



# Modelos matemáticos aplicados a la vigilancia de la epidemia del COVID-19 del departamento de Concepción

Adalberto Darío Cardozo Gauto<sup>a</sup>, Marcos Miguel Ibarra Gauto<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Universidad Nacional de Concepción, Facultad de Ciencias Exactas y Tecnológicas, Paraguay

---

## Resumen

Predecir la dinámica del número de casos de la enfermedad por coronavirus (COVID-19) en el Departamento de Concepción es una tarea compleja y desafiante, debido a los cambios rápidos en los comportamientos sociales y a las medidas de intervención implementadas en períodos cortos. La toma de decisiones por parte de las autoridades, tanto a corto como a largo plazo, requiere una evaluación exhaustiva de los posibles escenarios y el uso de modelos predictivos. Estas herramientas proporcionan información valiosa sobre los efectos de diferentes estrategias de intervención y permiten a las autoridades tomar decisiones informadas y efectivas para controlar la propagación del virus. En este trabajo, se comparan dos modelos matemáticos para analizar la dinámica de propagación del COVID-19 en el Primer Departamento del Paraguay: el modelo epidemiológico SIR (Susceptibles - Infestados - Recuperados) y el modelo SEIR (Susceptibles - Expuestos - Infectados - Recuperados). Estos modelos permiten evaluar la interacción entre diferentes grupos de población y capturar la evolución de la enfermedad a lo largo del tiempo. Los parámetros del modelo, que varían en el tiempo, se estiman utilizando datos de casos notificados proporcionados por la Primera Región Sanitaria. Estos datos son fundamentales para calibrar los modelos y ajustar su comportamiento a la dinámica observada. La evaluación del modelo demuestra una buena correspondencia entre los parámetros estimados y las simulaciones realizadas, lo cual refleja de manera razonable la dinámica observada de la enfermedad en el Departamento de Concepción. El modelo propuesto tiene el potencial de generar simulaciones de escenarios futuros, lo que permitiría a las autoridades evaluar y comparar diferentes estrategias de control de la enfermedad. Estos resultados pueden ser de gran utilidad para respaldar la toma de decisiones informadas y diseñar intervenciones efectivas en el Departamento de Concepción.

*Palabras Clave:* Modelos Matemáticos, COVID-19, Epidemia, Matemática Aplicada.

---

## 1. Introducción

A lo largo de la historia, la humanidad ha sido víctima de una variedad de enfermedades infecciosas inevitablemente presentes en la naturaleza, dada la diversidad de bacterias y virus que existen y, que, además, son capaces de mutar y adaptarse a la resistencia de las intervenciones médicas. Mientras que algunas enfermedades infecciosas, como el resfriado común, causan síntomas leves y son tolerables en la sociedad, otras pueden tener consecuencias devastadoras a nivel mundial. Un ejemplo notable es el brote de la Peste Negra en el siglo XIV, que resultó en una alta tasa de mortalidad en la población. Recientemente, el COVID-19 ha emergido como una pandemia global, afectando a millones de personas en todo el mundo. El COVID-19, surgido en la provincia china de Wuhan a finales de 2019 (Chaple, 2020), ha tenido un impacto devastador a nivel mundial, cobrando la vida de millones de personas. El Departamento de Concepción no ha sido una excepción a esta situación, ya que muchas familias han experimentado pérdidas significativas debido a este virus. Por lo tanto, comprender la dinámica de pro-

pagación del COVID-19 en esta región es de suma importancia para tomar medidas eficaces de prevención y control.

La epidemiología matemática desempeña un papel fundamental en la comprensión de la propagación de enfermedades infecciosas. A través del desarrollo de modelos matemáticos complejos, esta disciplina permite visualizar las dinámicas subyacentes de la propagación y proporciona información predictiva valiosa para la toma de decisiones en salud pública. Estos modelos pueden revelar patrones y tendencias que no son fácilmente discernibles a simple vista, lo que facilita la identificación de estrategias de control efectivas (Shin et al., 2021; Estigarribia et al., 2021; Mello-Román & Hernández, 2020;).

El presente trabajo pretende modelar matemáticamente la propagación de la enfermedad del Covid-19 en el Departamento de Concepción, utilizando dos modelos, el SIR y el SEIR, estos dividen a la población en compartimentos según su estado epidemiológico. En el modelo SIR, los compartimentos son los Susceptibles (personas susceptibles a la infección), Infectados (personas infectadas) y Recuperados (personas recuperadas)

o fallecidas). En el modelo SEIR, se agrega el compartimento de Expuestos, que representa a las personas infectadas pero que aún no han desarrollado síntomas. La base de datos utilizada es obtenida del Departamento de Epidemiología de la Primera Región Sanitaria del Departamento de Concepción.

La resolución de los modelos mencionados no tiene una solución analítica tan sencilla por la tremenda dificultad que representa estimar los parámetros, en especial la tasa de transmisión ( $\beta$ ). Para estimar  $\beta$  dado los datos obtenidos de la Primera Región Sanitaria de Concepción, se minimizó la suma de cuadrados de la diferencia entre activos observados y recuperados, evaluando distintos valores de ajustes al modelo SIR y SEIR. Con el fin de estimar los parámetros de una manera eficiente con un algoritmo inteligente, se utilizó la función `optim()` del paquete `stats` en R (Optimización de uso general basada en algoritmos Nelder-Mead, cuasi-Newton y gradiente conjugado) y para las simulaciones finales de los modelos SIR y SEIR se utilizó el lenguaje de programación Python, lo cual permitió resolver las ecuaciones diferenciales de acuerdo a sus características especiales. Las resoluciones se observan a través de una gráfica donde se muestra la curva de las personas susceptibles, expuestos, infectados y recuperados.

