Revisión de tema

Aplicabilidad en Suramérica de escenarios de progresión de la infección por SRAS-CoV-2

Applicability in South America of SARS-CoV-2 infection progression scenarios

Gilberto Antonio Bastidas Pacheco¹✉, Daniel Alejandro Bastidas Delgado²

Fecha correspondencia:

Recibido: abril 8 de 2020.

Revisado: mayo 14 de 2020.

Aceptado: mayo 18 de 2020.

Forma de citar:

Bastidas Pacheco GA, Bastidas Delgado DA. Aplicabilidad en Suramérica de escenarios de progresión de la infección por SRAS-CoV-2. Rev CES Med. 2020; Especial COVID-19: 1-7.

[Open access](#)

[© Derecho de autor](#)

[Licencia creative commons](#)

[Ética de publicaciones](#)

[Revisión por pares](#)

[Gestión por Open Journal System](#)

DOI: [http://dx.doi.org/10.21615/](http://dx.doi.org/10.21615/cesmedicina.34.COVID-19.1)

[cesmedicina.34.COVID-19.1](#)

ISSN 0120-8705

e-ISSN 2215-9177

Sobre los autores:

1. Doctor en Parasitología,
Departamento de Salud Pública y
Centro de Investigaciones Médicas
y Biotecnológicas, Facultad

[Comparte](#)

Resumen

El brote epidémico por SRAS-CoV-2 y la enfermedad ocasionada, COVID-19, en poco tiempo se transformó en una emergencia de salud pública internacional que progresó rápidamente a pandemia con severo impacto sobre la salud y la economía de los países afectados. El objetivo del presente escrito es describir los escenarios epidemiológicos de progresión de la infección definidos y aplicables como marcos iniciales de la dinámica de transmisión de la enfermedad a Suramérica, salvando sus particularidades poblacionales, en la lucha por controlar la pandemia. Se trata de un estudio documental de revisión de la literatura especializada. Del análisis de esta información resultan dos secciones a saber: modelos epidemiológicos en infecciones y, escenarios de progresión de la pandemia de SRAS-CoV-2. Se concluye que los escenarios epidemiológicos de progresión de la infección de unas regiones pueden transpolarse a otras como marco para el control de la pandemia, salvando las particularidades de cada población en cuanto a características individuales, culturales, económicas y sanitarias.

Palabras clave: Coronavirus; COVID-19; Escenarios epidemiológicos; Pandemia; Control; Suramérica.

Abstract

The SARS-CoV-2 epidemic outbreak soon developed into an international public health emergency that rapidly progressed to a pandemic with severe impact on the health and economies of affected countries. The objective of this paper is to describe the epidemiological scenarios of the progression of the infection defined and applicable as initial frameworks of the dynamics of transmission of the disease to South America, saving its population particularities, in the fight to control the pandemic. This is a review of the specialized literature. The analysis of the information results in two sections: epidemiological models in infections and, scenarios of progression of the SARS-CoV-2 pandemic. It is concluded that the epidemiological scenarios of progression of the infection in some regions can be transposed to others as a framework for the control of the pandemic, saving the particularities of each population in terms of individual, cultural, economic and health characteristics.

Keywords: Coronavirus; COVID-19; Epidemiological scenarios; Pandemic, control; South America.

de Ciencias de la Salud,
Universidad de Carabobo,
Venezuela.

2. Estudiante de Medicina,
Escuela de Medicina,
Facultad de Ciencias de
la Salud, Universidad de
Carabobo, Venezuela.

El empleo de escenarios de progresión de la infección por coronavirus inicialmente descritos para países europeos con sólidos sistemas de salud, sirve de marco inicial para descifrar el comportamiento de la pandemia en los países de Suramérica.

