

ANEXO

1. MODELO DE COINFECCIÓN

El modelo de coinfección presentado aquí es de tipo compartimental, sin edad y describe los distintos estados epidemiológicos de la población en el tiempo con relación al dengue y a la COVID-19. Se basa en el modelo de Derouich *et al.*¹ para dengue y en el modelo SEIR² para COVID-19, e incluye nacimientos y muertes. Su implementación es determinista. La evolución temporal es de tiempo continuo y está gobernada por un conjunto de ecuaciones diferenciales, que se describen a continuación.

Para el huésped:

$$\begin{aligned} dN_{SS}/dt &= \mu N - \mu N_{SS} - \lambda_D N_{SS} - \lambda_C N_{SS} \\ dN_{SE}/dt &= -\mu N_{SE} + \lambda_C N_{SS} - \lambda_D N_{SE} - \sigma_C N_{SE} \\ dN_{SI}/dt &= -\mu N_{SI} - \lambda_D N_{SI} - \gamma_C N_{SI} + \sigma_C N_{SE} \\ dN_{SR}/dt &= -\mu N_{SR} - \lambda_D N_{SR} + \gamma_C N_{SI} \\ dN_{IS}/dt &= -\mu N_{IS} - \gamma_D N_{IS} - \lambda_C N_{IS} + \lambda_D N_{SS} \\ dN_{IE}/dt &= -\mu N_{IE} + \lambda_C N_{IS} + \lambda_D N_{SE} - \gamma_D N_{IE} - \sigma_C N_{IE} \\ dN_{II}/dt &= -\mu N_{II} + \lambda_D N_{SI} - \gamma_D N_{II} - \gamma_C N_{II} + \sigma_C N_{IE} \\ dN_{IR}/dt &= -\mu N_{IR} + \gamma_C N_{SI} - \gamma_D N_{IR} + \lambda_D N_{SR} \\ dN_{RS}/dt &= -\mu N_{RS} + \gamma_D N_{IS} - \gamma_C N_{RS} \\ dN_{RE}/dt &= -\mu N_{RE} + \lambda_C N_{RS} - \sigma_C N_{RE} + \gamma_D N_{IE} \\ dN_{RI}/dt &= -\mu N_{RI} - \gamma_C N_{RI} + \sigma_C N_{RE} + \gamma_D N_{II} \\ dN_{RR}/dt &= -\mu N_{RR} + \gamma_C N_{RI} + \gamma_D N_{IR} \\ dN_{RR}/dt &= -\mu N_{RR} + \gamma_C N_{RI} + \gamma_D N_{IR} \end{aligned}$$

Para el vector:

$$\begin{aligned} dV_S/dt &= \mu_M V - \mu_M V_S - \lambda_M V_S \\ dV_I/dt &= -\mu_M V_I + \lambda_M V_S \end{aligned}$$

donde:

μ es la tasa de mortalidad y de natalidad del huésped (consideradas iguales de modo de conservar la población constante).

$1/\sigma_C$ es el tiempo de latencia de COVID-19.

$1/\gamma_C$ y $1/\gamma_D$ son los períodos infectivos para COVID-19 y dengue, respectivamente.

$\lambda_C = \beta_C(N_{SI} + N_{II} + N_{RI})/N$ es la fuerza de infección para COVID-19, con $\beta_C = R_0(\mu + \sigma_C)(\mu + \gamma_C)/\sigma_C$.

b es el número de picaduras por vector por día.

ρ es la probabilidad mutua de transmisión del virus de dengue entre huésped y vector.

$\gamma_D = \rho \cdot b \cdot V_I/N$ es la fuerza de infección para dengue.

μ_M es la tasa de mortalidad y de natalidad del vector (consideradas iguales de modo de conservar la población constante).

$\lambda_M = \rho \cdot b \cdot (N_{IS} + N_{IE} + N_{II} + N_{IR})/N$ es la fuerza de infección en el vector.

2. MODELADO DE LAS MEDIDAS SANITARIAS EN COVID-19

La reducción en la tasa de contagio de COVID-19 debido a la implementación de medidas sanitarias es modelada a partir de una función de contagio $\beta_C(t)$ de tipo exponencial, propuesta por Cotta *et al.*³ El valor inicial $\beta_{Cinicial}$ queda definido por el R_0 de cada escenario considerado para el contagio considerado, y la reducción se implementa hasta llegar a una tasa de contagio final e igual para todos escenarios, β_{Cfinal} (ver detalles en la sección siguiente).