## 2. Metodología

### 2.1. Enfoque del trabajo final de grado

El enfoque de este TFG es cuantitativo y no experimental, analítico observacional retrospectivo no experimental (Hernández y Fernández, 2010). La recolección de datos de la cantidad de activos, fallecidos, recuperados de covid-19 se obtuvo de la Primera Región Sanitaria de Concepción Hospital desde el marzo 2020 hasta octubre del 2022

### 2.2. Recolección y procesamiento de datos

Para el presente trabajo se solicitó a la Primera Región Sanitaria la base de datos del covid-19 correspondiente al Departamento de Concepción conforme se muestra en el Anexo A. Para analizar la información se procede al muestreo de casos de covid-19 primeramente sin factor de sub.registro, luego para comprender mejor la propagación del virus en el Departamento de Concepción, se realiza la interpretación de los datos con factor de sub.registro 4 y 10 (Lau et al., 2021) esto puede dar una estimación mucho mejor de la propagación del virus.

#### 2.2.1. Procesamiento de datos para los casos activos(I)

- Activos estimados(I),
- Activos estimados(I)UnderReport4,
- Activos estimados(I)UnderReport10.

#### 2.2.2. Procesamiento de datos para los casos de Total de Infectados

- Total de Confirmados,
- Total de Confirmados UnderReport4,
- Total de Confirmados UnderReport10.

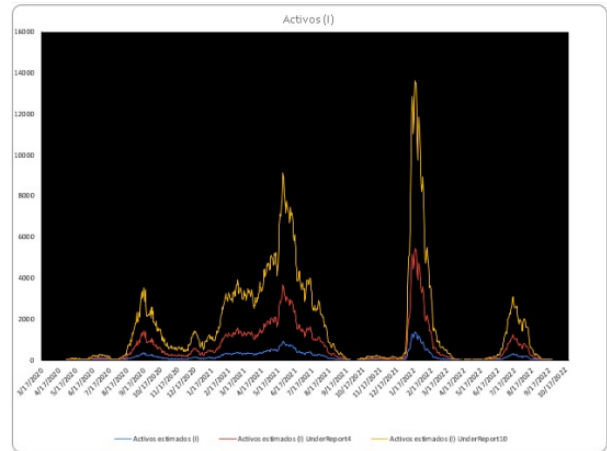


Figura 1: Casos Activo(I) de Covid-19 del Departamento de Concepción

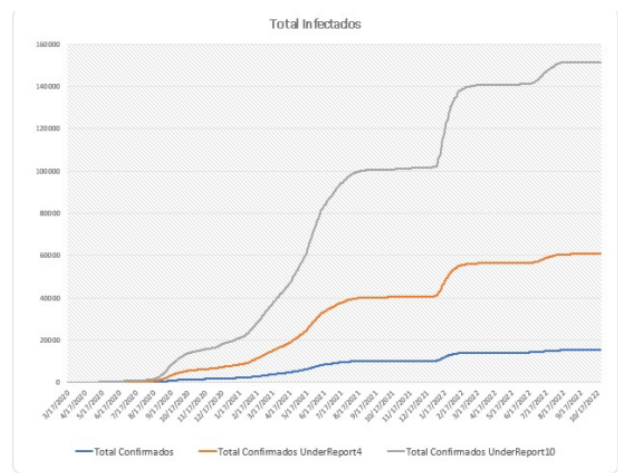


Figura 2: Total de confirmados del Covid-19 del Departamento de Concepción.

#### 2.2.3. Procesamiento de Casos nuevos

- Casos nuevos,
- Casos nuevos UnderReport4,
- Casos nuevos UnderReport10.

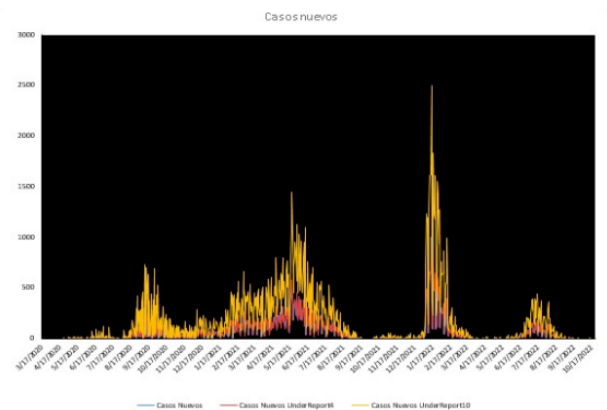


Figura 3: Total de confirmados del covid-19 del Departamento de Concepción.

### 2.2.4. Procesamiento de Casos de susceptibles

- Susceptibles,
- Susceptibles UnderReport4,
- Susceptibles UnderReport10.

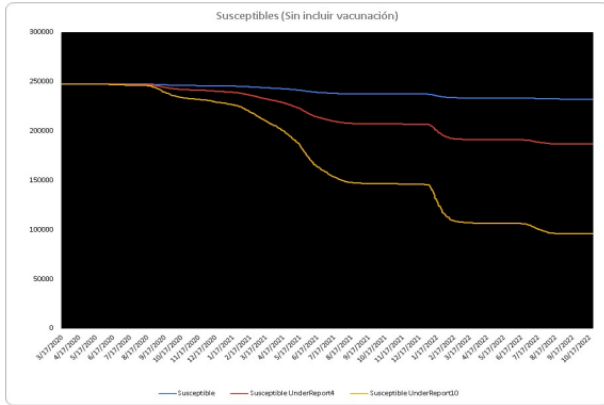


Figura 4: Personas susceptibles.