Introducción

La infección por coronavirus en humanos es poco frecuente, ya que, estos virus infectan más comúnmente a animales. En seres humanos la infección por coronavirus puede ocasionar fiebre, dificultad respiratoria e infección pulmonar (neumonía) (1,2). Ahora bien, la frecuencia de infección por coronavirus en humanos se vio incrementada en China a partir del 29 de diciembre de 2019, cuando se reportaron pacientes con neumonía en la localidad de Wuhan, provincia de Hubei, causada por un nuevo miembro de esta familia de virus y que la Organización Mundial de la Salud (OMS) nombró como SRAS-CoV-2 (coronavirus de tipo 2 causante del síndrome respiratorio agudo severo). Se trata de un virus tipo ARN con alta tasa de mutación y de re-arreglo genético perteneciente a la familia *Coronaviridae* y al orden *Nidovirales* (3-5).

En poco tiempo, el brote epidémico de coronavirus se transformó en una emergencia de salud pública internacional que progresó rápidamente a pandemia con severo impacto sobre la salud humana y la economía de los países afectados, y es aquí que tienen cabida las estrategias nacionales de prevención y control en la población con casos de la enfermedad y en la población general sana, en el marco de los escenarios epidemiológicos de progresión de la epidemia, tales como los reportados para países de la Unión Europea (6-8).

Para Suramérica, integrada por 12 países, resulta particularmente importante la definición de la progresión de la pandemia como marco para la planificación sanitaria, en procura de limitar o amortizar el daño que el SRAS-CoV-2 pueda ocasionar a la población y a su economía (4,8-10).

El empleo de escenarios de progresión de la infección por coronavirus inicialmente descritos para países europeos con sólidos sistemas de salud, sirve de marco inicial para descifrar el comportamiento de la pandemia en los países de Suramérica que, aunque han tenido avances históricos en materia sanitaria, también muestran diferencias derivadas del desigual desarrollo económico que experimentan y de sus determinantes sociales de la salud, que tienen incidencia directa sobre eventos prevenibles (11-13).

Metodología

Esta es una revisión documental de artículos a partir de descriptores o palabras clave en bases de datos en línea como Biorxiv, Medrxiv, ChemRxiv, Google Scholar y PubMed. La revisión bibliográfica incluyó documentos originales publicados hasta marzo de 2020, a través del método doble ciego independiente. Luego de analizada la información, las ideas relevantes en torno a escenarios de progresión de la infección por SRAS-CoV-2 fueron agrupadas en tres secciones con el objetivo de facilitar la lectura: modelos epidemiológicos en infecciones, escenarios de progresión de la epidemia y, conclusiones.

Modelos epidemiológicos en infecciones

El riesgo de infección de una población lo determinan las características biológicas del virus y del individuo susceptible, con la clara participación de factores ambientales y sociales, en lo que se define como dinámica de transmisión el sustento de los modelos epidemiológicos, y que son diferentes para cada tipo de enfermedad, pues la transmisión puede ser *horizontal*, es decir, directa (de individuo susceptible a sano) e *indirecta* (a través de vehículos o vectores) o *vertical* (congénita). La enfermedad puede ser causada por virus, bacterias, hongos o parásitos; los agentes infecciosos

pueden evolucionar y adaptarse a las condiciones a las que están expuestos (mutaciones); el sistema inmunitario sufrir modificaciones; las comorbilidades (hipertensión (OR: 2,3), diabetes (OR: 2,5), enfermedad cardiovascular (OR: 2,9), enfermedad cerebrovascular (OR: 3,9) y enfermedad pulmonar obstructiva crónica (OR: 5,9) pueden causar síntomas y mortalidad desproporcionadamente más graves en relación con aquellos que no la padecen; el incremento del número de casos o nueva aparición de una enfermedad puede deberse a la invasión de ecosistemas o degradación del medio-ambiente; y las epidemias o pandemias verse favorecidas por la continua y rápida movilización de personas entre localidades, países y continentes (14-16).

Los problemas sanitarios reales se constituyen en la base del crecimiento exponencial que ha experimentado el campo de la Epidemiología teórica, toda vez que permiten conocer los mecanismos de transmisión involucrados en el origen de alguna enfermedad, con la participación o desarrollo de modelos matemáticos para explicar la propagación poblacional, a partir de la premisa que el curso de una epidemia lo define la tasa de contacto entre individuos susceptibles e infectados, un concepto clave de la epidemiología matemática y que, sin duda, permite identificar escenarios de progresión de las epidemias, especialmente a partir del desarrollo de postulados tan importantes como el teorema del umbral, en el que se indica que la densidad de individuos susceptibles debe superar un valor crítico para que pueda producirse un brote epidémico, de allí que desde las primeras epidemias se sugieran como medidas de control primaria y básica la cuarentena y el aislamiento poblacional, lo que actualmente se realiza (15-17).

