

# Modelo matemático de una epidemia o la práctica de la interdisciplina al servicio de la salud

DAVID TUSIE LUNA  
ADÁN FERMÍN CASTRO AÑORVE

Se presenta un modelo basado en agentes (MBA), una herramienta matemática propia de la teoría de los sistemas complejos, para describir la posible evolución de enfermedades contagiosas tipo COVID-19. En particular, se consideraron las siguientes observaciones: las variantes que fueron apareciendo hacia el segundo semestre de 2021 eran cada vez más contagiosas y al mismo tiempo menos letales, con períodos sintomáticos cada vez más cortos y, en general, los recuperados y las vacunas brindaron un período de inmunidad más corto del que se hubiera esperado originalmente. Para el modelo computacional lo anterior se tradujo en simular tiempos más cortos de inmunidad y, a partir de cierto momento en adelante, ir aumentando la infectividad y disminuyendo el período sintomático, lo que provoca una disminución de la virulencia. Lo anterior permitió obtener comportamientos plausibles que pueden servir en la prospección de epidemias con características de transmisión y prevención semejantes a las de COVID-19 en el lapso descrito arriba.

**PALABRAS CLAVE:** modelo basado en agentes, COVID-19, modelos matemáticos, epidemias, inmunidad

## Mathematical model of an epidemic or the practice of interdisciplinarity in the service of health care

An agent-based model (ABM), a mathematical tool that pertains to the theory of complex systems, is presented to describe the possible evolution of COVID-19 type contagious diseases. In particular, the following observations were considered: the variants that appeared in the second half of 2021 were observed to be increasingly contagious and at the same time less lethal, with increasingly shorter symptomatic periods and, in general, recoveries and vaccines provided a shorter period of immunity than would have been originally expected. For the computational model, this translated into simulating shorter immunity periods and, from a certain moment onwards, increasing infectivity and decreasing the symptomatic period, causing a decrease in virulence. The former enabled obtaining plausible behaviors that can be used in the prospection of epidemics with transmission and prevention characteristics similar to those of COVID-19 in the period described above.

**Keywords:** agent-based modelling, COVID-19, mathematical models, epidemic diseases, immunity



## Introducción

La emergencia sanitaria por COVID-19 produjo impactos severos a la salud pública, la economía y la sociedad. Los efectos de la pandemia se han descrito como característicamente negativos, pero toda crisis trae consigo oportunidades nacidas en la necesidad de coordinar esfuerzos en múltiples sectores y campos del conocimiento. Un factor común en los sistemas de organización social durante la pandemia (no sólo el sector sanitario) es la necesidad de contar con herramientas para la toma de decisiones que con frecuencia son descritas como “complejas”. En la pan-

demia pueden observarse muchas características propias de los sistemas complejos: un alto grado de incertidumbre a partir de reglas “simples”, interconexión e interdependencia de variables en varias escalas, formación de patrones de retroalimentación, producción de datos en volúmenes grandes y escalas temporales breves, entre otras descritas en la literatura.

Los modelos matemáticos y computacionales constituyen un conjunto de herramientas para estudiar y contender contra estas problemáticas con distintos grados de éxito; sin embargo, emergencias como

---

la asociada a la COVID-19 exigen respuestas cada vez más rápidas, robustas y con mayor capacidad predictiva. El estudio de la pandemia “en tiempo real” es en sí mismo un catalizador para la formulación de preguntas de investigación sobre problemáticas particulares en cuyo ejercicio es pertinente, para resolverlas, la combinación de métodos de modelización, teniendo en cuenta, además, que la generación continua de datos epidemiológicos exige cambios recurrentes en los mismos modelos.

En este artículo presentaremos, a grandes rasgos, los escenarios planteados con lo que se sabía hasta junio de 2021 para explorar en el *Epidemic-Lab* (véase Tusie, 2022) el comportamiento de la pandemia y los esfuerzos de contención bajo distintos posibles escenarios y se complementará con datos que recaban los sucesos registrados durante el segundo semestre de ese año como la aparición de variantes que en términos generales podemos modelar como una disminución paulatina de la virulencia a cambio de un aumento, también paulatino, en la infectividad y, como consecuencia, la reducida duración de inmunidad ganada por haberse infectado o por vacunarse, con la obtención de resultados más acordes con lo ocurrido en términos generales.

