-87.
- [26] R. Barati, «Application of excel solver for parameter estimation of the nonlinear Muskingum Models.» *KSCIE Journal of Civil Engineering*, vol. 17, no 5, pp. 1139-1148, 01 07 2013.
- [27] W. Azzolini y F. Azzolini, «Evolutionary Algorithm for Optimization Regarding the Planning of Topological Facilities in Layout of a Shipyard.» *IEEE Latin American Transaction*, vol. 17, no 9, pp. 1491-1500, 2019.
- [28] Ministerio de Salud, «Comunicado N 2.» 11 Marzo 2020. [En línea]. Available: <http://minsa.gob.pa/noticia/comunicado-n-2>. [Último acceso: 18 abril 2020].
- [29] Y. Yang, Q. Lu, M. Liu, Y. Wang, A. Zhang, N. Jalali, N. Dean, I. Longini, M. E. Halloran, B. Xu, X. Zhang, L. Wang, W. Liu y L. Fang, «Epidemiological and clinical features of the 2019 novel coronavirus outbreak in China.» *MedRxiv*, pp. 1-2, 2020.
- [30] W.-j. Guan, Z.-y. Ni, Y. Hu, W.-h. Liang, C. Ou, J.-x. He, L. Liu, H. Shan, C.-l. Lei, D. S. Hui, B. Du, L.-j. Li, G. Zeng, K.-Y. Yuen, R.-c. Chen, C.-l. Tang, T. Wang, P.-y. Chen y J. Xiang, «Clinical characteristics of 2019 novel coronavirus infection in China.» *The New England journal of medicine*, vol. 382, pp. 1708-1720, 30 Abril 2020.
- [31] A.-2.-n. Volunteers, Z. Li, M. Wu, J. Yao, J. Guo, X. Liao, S. Song, J. Li, G. Duan, Y. Zhou, X. Wu, Z. Zhou, T. Wang, M. Hu, X. Chen, Y. Fu, C. Lei, H. Dong, C. Xu, Y. Hu y M. Han, «Caution on Kidney Dysfunctions of COVID-19 Patients.» *MedRxiv*, pp. 1-25, 27 marzo 2020.
- [32] Panamá América, «Cambia criterio que define a recuperados de COVID-19.» *Panamá América*, 8 mayo 2020.
- [33] Ministerio de Salud, «Casos de Coronavirus COVID-19 en Panamá.» 9 Abril 2020. [En línea]. Available: <http://minsa.gob.pa/coronavirus-covid19>. [Último acceso: 18 Abril 2020].
- [34] C. Anastassopoulou, L. Russo, C. Siettos y A. Tsakris, «Data-Bases Analysis, Modelling and Forecasting of the novel coronavirus (2019-nCoV) outbreak.» *MedRxiv*, pp. 1-22, febrero 2020.
- [35] Research group of Richard Neher, «COVID-19 Scenarios.» Febrero 2020. [En línea]. Available: <https://covid19-scenarios.org/>. [Último acceso: 10 mayo 2020].
- [36] La Prensa, «Brotos pondrán a prueba capacidad hospitalaria.» 7 Mayo 2020. [En línea]. Available: <https://www.prensa.com/impres/panorama/brotos-pondran-a-prueba-capacidad-hospitalaria/>. [Último acceso: 7 Mayo 2020].
- [37] K. Sun, J. Chen y C. Viboud, «Early epidemiological analysis of the coronavirus disease 2019 outbreak base on crowdsourced data: a population-level observational study.» *The Lancet Digital Health*, vol. 2, no 4, pp. 201-208, 01 Abril 2020.



Juan C. Casaboza was born in Panama in 1996. He is a researcher of The ERDI Research Group (Radiant energy and irreversible dissipations) at Technological University of Panama (UTP), and his research areas are applied mathematics and simulations. He is currently opting for the engineering degree in electromechanical engineering at the Technological University of Panama (UTP).



Dorindo Elam Cárdenas (M'12) received his engineering degree in electromechanical engineering at the Technological University of Panama (UTP), Panamá in 2004. In 2005 becomes professor of electrical engineering at the Technological University of Panama. In 2009 becomes Certified Fire Protection Specialist (CFPS), international certification awarded by the National Fire Protection Association (NFPA), U.S.A. In 2011 receives his Doctoral Degree in Engineering Sciences, with a novel research of mathematical modeling of electrical fires and its sources, that is nominated to the Extraordinary Prize of Doctorate at Universitat Politècnica de Catalunya –

Barcelonatech, Spain. In 2014 he completed a Postdoctoral Fellow and research with the University of Texas at Austin, U.S.A., in radiation transport and variable frequency effects of electromagnetic waves in conductors. He has develop professional practice in electrical and mechanical engineering since 2004 to the present in industrial applications. Some of his work include design, installation, and consulting for very large commercial and industrial projects like malls, high-rise buildings, power generating plants, electrical substations and industrial hazardous locations. Dr Cardenas has also performed several mathematical modelings for various applications in radiation, energy, chemistry, and other fundamental physical subjects and applied mathematics. Dr. Cárdenas is member of IEEE, NFPA, IAAI, CFPS and SNI-SENACYT. He is Main Director of The ERDI Research Group, and Leader Researcher at the Technological University of Panama.