La forma en que se propagan las enfermedades de una población a otra implica un complejo proceso dependiente de factores sociales, económicos y ambientales que pueden ser distintos entre los grupos de personas.

Son varios los aspectos que deben considerarse en la estimación de escenarios de progresión de una enfermedad transmisible, para nada definitivos o invariables (oscilaciones en la densidad de población susceptible y propagadora), porque la forma en que se propagan las enfermedades de una población a otra implica un complejo proceso dependiente de factores sociales, económicos y ambientales que pueden ser distintos entre los grupos de personas. En este sentido, en Suramérica cobra vital valor la consideración de las migraciones internas y entre los países (con escasa planificación u orden), los sistemas de transporte público (con grandes deficiencias), y el acatamiento de las cuarentenas y su duración (algunas largas que superan por mucho los 60 días y con limitación extrema de la movilidad). No obstante, los escenarios existentes allanan el camino en la descripción de las particularidades que caracterizan la epidemia en otra localidad, país o continente, por el camino ya recorrido en el entendimiento de la dinámica de transmisión en la búsqueda de control o resolución del problema sanitario que motivo su diseño (14,18-20).

Escenarios de progresión de la pandemia de COVID-19

La naturaleza gregaria del ser humano ha hecho inevitable la recurrencia de epidemias a lo largo de la historia; por tanto, es crucial en la toma de medidas preventivas y de control la investigación de las causas y de la propagación de las enfermedades infectocontagiosas. La determinación de la forma o curso de las epidemias, sin importar si se trata de países con sistemas de salud consolidados o no tanto, debe considerar la susceptibilidad, transmisión e inmunidad en el intento por acercarse a lo óptimo en materia de control epidemiológico, especialmente en enfermedades emergentes, como la causada por SARS-CoV-2 (21, 22).

Usualmente, se acogen modelos matemáticos (escenarios) para determinar la dinámica de crecimiento del número de infectados, pues exponen el umbral a partir del cual por sí mismos disminuye o incrementa el número de contagios, y se constituye

en la base del abordaje sanitario. En el contexto de la pandemia de COVID-19 para aplicación en la Unión Europea con modelos matemáticos como base y con la matriz FODA (fortalezas, oportunidades, debilidades y amenazas) como herramienta de análisis (que alienta el pensamiento estratégico en el análisis situacional para un claro diagnóstico del evento problema previo a la toma de decisiones para resolverlo, ya que permite clarificar y resumir las principales variables involucradas), se prevén cuatro escenarios de progresión de la infección por COVID-19 que, por supuesto, pueden ser aplicables a otros continentes previo ajuste al contexto socio-cultural (21-24).

Los escenarios descritos son (22):

1. Cadenas de transmisión esporádicas y cortas.
2. Transmisión sostenida localizada.
3. Transmisión sostenida generalizada con creciente presión sobre el sistema de asistencia sanitaria y,
4. Transmisión sostenida generalizada con sobrecarga del sistema de salud.

Se prevén cuatro escenarios de progresión de la infección por COVID-19 que pueden ser aplicables a otros continentes previo ajuste al contexto socio-cultural:

1. Cadenas de transmisión esporádicas y cortas.
2. Transmisión sostenida localizada.
3. Transmisión sostenida generalizada con creciente presión sobre el sistema de asistencia sanitaria y,
4. Transmisión sostenida generalizada con sobrecarga del sistema de salud.