3. PARAMETRIZACIÓN

Se utiliza una mortalidad tipo I con expectativa de vida de 75 años, es decir $1/\mu = 27\,375$ días.

A continuación, se presentan los parámetros utilizados en las simulaciones para dengue, para COVID-19 y para los efectos de las medidas de aislamiento.

Dengue

Picaduras por unidad de tiempo: $b = 0,75$ (escenario de referencia)¹

$1/\mu_M = 4,0$ días¹

Duración del período infectivo $1/\gamma_D = 4,0$ días. El valor considerado corresponde al valor intermedio entre el empleado por Derouich *et al.*¹ y el considerado por la OMS⁴.

Probabilidad de transmisión entre huésped y vector: $\rho = 0,75$ ¹.

Introducción de dengue en la población mediante $V_0/N = 1E-7$ mosquitos infectados a $t = 10$ días

Población de huéspedes inmunes (considerando una región con dengue endémico y que la inmunidad es de por vida): 25%.

COVID-19

Período de incubación: $1/\sigma_c = 6,0$ días⁵.

Duración del período infectivo: $1/\gamma_c = 7,0$ días⁶.

Número reproductivo de COVID-19 de cada escenario: $R_0 = 2,0$ $R_0 = 2,5$ $R_0 = 4,0$ ⁵

Introducción de COVID-19 en la población a $t = 1$ día, con $N_0/N = 1E-5$ repartida por igual entre infectados y expuestos.

3.1 PARÁMETROS RELACIONADOS CON LAS MEDIDAS DE AISLAMIENTO

Tiempo de inicio de la cuarentena temprana: $T_1 = 40$ días

Tiempo de inicio de la cuarentena tardía: $T_1 = 70$ días

Función de contagio: $\beta_c(t) = \beta_c \exp(C \cdot (t - T_1))^3$.

$\beta_{\text{Cinicial}} = R_{\text{oinicial}}(\mu + \sigma_c)(\mu + \gamma_c)/\sigma_c$ con R_{oinicial} de cada escenario.

$b_{\text{Cfinal}} = R_{\text{ofinal}}(\mu + \sigma_c)(\mu + \gamma_c)/\sigma_c$ con $R_{\text{ofinal}} = 1.5$ ⁶.

3.2 PARÁMETROS MODIFICADOS PARA EL MODELADO DE LA ACCIÓN DE LA CUARENTENA SOBRE LA DINÁMICA DEL DENGUE

Período infectivo de dengue ($1/\gamma_D$) = 6,0 días

Picaduras por vector por día (b) = 1,0

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

¹ Derouich M, Boutayeb A, Twizell E. A model of dengue fever. BioMed Eng OnLine. 2003; 2(1): 1-10.

² Population Biology of Infectious Diseases, Report of the Dahlem Workshop on Population Biology of Infectious Disease Agents Berlin 1982, March 14 – 19. Editors: Anderson RM, May RM. Springer-Verlag Berlin Heidelberg 1982. ISBN: 978-3-540-11650-9.

³ Cotta RM, Naveira-Cotta CP, Magal P. Mathematical Parameters of the COVID-19 Epidemic in Brazil and Evaluation of the Impact of Different Public Health Measures. Biology 2020; 9(8), 220,1-26.

⁴ Gubler DJ, Suharyono W, Tan R, Abidin M, Sie A. Viraemia in patients with naturally acquired dengue infection. Bulletin of the World Health Organization. 1981;59(4):623-30.

⁵ Centros para la Prevención y el Control de Enfermedades. COVID-19 Pandemic Planning Scenarios. [Internet]. 2020 [citado 10 Jul 2020]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/hcp/planning-scenarios.html>

⁶ Organización Panamericana de la Salud. COVID -19 effective reproductive Number (Rt) analysis (Brasil). [Internet]. 2020 [citado 10 Ago 2020]. Disponible en: <https://ais.paho.org/phil/viz/COVID19Rt.asp>



Esta obra está bajo una licencia de *Creative Commons* Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional. Reconocimiento – Permite copiar, distribuir y comunicar públicamente la obra. A cambio se debe reconocer y citar al autor original. No comercial – esta obra no puede ser utilizada con finalidades comerciales, a menos que se obtenga el permiso.