### 2.3. Estimación de parámetros una vez procesado los datos

Restringido a los datos incipientes en el Departamento de Concepción se aplicaron métodos estadísticos para la estimación del parámetro  $\beta$  de los modelos matemáticos SIR y SEIR y en cuanto a la obtención de los parámetros  $\gamma$  y  $\alpha$  fueron tomados de la literatura. Como método de exploración para la estimación de parámetros dado los datos se minimizo la suma de cuadrados de la diferencia entre activos observados y recuperados evaluando distintos valores de ajustes al modelo SIR y SEIR. Con el fin de estimar los valores de los parámetros de manera eficiente, con un algoritmo inteligente, se utilizo la función `optim()` del paquete `stats` en R (Optimización de uso general basada en algoritmos Nelder - Mead, cuasi-Newton y gradiente conjugado).<sup>1</sup> y también la función `ode` del paquete `deSolve`.<sup>2</sup> en R

### 2.4. Alcance y limitaciones

Se pretende mediante esta investigación brindar observaciones de la curva epidemiológica con el objetivo de realizar un aporte al conocimiento en la materia de Modelación Matemática, haciendo uso de parámetros estimados en las simulaciones de los modelos SIR y SEIR.

Los parámetros  $\beta$ ,  $\alpha$  y  $\gamma$  es importante para la observaciones de las personas que son susceptibles, expuestos, infectados y recuperados. De esta manera contribuir de con un modelo matemático fiable para la toma de decisiones que beneficie al Departamento de Concepción.

Es preciso indicar que todos los estudios que han sido desarrollados en el Trabajo Final de Grado se limitará a los datos obtenidos de la Primera Región Sanitaria de Concepción.

En cuanto de análisis de estimación de parámetros, no se analizo por el método de Monte Carlos y Cadenas de Markov

que hace una estimación de parámetros más certero, pero que tiene una complejidad superior y por lo tanto tiene mayor costo computacional.

Solo abarcamos los modelos matemáticos SIR y el SEIR. No obstante analizamos algunas definiciones y teoremas de los modelos SIS, SEIRD, SECIAR entre otros modelos compartimentales, pero no se realizaron predicciones usando los modelos citados anteriormente por la complejidad de obtener los parámetros.

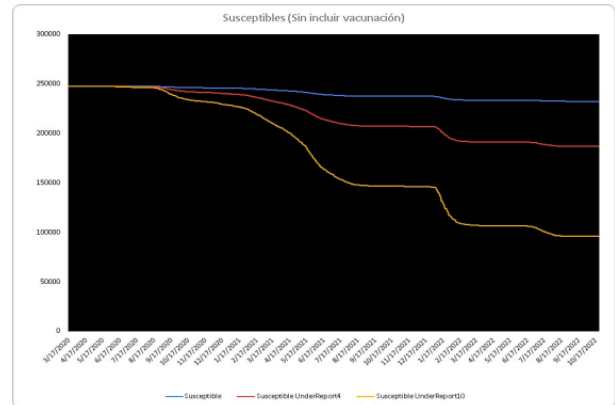


Figura 5: Personas susceptibles.

## 3. Análisis de Resultados

### 3.1. Análisis y resultado del modelo SIR y SEIR

Descrito el modelo, para la estimación del parámetro  $\beta$ , usamos los datos reales desde el 17/02/2021 hasta el 17/05/2021 de los casos activos y recuperados por el coronavirus correspondiente al Departamento de Concepción. De modo que para obtener un mejor ajuste de datos, usamos el Método de Mínimos Cuadrados combinado a un optimizador a fin de:

$$\text{maximizar } F(\beta, \gamma) = \sum_n (Y - \bar{Y})^2$$

donde  $Y$  es el dato esperado de los datos e  $\bar{Y}$  representa los datos observados en cuantos a datos disponibles

**Observacion 3.1.1** Asumimos que el

- Periodo latente de  $\alpha = \frac{1}{3}$  y el recíproco del periodo infeccioso  $\gamma = \frac{1}{10}$  Peirlinck, Linka, Sahli Costabal, y Kuhl, 2020).

Para la estimación de los parámetros del modelo SIR y SEIR según (Casals, Guzmán, y Caylà, 2009) conviene estudiar la pandemia por ola y se analiza donde haya menos intervenciones, ya sea de cierre total, parcial o por otros factores políticas del estado. Para el Departamento de Concepción se analiza desde 17/02/2021 hasta 17/05/2021 y de acuerdo a estudios realizados por (Pérez Estigarribia, s.f.) en el año 2021 el número reproductivo básico está  $2 \leq R_0 \leq 3$  en. De esta manera solo nos enfocamos en donde  $R_0 \leq 3$  y  $2 \leq R_0$

Tabla 1: Estimaciones de parámetros del modelo SIR 17/02/2021 hasta 17/03/2021.

Casos	$\gamma$	$\beta$	$R^2$	$R_0$	Máx. Inf. Estimados
Sin sub.registro.	0.1	0.2075769	0.37	2.7865	169
Sub.registro = 4	0.1	0.2793836	0.37	2.79	1687
Sub.registro = 4	0.1	0.2808626	0.38	2.80	3193

Tabla 2: Estimaciones de parámetros del modelo SEIR 17/02/2021 hasta 17/03/2021

Casos	$\gamma$	$\alpha$	$\beta$	$R^2$	$R_0$	Máx. Inf. Estimados
Sin sub.registro.	0.1	0.3	0.28756	0.36	2.88	931
Sub.registro = 4	0.1	0.3	0.28828	0.36	2.36	3769
Sub.registro = 4	0.1	0.3	0.28976	0.37	2.90	9057

Tabla 3: Estimaciones de parámetros del modelo SIR 17/02/2021 hasta 30/03/2021.

Casos	$\gamma$	$\beta$	$R^2$	$R_0$	Máx. Inf. Estimados
Sin sub.registro.	0.1	0.20758	0.33	2.0758	4382
Sub.registro = 4	0.1	0.2080292	0.33	2.0803	14776
Sub.registro = 4	0.1	0.2089421	0.33	2.084	27562

Tabla 4: Estimaciones de parámetros del modelo SEIR 17/02/2021 hasta 3/03/2021.