De esta manera, los escenarios de transmisión se caracterizan, el primero por transmisión limitada a grupos derivado de casos importados; en el segundo, en la mayoría de los casos la transmisión es local en lugar de originarse de casos importados con tres o más generaciones de transmisión en al menos tres grupos distintos de la población pero bien definidos dentro del país; en el tercero, los brotes localizados se fusionan, existe dificultad para distinguir casos nuevos de los existentes y se incrementa la presión sobre el sistema sanitario; y en el cuarto escenario se ve seriamente sobrepasada la capacidad de respuesta del sector sanitario del país (insuficientes camas en emergencia, hospitalización y unidad de cuidados intensivos) con serio compromiso en la seguridad y resguardo de la propia salud del personal sanitario (21,22).

Los países suramericanos -la mayoría con sistemas sanitarios no consolidados- pueden verse inmersos en los mismos escenarios de progresión de la infección por SRAS-CoV-2 descrito para países europeos, con variaciones derivadas de su contexto cultural y desarrollo económico. En este sentido, los escenarios no son necesariamente progresivos o iguales para cada país; por el contrario, los países pueden encontrarse en diferente estadio e incluso saltarse algunos y progresar directamente al siguiente, diferencia que puede también observarse dentro de regiones sanitarias de un mismo país (21-23).

Esta consideración de los escenarios europeos de progresión de la enfermedad como marco epidemiológico de inicio válido para los países de Suramérica, se sustenta en el antecedente de las epidemias de influenza en que su dinámica de transmisión, con las diferencias poblacionales esperadas, resultaron adecuadas para el control de estas enfermedades en esas regiones y en donde la infección primaria puede ser asintomática, producir enfermedad leve o causar la muerte. Asimismo, tiene asidero el empleo en Suramérica de escenarios de progresión de la infección por coronavirus no originados en la región en la necesidad de afrontar perentoriamente la enfermedad por su rápida propagación mundial y los graves efectos económicos que generan al paciente, su familia y país, porque no hay tiempo para dilaciones (22-25).

Conclusiones

El carácter pandémico de la infección por SRAS-CoV-2 caracterizado por su rápida propagación obligó en la lucha por su control a la rápida identificación de su dinámica de transmisión y a la descripción de los escenarios de progresión de la infección con base en los conocimientos de la epidemiología, de los modelos matemáticos en la determinación de la dinámica de crecimiento de infectados y de herramientas de análisis situacional tales como la matriz FODA, escenarios que pueden transpolarse a distintas regiones como marco epidemiológico, salvando las particularidades de cada población en cuanto a características individuales, culturales, económicas y sanitarias.

Conflicto de intereses

No se declaran por los autores.

Bibliografía

1. WMHC. Wuhan Municipal Health and Health Commission's Briefing on the Current Pneumonia Epidemic Situation in Our City. [en línea] 2020. [citada 2020 marzo 3]. Hallado en URL: <http://wjw.wuhan.gov.cn/front/web/showDetail/2019123108989>.
2. CDC. 2019 Novel coronavirus, Wuhan, China. [en línea] 2020. [citada 2020 abril 3]. Hallado en URL: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-nCoV/summary.html>.
3. Zhu N, Zhang D, Wang W, Li X, Yang B, Song J, et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. N Engl J Med. 2020; 382: 727-733. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001017>.
4. Adhikari SP, Meng S, Wu YJ, Mao YP, Ye RX, Wang QZ, et al. Epidemiology, causes, clinical manifestation and diagnosis, prevention and control of coronavirus disease (COVID-19) during the early outbreak period: a scoping review. Infect Dis Poverty. 2020; 9(1): 29. <https://doi.org/10.1186/s40249-020-00646-x>.
5. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. Lancet. 2020; 395: 497-506. [http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5).
6. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia. N Engl J Med. 2020; 382: 1199-1207. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001316>.
7. Palacios M, Santos, E, Velázquez M, León M. COVID-19, una emergencia de salud pública mundial. Rev Clin Esp. 2020. <https://doi.org/10.1016/j.rce.2020.03.001>.
8. WHO. Novel Coronavirus-China. [en línea] 2020. [citada 2020 abril 4]. Hallado en URL: <https://www.who.int/csr/don/12-january-2020-novel-coronavirus-china/en/>.
9. Mahase E. China coronavirus: WHO declares international emergency as death toll exceeds 200. BMJ. 2020; 368:m408. <http://dx.doi.org/10.1136/bmj.m408>.
10. Zhou P, Yang X-L, Wang X-G, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. Nature. 2020. <http://dx.doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>.

