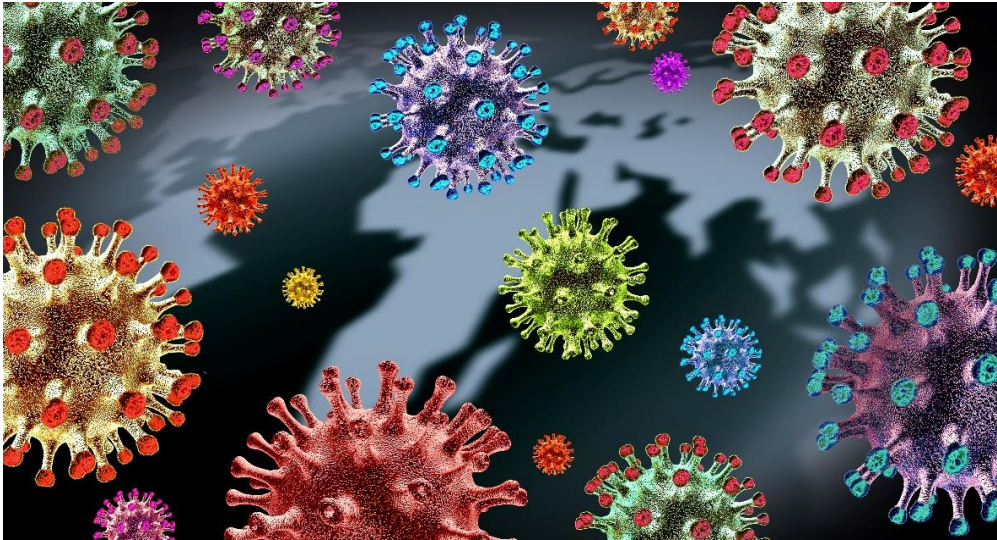




Un modelo matemático simula el impacto de nuevas variantes y vacunas del SARS-CoV-2

- Forma parte de la familia de modelos de tipo θ -SIR y ha sido desarrollado, tomando Italia como referencia, por la Universidad Complutense de Madrid y la Universidad de Almería.
- Además de estas variables, tiene en cuenta otros parámetros como casos no detectados, medidas de control y fases de la enfermedad.



El modelo asume escenarios en los que aparecen nuevas variantes. / Shutterstock.

UCC-UCM, 7 de julio. El grupo de investigación MOMAT de la Universidad Complutense de Madrid, en colaboración con la Universidad de Almería, ha desarrollado un modelo matemático que permite simular el impacto de las variantes y vacunas del SARS-CoV-2 junto con muchos otros procesos biológicos y sociales en la propagación de la COVID-19.

La herramienta puede [descargarse](#) de forma libre y gratuita y aplicarse a cualquier territorio. Forma parte de la familia de modelos llamados de tipo θ -SIR, inicialmente desarrollados por el propio grupo de [investigación MOMAT](#) antes de la entrada de nuevas variantes y del desarrollo de las vacunas.

“El modelo permite estimar, por primera vez, cuál podría ser la dinámica de la propagación de la enfermedad. Para ello, se asumen escenarios en los que se cuantifican incertidumbres como la aparición de nuevas variantes o la evolución del ritmo de vacunación, en base a los datos y nuevos conocimientos que van surgiendo”, destaca Ángel Manuel Ramos, director del [Instituto de Matemática Interdisciplinar](#) (IMI) de la UCM.

Además de los mencionados, el modelo tiene en cuenta otros parámetros, como las distintas fases de la enfermedad, los casos no detectados, o el impacto de las medidas de control, entre otros.

Vigilar el número de reproducción de variantes a la par que el global

El artículo que acaban de publicar en *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, desarrollando y validando el modelo, se escribió en enero de 2021 y se tomaron como referencia los datos de Italia, con la entrada de la entonces llamada variante británica (ahora alpha) y el ritmo de vacunación previsto esos días en el país con las vacunas de Pfizer-BioNTech y Moderna. En aquel momento, el modelo estimó que, tal y como se confirmó después, el ritmo de inyección era insuficiente ante la nueva variante, para evitar una nueva ola.

Los investigadores destacan que las previsiones de las conclusiones publicadas en enero se han cumplido, tal y como se muestra en los datos actualizados que han recogido de los primeros seis meses del año y que han incluido como nota en el anexo del artículo. Si bien es cierto que la incidencia es inferior a enero y el porcentaje de inmunizados es mayor, los expertos recuerdan la teoría inicial: una nueva variante puede poner en riesgo la eficacia del ritmo de vacunación para evitar una nueva ola.

En términos epidemiológicos, se persigue que el número de reproducción efectivo de la enfermedad (R_e) sea inferior a 1. El modelo advierte de que esto no es suficiente, puesto que, aunque R_e sea inferior a 1, el número de reproducción de una variante concreta ($R_e^{(v)}$) puede ser superior, a pesar de que el global de la epidemia sea menor que 1. En ese caso, habría que aumentar el ritmo de vacunación y potenciar las medidas de seguridad.

"Nuestro modelo sigue siendo útil, muy particularmente en el estado de incertidumbre actual con respecto a la variante delta. Con esta variante puede pasar como con la variante alpha, es decir, que el número de reproducción efectivo sea mayor a 1, conduciendo la pandemia a una posible nueva ola, a pesar de que las cifras actuales están descendiendo", añade Ramos.

Por eso, insiste, "es muy importante llevar a cabo en todo momento un seguimiento riguroso de la evolución del número de afectados con cualquier nueva variante que sea potencialmente más peligrosa e incrementar el ritmo de vacunación cuanto antes".

Modelo premiado en constante actualización

Por su parte, la investigadora de la Universidad de Almería, Miriam Ruiz Fernández, perteneciente al grupo de investigación Supercomputación-Algoritmos, asegura que "en los escenarios simulados (y, por tanto, suponiendo ciertas las hipótesis sobre la variante alpha y la campaña de vacunación) se muestra que el ritmo actual de vacunación sería suficiente para erradicar la enfermedad, siempre y cuando se mantengan medidas de control restrictivas durante un periodo prolongado de tiempo. Por el contrario,

si se relajan las medidas de control, el ritmo actual de vacunación puede no ser suficiente para evitar una nueva ola”.

No obstante, Ruíz destaca que “estos escenarios se simularon para enviar el trabajo a finales de mayo, cuando la variante alpha era la predominante y que en la situación actual, ante la aparición de nuevas variantes como la delta, estamos trabajando en nuevos escenarios en los que debemos incorporar sus características para obtener resultados actualizados”.

Para dar a conocer sus resultados, los expertos han publicado [un vídeo divulgativo](#) en el que explican esta investigación. Además, el pasado 17 de junio, el Consejo Social de la UCM galardonó a este grupo en los [Premios COVID-19](#) en la categoría de Investigación por el proyecto “Los modelos matemáticos como herramienta clave en la lucha contra la pandemia de COVID-19”.

Referencia bibliográfica: A. M. Ramos, M. R. Ferrández, M. Vela-Pérez, A.B. Kubik, B. Ivorra. “Modeling the impact of SARS-CoV-2 variants and vaccines on the spread of COVID-19.” *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*. 102 (2021), 105937. DOI [10.1016/j.cnsns.2021.105937](https://doi.org/10.1016/j.cnsns.2021.105937). Preprint en *ResearchGate*. Enero 2021. DOI link: [10.13140/RG.2.2.32580.24967/2](https://doi.org/10.13140/RG.2.2.32580.24967/2).