Casos	$\gamma$	$\alpha$	$\beta$	$R^2$	$R_0$	Máx. Inf. Estimados
Sin sub.registro.	0.1	0.3	0.2875604	0.36	2.88	4776
Sub.registro = 4	0.1	0.3	0.2882893	0.36	2.88	15855
Sub.registro = 4	0.1	0.3	0.2897616	0.67	2.90	31256

### 3.2. Comparación final de ajuste de curvas para el modelo SIR y SEIR

Una vez obtenidas los datos estimados que muestra en la Tabla 1 - 4 y comparado con los casos de activo(I) de la Figura 1, Total de Infectados (Figura 2) se observa que la curva se ajusta mejor al modelo SIR en la Tabla 3.

- Las gráficas obtenidas por el software Rstudio una vez hecho el ajuste de curva usando algoritmos Nelder–Mead, cuasi-Newton y gradiente conjugado para el modelo SIR sin considerar factor de sub.registro.

**$R^2 = 0.33$ ; intercepto =0; pendiente =0.2; p-valor =0.04**

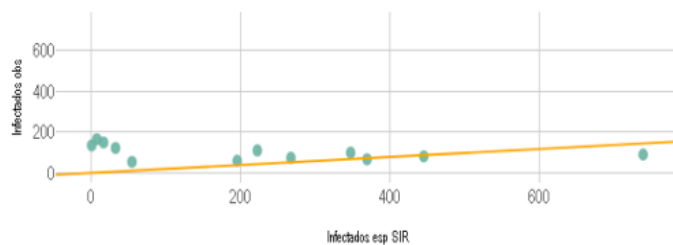


Figura 6: Ajuste de curva desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021 sin sub.registro.

**Ro: 2.0758; Maximo: 4392**

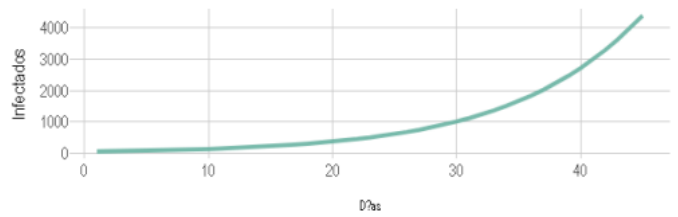


Figura 7: Cantidad máxima de personas que pueden estar infectadas desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021.

**Ro: 2.0758; Maximo: 39227**

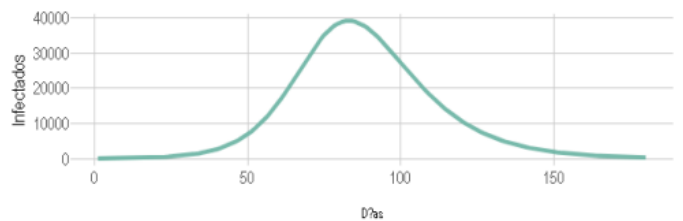


Figura 8: Escenario de pico epidémico sin considerar sub.registro 17/02/2021 hasta el 30/08/2021.

- El ajuste de curva usando algoritmos Nelder–Mead, cuasi-Newton y gradiente conjugado para el modelo SIR considerando factor de sub.registro = 4.

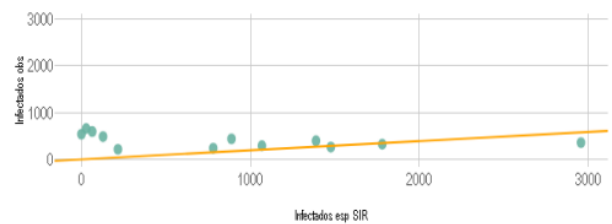


Figura 9: Ajuste de curva desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021 sin sub.registro.

**Ro: 2.0803; Maximo: 14776**

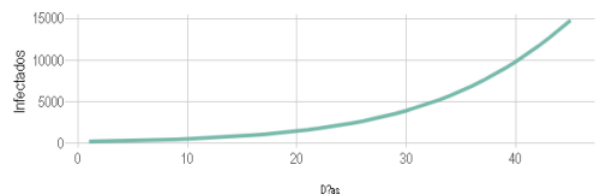


Figura 10: Ajuste de curva desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021 sin sub.registro.

**Ro: 2.0803; Maximo: 39497**

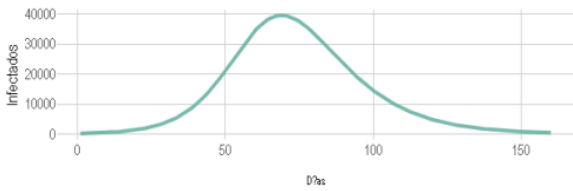


Figura 11: Escenario de pico epidémico sin considerar sub.registro 17/02/2021 hasta el 30/08/2021.

- El ajuste de curva para el modelo SIR considerando factor de sub.registro = 10.

**R<sup>2</sup> = 0.33; intercepto =0; pendiente =0.2; p-valor =0.04**

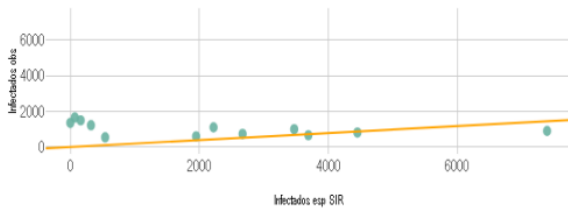


Figura 12: Ajuste de curva desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021 sin sub.registro.