## Marco teórico

La historia natural de la enfermedad (HNE) es un modelo conceptual desarrollado por Leavell y Clark en 1965 como parte de un paradigma cuya finalidad era no sólo describir la enfermedad como un proceso sino también definir las etapas en las que es posible prevenir los daños a la salud. Este proceso se representa en dos períodos, el prepatogénico (antes de enfermar)

y el patogénico (cuando la enfermedad está presente).

El período prepatogénico postula el equilibrio en un sistema de tres componentes llamado tríada ecológica, formada por el individuo (huésped), el factor al que se atribuye la enfermedad (agente) y el entorno en donde interactúan (ambiente). Según la HNE, el período patogénico puede comenzar sin cambios visibles en el huésped, pero con daños biológicos (a nivel celular y tisular) que al acumularse se convierten en manifestaciones (orgánicas y sistémicas) clínicamente asociadas con la enfermedad.

La transición entre la ausencia y la presencia de signos y síntomas de la enfermedad se asocia a fenómenos críticos a nivel fisiológico (véase O’Regan y cols., 2020). Esta transición se conoce como horizonte clínico y constituye un umbral de eventos que, al ser transpuesto, divide el período patogénico en dos fases denominadas como preclínica y clínica (MOPECE, 2001).

En el caso de las enfermedades infecciosas, la fase preclínica corresponde a la invasión del huésped y proliferación del patógeno que en infectología se define como período de incubación; por su parte, la fase clínica representa una pléyade de eventos de daño al huésped que produce manifestaciones con las que se identifica la enfermedad en un paciente (véase Martcheva, 2010).

Si bien han surgido otros paradigmas para explicar el proceso salud-enfermedad, el modelo de Leavell y Clark ha sido particularmente exitoso en la mayoría de los casos; especialmente en los padecimientos de origen infeccioso que predominaban en la época en la que fue concebido, tomando en cuenta el auge de los antibióticos, las vacunas y los sistemas sanitarios urbanos. En consecuencia, el modelo de la HNE

fue demostrando su utilidad a medida que la incidencia de enfermedades infecciosas disminuyó mientras las enfermedades crónico-degenerativas aumentaron en lo que se conoce como transición epidemiológica.

Con las enfermedades crónico-degenerativas el modelo de la HNE se ha puesto a prueba pues no siempre se puede definir una “causa única” como se hacía con las infecciones. Por otra parte, hablar de un “período de incubación” resulta impreciso sin un microorganismo al que atribuir la enfermedad y paralelamente se usa el término “período de latencia” definido por una mayor variabilidad en padecimientos no infecciosos; además de que enfermedades como la diabetes o el cáncer tienen una gran cantidad de procesos biológicos subyacentes y un curso clínico complejo.

Las enfermedades crónicas no son el único reto al modelo de la HNE; cabe mencionar que la mayoría de las infecciones abatidas en la segunda mitad del siglo XX eran de origen bacteriano, lo que apunta directamente como la antisepsia, las vacunas, y los antibióticos. Si bien la tarea de erradicar ciertas enfermedades como la viruela a nivel mundial y la polio en las Américas son auténticos éxitos de la humanidad, las infecciones producidas por virus son caracterizadas por su variabilidad y su gran potencial de adaptación con dinámicas biológicas más aceleradas que las infecciones bacterianas.

La interacción del ser humano con patógenos en contextos ecológicos como la pérdida de la biodiversidad o el cambio climático se ha asociado al surgimiento de nuevas enfermedades en las que los virus adquieren mayor importancia dada su capacidad evolutiva y su gran diversidad. Las enfermedades emergentes se definen por su comportamiento atípico y en casos como el VIH-SIDA o la COVID-19, la humani-

dad debió enfrentarse a ambas pandemias con una mínima cantidad de información, lo que ha implicado dificultades para caracterizar la HNE.

La COVID-19 es una enfermedad producida por un coronavirus identificado como SARS-COV-2; de esta familia se conoce una gran cantidad de virus que afectan al ser humano; sin embargo, en la literatura se ha reconocido con potencial pandémico sólo a otros dos, el SARS-COV-1 y el MERS-COV. Desde su aparición en China, a finales de 2019, la COVID-19 fue descrita como un padecimiento infectocontagioso capaz de producir casos graves de neumonía y cuya transmisión ocurre por vía aérea en forma de aerosoles y gotículas respiratorias de un modo particularmente eficiente.