Los escenarios no son necesariamente progresivos o iguales para cada país; por el contrario, los países pueden encontrarse en diferente estado e incluso saltarse algunos y progresar directamente al siguiente, diferencia que puede también observarse dentro de regiones sanitarias de un mismo país.

11. Herrero M. Moving towards South-South International Health: debts and challenges in the regional health agenda. *Cien Saude Colet*. 2017; 22(7):2169-2174. <https://doi.org/10.1590/1413-81232017227.03072017>.
12. Chen Y, Liu Q, Guo D. Emerging coronaviruses: Genome structure, replication, and pathogenesis. *J Med Virol*. 2020; 92: 418-423. <http://dx.doi.org/10.1002/jmv.25681>.
13. Moorthy V, Henao A, Preziosi MP, Swaminathan S. Data sharing for novel coronavirus (COVID-19). *Bull World Health Organ*. 2020; 98:150. <http://dx.doi.org/10.2471/BLT.20.251561>.
14. Wang B, Li R, Lu Z, Huang Y. Does comorbidity increase the risk of patients with COVID-19: evidence from meta-analysis. *Aging (Albany NY)*. 2020; 12(7):6049-6057. <https://doi.org/10.18632/aging.103000>.
15. Thomas D, Sturdivant R, Dhurandhar N, Debroy S. A primer on COVID-19 Mathematical Models. *Obesity (Silver Spring)*. 2020. <https://doi.org/10.1002/oby.22881>.
16. Sánchez F, Miramontes P, Gutiérrez J. Clásicos de la Biología Matemática. Siglo XXI. Primera edición 2002.
17. Zaman G, Jung I, Torres DFM, Zeb A. Mathematical Modeling and Control of Infectious Diseases. *Comput Math Methods Med*. 2017;2017:7149154. <https://doi.org/10.1155/2017/7149154>.
18. Brinks R, Hoyer A. Illness-death model: statistical perspective and differential equations. *Lifetime Data Anal*. 2018; 24(4):743-754. <https://doi.org/10.1007/s10985-018-9419-6>.
19. Liu Z, Huang S, Lu W, Su Z, Yin X, Liang H, et al. Modeling the trend of coronavirus disease 2019 and restoration of operational capability of metropolitan medical service in China: a machine learning and mathematical model-based analysis. *Glob Health Res Policy*. 2020; 5(20). <https://doi.org/10.1186/s41256-020-00145-4>.
20. Rojas-Vallejos J. Strengths and limitations of mathematical models in pandemicthe case of COVID-19 in Chile. Fortalezas y limitaciones de los modelos matemáticos en las pandemias: el caso de COVID-19 en Chile. *Medwave*. 2020; 20(3):e7876. <https://doi.org/10.5867/medwave.2020.03.7874>.
21. Yan A, Black A, McCaw J, Rebuli N, Ross J, Swan A, et al. The distribution of the time taken for an epidemic to spread between two communities. *Math Biosci*. 2018; 303:139-147. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2018.07.004>.
22. Johnson H, Gossner C, Colzani E, Kinsman J, Alexakis L, Baute J, et al. Potential scenarios for the progression of a COVID-19 epidemic in the European Union and the European Economic Area, March 2020. *Euro Surveill*. 2020; 25(9): pii=2000202. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.9.2000202>.

23. Rothan H, Byrareddy S. The epidemiology and pathogenesis of coronavirus disease (COVID-19) outbreak. *J Autoimmun.* 2020; 109:102433. <https://doi.org/10.1016/j.jaut.2020.102433>.
24. Perlman S. Another decade another coronavirus. *N Engl J Med.* 2020; 382: 760-762. <http://dx.doi.org/10.1056/NEJMe2001126>.
25. Wu J, Leung K, Leung G. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. *Lancet.* 2020; 395(10225): 689-697. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30260-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30260-9).