**Ro: 2.0894; Maximo: 27562**

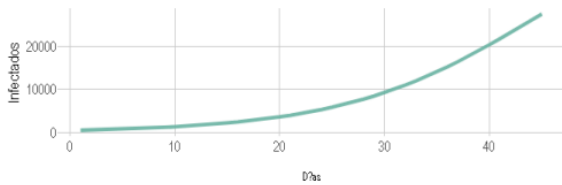


Figura 13: Estimación de cantidad personas que pueden estar infectadas desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021 aplicando factor sub.registro = 4

**Ro: 2.0894; Maximo: 40025**

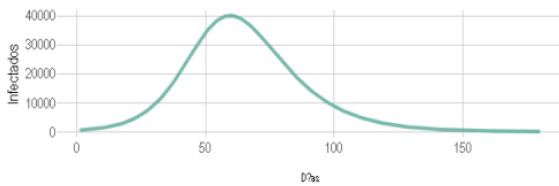


Figura 14: Escenario de pico epidémico sin considerar sub.registro 17/02/2021 hasta el 30/08/2021.

- Ajuste de curva para el modelo SEIR sin considerar factor de sub.registro.

**R<sup>2</sup> = 0.33; intercepto =0; pendiente =0.17; p-valor =0.04**

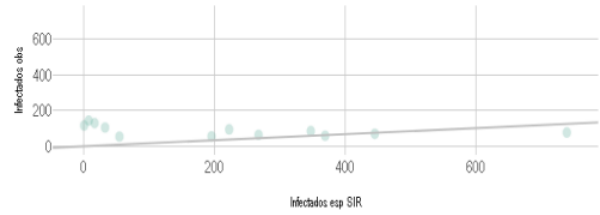


Figura 15: Ajuste de curva desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021.

**Ro: 2.88 Maximo: 4533**

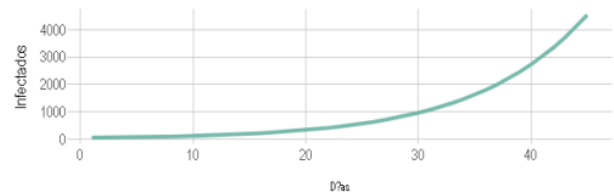


Figura 16: Estimación de cantidad personas que pueden estar infectadas según el modelo SEIR desde 17/02/2021.

**Ro: 2.88 Maximo: 50998**

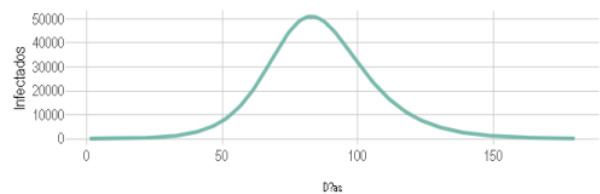


Figura 17: Escenario de pico epidémico del modelo SEIR sin considerar sub.registro

- El ajuste de curva para el modelo SEIR sin considerar factor de sub.registro.

**R<sup>2</sup> = 0.33; intercepto =0; pendiente =0.17; p-valor =0.04**

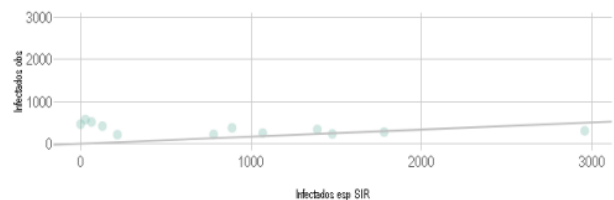


Figura 18: Ajuste de curva desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021.

**Ro: 2.88 Maximo: 15855**

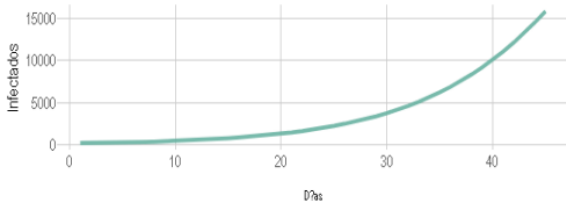


Figura 19: Estimación de cantidad personas que pueden estar infectadas según el modelo SEIR desde 17/02/2021.

**Ro: 2.90 Maximo: 51659**

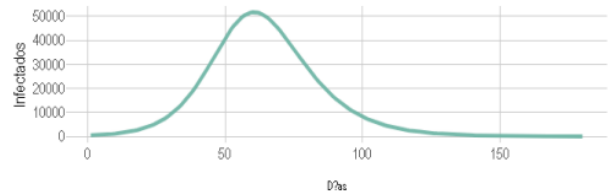


Figura 23: Escenario de pico epidémico del modelo SEIR sin considerando factor de sub.registro = 4

**Ro: 2.88 Maximo: 51208**

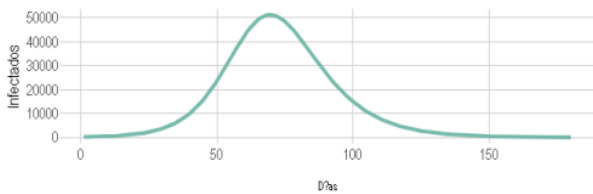


Figura 20: Escenario de pico epidémico del modelo SEIR sin considerando factor de sub.registro = 4

- El ajuste de curva para el modelo SEIR sin considerar factor de sub.registro.

**R<sup>2</sup> = 0.33; intercepto =0; pendiente =0.17; p-valor =0.04**

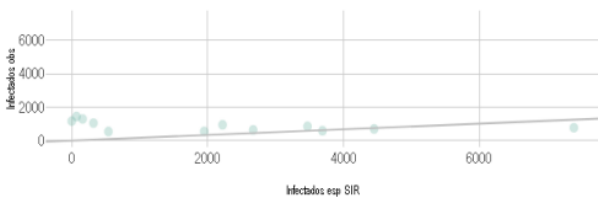


Figura 21: Ajuste de curva desde 17/02/2021 hasta el 30/03/2021.