Un aspecto crítico de la enfermedad producida por el SARS-COV-2 fue su capacidad de producir cargas virales altas antes de la aparición de los síntomas, lo que hace posible la transmisión del virus a partir de individuos sin síntomas del padecimiento (véase Cevik, Muge et al., 2014), ya sea porque habrán de cursar la enfermedad libre de síntomas o por encontrarse en una etapa previa a presentarlos. En un principio, en la literatura se sugirió que eran las características moleculares del virus las determinantes de su capacidad de permanecer viable en superficies durante varios días, lo que condicionaba una mayor probabilidad de infección en las personas expuestas.

Un reto adicional fue caracterizar el período de incubación teniendo en cuenta que el contagio podía ocurrir durante el mismo, lo que implica determinar el momento en el que los individuos infectados pueden contagiar a aquellos susceptibles de enfermar. De lo anterior se deriva también la pregunta de en qué momento los individuos infectados dejan de ser contagiosos y si ello tiene que ver con que el vi-

rus sea detectable en una prueba diagnóstica o no. Esto último adquirió relevancia al haberse descrito individuos recuperados cuyas pruebas diagnósticas seguían positivas, pero en los que se reconoció que ya no eran contagiosos.

Por último, la construcción de un modelo de HNE para la COVID-19 involucra describir el padecimiento a partir de los desenlaces posibles, para lo que se requiere interpretar la evidencia epidemiológica disponible para definir un curso clínico u otro. La probabilidad de presentar la enfermedad (patogenicidad), o un caso grave (virulencia) o la muerte (letalidad) son indicadores epidemiológicos dinámicos. Por esta razón, inicialmente resultaba impreciso hacer generalizaciones sobre el curso de la enfermedad pero, gracias a la cooperación científica entre fronteras, en pocos meses la HNE de la covid-19 fue descrita en la literatura.

Kermack y McKendrick (1927) elaboraron un modelo de tres ecuaciones diferenciales y tres variables de estado correspondientes al número de individuos que, durante una epidemia, pueden estar en el “compartimento” de los susceptibles, los infecciosos o los recuperados (llamado, por esta caracterización, modelo SIR). En la construcción de este modelo se supuso que las probabilidades de contagio, recuperación e interacción entre cualquier par de individuos se mantienen constantes a lo largo del tiempo.

En el modelo SIR, cada individuo puede estar en un solo compartimento en un momento dado pero puede pasar a otro según la historia natural de la enfermedad. En consecuencia, la cantidad de individuos en cada compartimento cambia durante la epidemia<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> Cabe mencionar que el SIR original no pretendía “retratar” la HNE (que está en escala clínica) sino el curso poblacional de la epidemia (escala macro).

Luego del trabajo seminal de Kermack y McKendrick se desarrollaron variaciones del modelo SIR con el propósito de representar aspectos específicos de la historia natural de la enfermedad como el deceso (SIRD) o la pérdida de la inmunidad (SIRS); también se incorpora el compartimento de los expuestos (E) y se generan modelos SEIR o SEIRD y, con cada nueva variable de estado, crece la dificultad para su análisis numérico debido al incremento de parámetros.

El modelo SIR y sus variantes suponen que la población total, constante y cerrada, está aleatoriamente distribuida dentro de un área determinada y deambula en ella sin patrones de movilidad; también suponen que la enfermedad impacta a los individuos de dicha población sin importar edad, sexo, ocupación o estado de salud.

