

Mutación y competencia entre cepas de SARS-CoV-2 bajo vacunación en un modelo SIR modificado

A. Ledesma-Araujo^{1*}, M. Ahumada², Leonardo Gordillo¹, Juan F. Marín¹

¹Departamento de Física, Facultad de Ciencia, Universidad de Santiago de Chile, Santiago, Chile.

²Departamento de Física, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.

*angelo.ledesma@usach.cl

Resumen

La crisis provocada por el brote de COVID-19 en todo el mundo ha originado una creciente preocupación por la continua aparición de variantes (SARS-CoV-2) capaces de evadir y resistir a la respuesta inmunitaria proporcionada por las vacunas. Las variantes van aumentando debido a la mutación y, a medida que se acumulan los casos, esto aumenta la probabilidad de que surja una nueva variante de preocupación [1,2]. En esta investigación, proponemos un modelo SIR modificado con inmunidad menguante que captura la competencia de dos cepas de una enfermedad infecciosa bajo el efecto de vacunación. Consideramos una clase de cepa altamente contagiosa y mortal que surge de una cepa anterior debido a una mutación. Cuando estas cepas compiten por un suministro limitado de individuos susceptibles, los cambios en la eficiencia de las vacunas pueden afectar la evolución de la enfermedad en una manera no trivial. Estudiamos el espacio de parámetros del sistema, considerando la tasa de nacimiento, de muerte e incluyendo características intrínsecas de la enfermedad y usando las eficiencias de la vacuna como parámetros de control. Encontramos diferentes tipos de bifurcaciones transcíticas entre puntos fijos endémicos y un equilibrio libre de enfermedad e identificamos una región de competencia entre cepas donde estas coexisten durante un periodo transitorio. Demostramos que una cepa puede extinguirse ya sea por competencia entre cepas o por vacunación, y obtenemos los valores críticos de la eficiencia de las vacunas para erradicar la enfermedad.

En las simulaciones numéricas usamos parámetros y condiciones iniciales basándonos en información pública de la pandemia de COVID-19 [3]. Estos resultados numéricos son concordantes con los resultados teóricos de nuestro modelo SIR. Concluimos, que nuestro modelo matemático podría ser una herramienta útil para evaluar cuantitativamente las políticas de vacunación contra cepas competidoras emergentes.

Agradecimientos: Se agradece a ANID/21211330 por el financiamiento de mis estudios de posgrado.

Referencias

- [1] I. Cooper, A Mondal y C. G. Antonopoulos, A SIR model assumption for the spread of COVID-19 in different communities, *Chaos, Solitons & Fractals* **139**, 110049 (2020)
- [2] M. J. Keeling y P. Rohani, *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. NJ: Princeton University Press (2008)
- [3] M. Roser, H. Ritchie y E. Ortiz-Ospina, Coronavirus disease (COVID-19) - Statistics and research, Our World in Data, <https://ourworldindata.org/coronavirus> (2020)