**Ro: 2.90 Maximo: 31256**

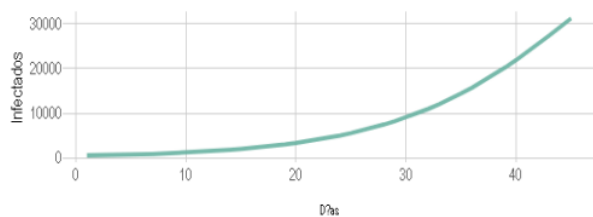


Figura 22: Estimación de cantidad personas que pueden estar infectadas según el modelo SEIR desde 17/02/2021.

### 3.2.1. Análisis del ajuste de curva del modelo SIR y SEIR

- Los valores de los coeficientes de correlación, intercepciones, pendientes y p-valor, para el análisis, sin considerar factor de sub.registro y teniendo en cuenta los sub.registros 4 y 10 estudiados, difieren muy poco, eso es por que el  $R_0$  los restringimos entre 2 y 3. El ajuste de la curva sería perfecto si  $R^2$  y la pendiente se aproximan a 1, lo cual es posible hacer en un periodo de 15 días, pero el  $R_0$  es demasiado alto y la cantidad de infectados es muy grande y no describe como se está comportamiento la epidemia en el Departamento de Concepción.
- Con respecto a las observaciones de cuantas personas son infectadas en 45 días y comparando con la Figura 2 del máximo el que mejor describe es el modelo SIR y SEIR con un factor de sub.registro = 4.
- En cuanto al pico epidémico cuando se podría alcanzar según el modelo SIR como se muestra en la Figura 8 se va tener aproximadamente 39227 personas infectadas en aproximadamente en 71 días y en la Figura 20 el pico epidémico se alcanza en 70 días habrá 51208 personas infectadas por el Covid-19. De las comparaciones realizadas se observa que el modelo SIR y considerando factor sub.registro 4 se describe para la estimaciones de los parámetros para toma de decisiones futuras.

### 3.2.2. Simulación final modelo SIR

- En la gráfica de la simulación final del modelo SIR sin considerar factor de sub.registro nada más sustituimos  $\beta = 0,20758$  en (2.1) - (2.2) y  $\gamma = 0,1$  en (2.2) - (2.3), donde  $S = 250971$ ,  $I = 54$  y  $R = 7520$ .

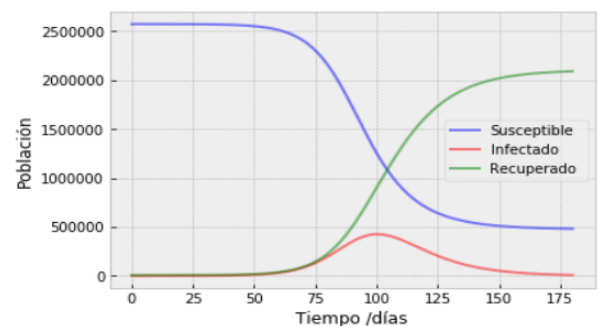


Figura 24: Simulación del modelo SIR sin considerar factor sub.registro.

- En la gráfica de la simulación final del modelo SIR con factor de sub.registro = 4 nada más sustituimos  $\beta = 0,2080292$  en (2.1) - (2.2) y  $\gamma = 0,1$  en (2.2) - (2.3), donde  $S = 250917$ ,  $I = 216$  y  $R = 7520$ .

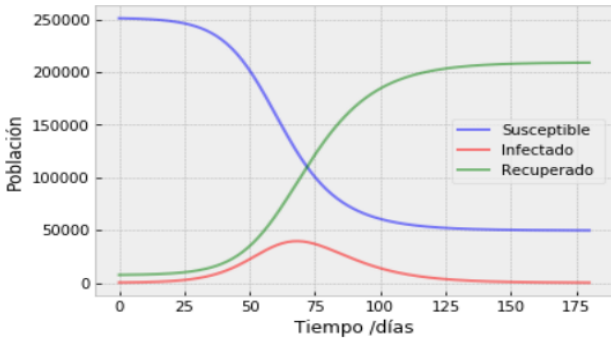


Figura 25: Simulación del modelo SIR con sub.registro = 4.

- En la gráfica de la simulación final del modelo SIR con factor de sub.registro = 4 se sustituyen  $\beta = 0.2080292$  en (2.1) - (2.2) y  $\gamma = 0.1$  en (2.2) - (2.3), donde  $S = 250917$ ,  $I = 216$  y  $R = 7520$ .

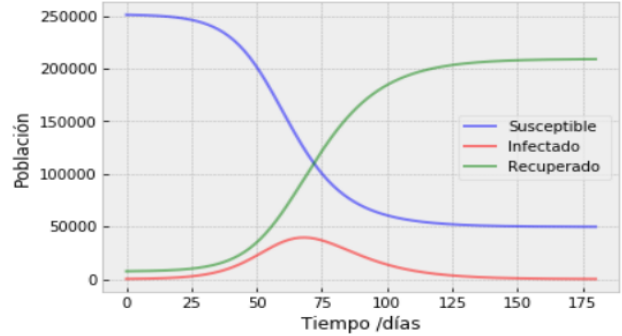


Figura 28: Simulación del modelo SEIR con sub.registro = 4.

- En a gráfica de la simulación final del modelo SIR nada más sustituimos  $\beta = 0,208$  en (2.1) - (2.2) y  $\gamma = 0,1$  en (2.2) - (2.3), donde  $S = 250971$ ,  $I = 216$  y  $R = 7520$ .