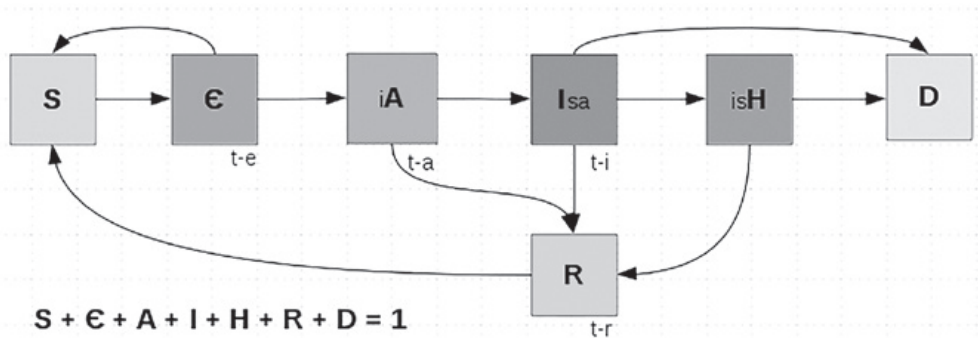
En el caso de una epidemia en poblaciones humanas, con el propósito de estimar la demanda de servicios de salud y proponer la mejor política sanitaria, así como para considerar distintos patrones de movilidad, es conveniente construir modelos capaces de diferenciar grados de gravedad en la enfermedad para prever, por ejemplo, la ocupación hospitalaria, la demanda de medicamentos o los días de incapacidad laboral en el período agudo o convalecencia.

Adicionalmente, dentro del estado de infectado, el período de latencia termina antes que el período de incubación, es decir, el individuo infectado se vuelve infeccioso antes de mostrar síntomas (véase Cevik, Muge et al., 2014), como ha ocurrido con la COVID-19. También es importante distinguir el caso de infectado presintomático del de infectado sintomático así como considerar que el estado expuesto se refiere a individuos que han tenido exposición a la enfermedad pero pudieran o no enfermarse (véase Martcheva, 2010).

Aunque los modelos con ecuaciones diferenciales han seguido desarrollándose, por simplicidad y accesibilidad computacional, en nuestra investigación hemos optado por elaborar un modelo basado en agentes (MBA) que permite incorporar todas las características mencionadas además de poder incluir, en las simulaciones, patrones de movilidad aproximadamente semejantes a lo que sucede en la cotidianidad de la vida urbana.

La integración de un modelo conceptual paralelo al SIR que recuperase momentos críticos de la HNE permitió la integración del modelo SEAIHRD. La representación de factores que pudiesen ser relevantes para la vulnerabilidad individual como edad, sexo o estado de salud, así como la influencia que tiene la movilidad de los individuos en una epidemia fue posible mediante la incorporación de técnicas y parámetros adicionales.

Figura 1: Modelo conceptual SEAIHRD



## Metodología

Para este trabajo hemos utilizado la modelación basada en agentes (MBA) porque es una herramienta que permite el modelado no lineal, dinámico, discreto y estocástico en un entorno computacional, al capturar aspectos críticos de la evolución temporal de una gran cantidad de elementos individuales (llamados agentes) de comportamiento autónomo a escala colectiva. Además, logra localizar dichas entidades en un área determinada interactuando entre ellas mismas y su entorno de diversas maneras, como si formaran una “sociedad artificial” (véase Borschev, 2015), en la que es posible descubrir comportamientos y propiedades emergentes que no están presentes en sus elementos constituyentes.

En nuestra investigación, la MBA permite simular cómo se propaga la COVID-19 y postular, de manera relativamente rápida, las posibles consecuencias dinámicas de la puesta en práctica de medidas sanitarias como los diferentes modos e intensidades de contención, la disponibilidad de pruebas PCR y el consiguiente aislamiento de “los positivos”, los diferentes tipos y esquemas de vacunación. Asimismo, la MBA nos permitió considerar diferentes grupos y tipos de población distribuidos irregularmente en el área de estudio como un sistema abierto en el que entran y salen cotidianamente individuos con un perfil determinado de enfermedad y distintos tiempos de inmunidad. Además, las simulaciones permiten estudiar los efectos de los cambios en la infectividad y virulencia debidos a la aparición de nuevas variantes del patógeno, así como la duración de la enfermedad.

---

Con el propósito de incorporar características poblacionales como su dispersión y distintas densidades en el área de estudio; la movilidad hacia centros atractores (trabajo, escuela, comercio, etcétera) en función de rangos de edad y posibles diferencias por sexo o estado de salud individual; y para poder visualizar la dinámica espacial de propagación de la enfermedad, se desarrolló un programa en *NetLogo* (véase Wilenski y Rand, 2015), llamado *Epidemic-Lab* (véase Tusie, 2022), para la simulación del MBA concebido para COVID-19 en el que los agentes representan a las personas de una población en estudio.

*Epidemic-Lab* se concibe como una herramienta que puede servir como un laboratorio virtual para proponer políticas de control o gestión de una epidemia y que permite visualizar la dinámica espacial de propagación y de contención de ésta, lo que facilita la implementación de características de interés que van surgiendo en el transcurso de la epidemia.

Aunque el modelo fue desarrollado con base en la información disponible durante la segunda mitad de 2020 y la primera de 2021, ahora, en mayo de 2022, sabemos que algunos parámetros se han modificado y que las variantes nuevas de la COVID-19 están generando cambios en el comportamiento de la pandemia.

Así, en los meses previos se ha reportado una menor letalidad y una mayor infectividad<sup>2</sup> (véase Katella, 2022); esto aumenta la proporción de infectados leves o asintomáticos con respecto al total de infectados y se reduce la probabilidad de desenlace grave o muerte; consecuentemente el SARS-COV-2 se propagaría de manera más eficaz (y más rápidamente). En el caso de ómicron, el período de infección se ha ido acortando (la duración de enfermedad es menor) y su presentación clínica característica tiende a ser menos grave (véase Murray, 2022).

También ahora se ha considerado que algunas personas puedan recibir una vacuna de refuerzo luego de los seis meses de haber concluido su primer esquema.

Lo anterior, introducido en el modelo, implica que la probabilidad de pasar del estado expuesto (E) al estado asintomático (A) ha ido creciendo, para aumentar la infectividad y, para disminuir la virulencia, que las probabilidades de pasar del estado infectado sintomático (I) al estado recuperado (R) y del estado hospitalizado (H) al estado R han ido aumentando y, por lo tanto, disminuyendo las probabilidades complementarias de agravarse, es decir, ir del estado I hacia el H; y de morir: ir del estado I hacia difunto (D) y del estado H hacia el D, (véase la figura 1).

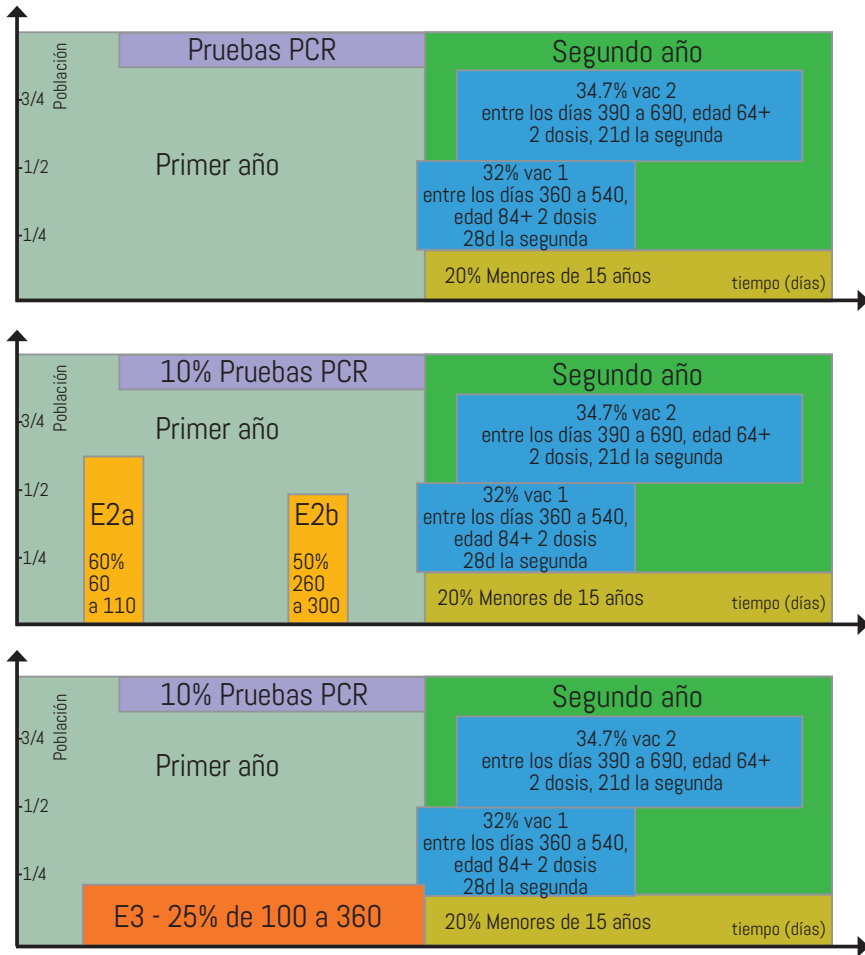
Aunque esto no estaba considerado en la versión del modelo de mediados de 2021, fue relativamente fácil y rápido en 2022 hacer los ajustes para modelar estas nuevas situaciones.