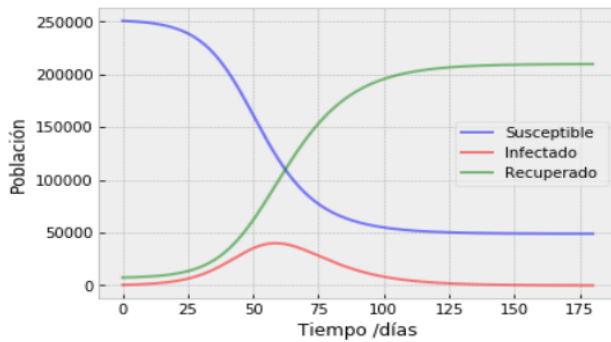


Figura 26: Simulación del modelo SIR con sub.registro = 10.

- En a gráfica de la simulación final del modelo SEIR nada más sustituimos  $\beta = 0,208$  en (2.1) - (2.2) y  $\gamma = 0,1$  en (2.2) - (2.3), donde  $S = 250971$ ,  $I = 216$  y  $R = 7520$ .

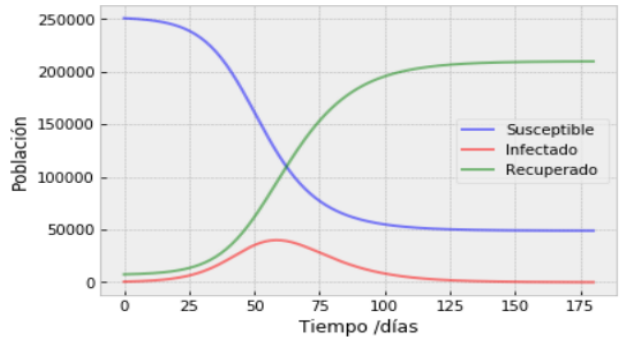


Figura 29: Simulación del modelo SEIR con sub.registro = 10.

- En a gráfica de la simulación final del modelo SIR sin considerar factor de sub.registro nada más sustituimos  $\beta = 0,20758$  en (2.1) - (2.2) y  $\gamma = 0,1$  en (2.2) - (2.3), donde  $S = 250971$ ,  $I = 54$  y  $R = 7520$ .

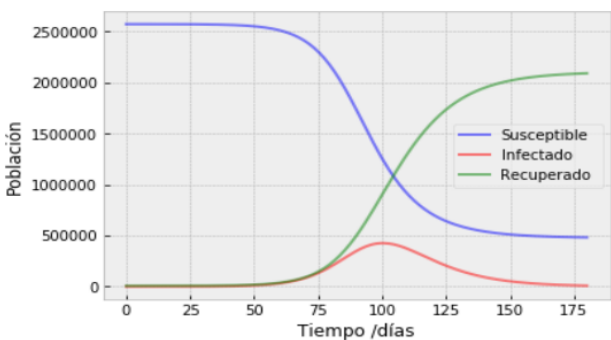


Figura 27: Simulación del modelo SIR sin considerar factor sub.registro.

### 3.2.3. Análisis de la simulación final del modelo SIR y SEIR.

- Según se muestra en las gráficas de las simulaciones finales la cantidad de personas susceptibles siempre van decreciendo, es porque la cantidad de personas que estaba en el compartimento fueron infectado o expuesto y pasando a compartimento, las personas recuperadas las gráficas muestran que tienen un comportamiento creciente, por que para los modelos estudiados no se considera la cantidad de personas fallecidas y nacimientos de nuevas criaturas. Para el casos de las personas expuestas se observa que describe una forma de campana, eso es por que en un momento dado algunas personas están en estado latente y luego pasa al compartimento de los infectados y por último la curva de los infectados va creciendo hasta alcanza un pico máximo de infectados y luego presenta un decreimiento conforme se van recuperando las personas infectadas por el Covid-19.

#### 4. Conclusiones

En conclusión, en este trabajo se ha realizado una implementación de dos modelos matemáticos ampliamente utilizados en el estudio de la propagación de epidemias: el modelo SIR y el modelo SEIR. Estos modelos permiten estimar el número de personas susceptibles, infectadas y recuperadas del COVID-19, y el modelo SEIR también considera a las personas expuestas al virus.

A través de las simulaciones y representaciones gráficas realizadas, se observa que las personas recuperadas aumentan constantemente, mientras que las personas susceptibles disminuyen con el tiempo. En el caso de las personas infectadas, la curva muestra una forma de campana dependiendo de los ajustes realizados en los índices de transmisión y recuperación.

Después de un análisis exhaustivo, se determinó que el modelo SIR con un factor de subregistro igual a 4 proporciona el mejor ajuste de la curva para los casos de infectados en el Departamento de Concepción. Este modelo mostró que, en un período de 60 días, la cantidad de personas infectadas podría llegar a ser de alrededor de 40.026.

Por otro lado, el modelo SEIR indicó que, en un período de 60 días, la cantidad de personas infectadas podría ser de aproximadamente 4.500, sin considerar el factor de subregistro.

Es importante destacar que estos modelos matemáticos son solo una herramienta para comprender la propagación de la epidemia, y se necesita considerar otros factores, como el comportamiento humano y las intervenciones de control, para tomar decisiones efectivas en salud pública.

En resumen, este trabajo representa un avance en el campo médico y tecnológico al utilizar modelos matemáticos para ayudar a las autoridades en la toma de decisiones durante situaciones pandémicas. Se espera que estas investigaciones y análisis contribuyan a prevenir futuras situaciones similares y proteger la salud pública.

#### Referencias

- [1] Apaza, C. M., Sanz, R. S. S., y Arévalo, J. E. S. C. (2020). Factores psicosociales durante el confinamiento por el covid-19–perú. *Revista Venezolana de Gerencia*, 25(90), 402–413.
- [2] Blackwood, J. C., y Childs, L. M. (2018). An introduction to compartmental modeling for the budding infectious disease modeler.
- [3] Boccaro, N., y Cheong, K. (1993). Critical behaviour of a probabilistic automata network sis model for the spread of an infectious disease in a population of moving individuals. *Journal of Physics A: Mathematical and General*, 26(15), 3707.
- [4] Caballero-Domínguez, C. C., y Campo-Arias, A. (2020). Problemas de salud mental en la sociedad: Un acercamiento desde el impacto del covid 19 y de la cuarentena. *Duazary*, 17(3), 1–3.
- [5] Casals, M., Guzmán, K., y Caylà, J. A. (2009). Modelos matemáticos utilizados en el estudio de las enfermedades transmisibles. *Revista española de salud pública*, 83, 689–695.
- [6] Chaple, E. R. B. (2020). La información científica confiable y la covid-19. *Revista Cubana de Información en Ciencias de la Salud (ACIMED)*, 31(3), 1–6.
- [7] Doshi, P. (2011). The elusive definition of pandemic influenza. *Bulletin of the World Health Organization*, 89, 532–538.
- [8] Dye, C., y Gay, N. (2003). Modeling the sars epidemic. *Science*, 300(5627), 1884–1885.
- [9] Estadístico, A. (2003). Instituto nacional de estadísticas. INE Indicadores Bio Demográficos. Pág. 88.
- [10] Estigarribia, P. E. P., Bliman, P.A., & Schaerer, C.E (2021, June). Modelling and control of Mendelian and maternal inheritance for biological control of dengue vectors. In 2021 European Control Conference (ECC) (pp. 333-340). IEEE
- [11] Hernández, F., y Fernández, C. (2010). Baptista. (2014). Metodología de la investigación, 5, 264.
- [12] Hernández-Mesa, N., Hernández Llanes, J., y Llanes Betancourt, C. (2020). Las grandes epidemias de la historia. de la peste de atenas a la covid 19. *Revista Habanera de Ciencias Médicas*, 19(5).
- [13] Hooten, M. B., Anderson, J., y Waller, L. A. (2010). Assessing north american influenza dynamics with a statistical sirs model. *Spatial and spatio-temporal epidemiology*, 1(2-3), 177–185
- [14] Hu, G., y Geng, J. (2020). Heterogeneity learning for sirs model: an application to the covid-19. *arXiv preprint arXiv:2007.08047*.
- [15] Kreibohm, P. (2020). Tres pandemias en la historia. *Relaciones Internacionales*.
- [16] Kuhl, E. (2021). *Computational epidemiology*. Springer.
- [17] Lau, H., Khosrawipour, T., Kocbach, P., Ichii, H., Bania, J., y Khosrawipour, V. (2021). Evaluating the massive underreporting and undertesting of covid-19 cases in multiple global epicenters. *Pulmonology*, 27(2), 110–115.
- [18] Marathe, M., y Vullikanti, A. K. S. (2013). *Computational epidemiology*. *Communications of the ACM*, 56(7), 88–96.
- [19] Mello-Roman, J. D., & Hernández, A. (2020). KPLS optimization with nature-inspired metaheuristic algorithms. *IEEE Access*, 8, 157482–157492
- [20] Montesinos-López, O. A., y Hernández-Suárez, C. M. (2007). Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud pública de México*, 49(3), 218–226.
- [21] Ng, L. F., y Hiscox, J. A. (2020). Coronaviruses in animals and humans (Vol. 368). *British Medical Journal Publishing Group*.
- [22] Ngonghala, C. N., Iboi, E., Eikenberry, S., Scotch, M., MacIntyre, C. R., Bonds, M. H., y Gumel, A. B. (2020). Mathematical assessment of the impact of non-pharmaceutical interventions on curtailing the 2019 novel coronavirus. *Mathematical biosciences*, 325, 108364.
- [23] Peirlinck, M., Linka, K., Sahli Costabal, F., y Kuhl, E. (2020). Outbreak dynamics of covid-19 in china and the united states. *Biomechanics and modeling in mechanobiology*, 19(6), 2179–2193
- [24] Pérez-Estigarribia, P. E. (s.f.). Dinámica temprana de covid-19 en Paraguay. *reporte técnico, semana*.
- [25] Ramírez, A. E. N. (1996). Aplicación de algunos modelos matemáticos a la toma de decisiones. *Política y Cultura* (6), 183–198.
- [26] Repetto, G. (2006). Avian and human influenza: past, present and future. *Revista chilena de pediatría*, 77(1), 12–19.
- [27] Rosselli, D., Yucumá, D., Rodríguez-Morales, A. J., y Esposito, S. (2020). Could sars-cov-2/covid19 simply fade away. *Infez Med*, 28.
- [28] Samaniego, A., Urzúa, A., Buenahora, M., y Vera-Villarroel, P. (2020). Sintomatología asociada a trastornos de salud mental en trabajadores sanitarios en paraguay: efecto covid-19. *Revista Interamericana de Psicología/Interamerican Journal of Psychology*, 54(1), e1298–e1298
- [29] Shin, H. H., Sauer Ayala, C., Perez-Estigarribia, P., Grillo, S., Segovia-Cabreea, L., García-Torres, M., ... & De Los Santos, E. (2021). A Mathematical Model for COVID-19 with Variable Transmissibility and Hospitalizations: A Case Study in Paraguay. *Applied Sciences*, 11 (20), 9726
- [30] Tornatore, E., Vetro, P., y Buccellato, S. M. (2014). Sivr epidemic model with stochastic perturbation. *Neural Computing and Applications*, 24(2), 309–315.
- [31] Van den Driessche, P. (2017). Reproduction numbers of infectious disease models. *Infectious Disease Modelling*, 2(3), 288