Los escenarios hipotéticos que se comparan siguen siendo muy similares a los reportados con datos de 2021 (véase Tusie, 2022) solo que ahora se aplicó la inmovilización selectiva, es decir, el confinamiento aplicado, en su mayoría, nada más a la población más vulnerable (adultos mayores, niños y personas con comorbilidades).

---

<sup>2</sup> En el primer año de la pandemia, la variante delta reemplazó a las variantes previas y en general produjo cuadros más severos de la enfermedad.

Figura 2. Escenarios hipotéticos que se analizan



Los escenarios ahora tienen una duración de dos años y medio; en todos los casos, durante el segundo año se aplican vacunas de dos dosis al 30% de la población y, luego, de una dosis, al 60% (siempre mayores a 18 años) de modo que algunas personas pueden recibir un refuerzo seis meses después de completar el esquema de dos dosis de la primera vacunación.

Respecto al confinamiento: en el escenario E1 no lo hay; en el escenario E2, una gran parte de la población en general se confina durante dos lapsos relativamente cortos; y en el escenario E3, solo hay un confinamiento muy largo pero aplicado solo a una parte de la población más vulnerable (menores y mayores de edad y tener comorbilidades). Para poder comparar los efectos de E2 y E3, la simulación se desarrolla cuidando que

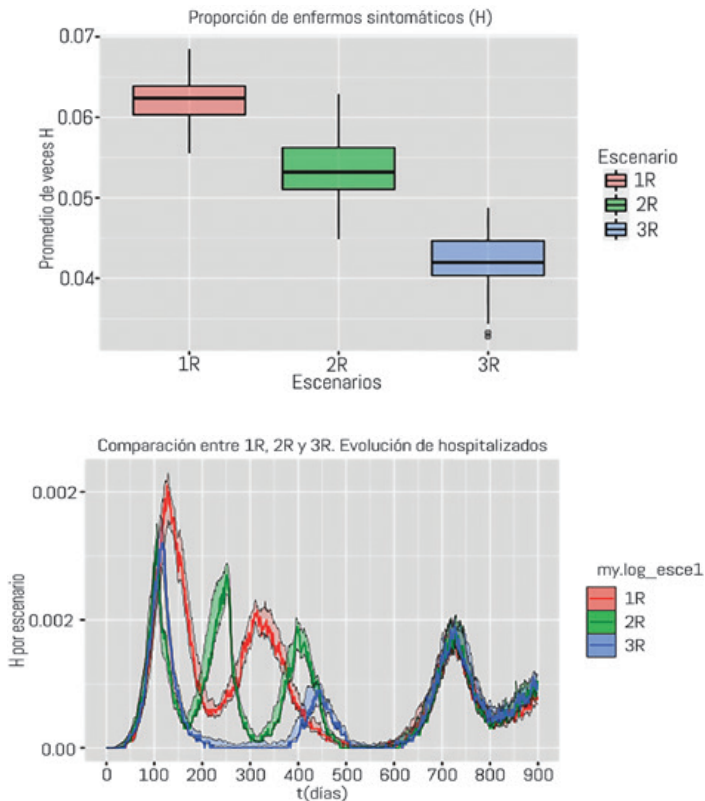
los productos: fracción de población confinada por duración del confinamiento, sean iguales en ambos escenarios (áreas color naranja en la figura 2).

## Resultados

Vemos ahora que, si la duración del período infeccioso va disminuyendo, si la transmisibilidad de la enfermedad aumenta a partir de cierto momento (en este caso al quinto mes) y si los tiempos de inmunidad ganada por enfermedad o por vacunación se reducen, entonces las amplitudes de las olas subsecuentes de enfermos sintomáticos son cada vez más grandes; a la vez, la disminución en el transcurso del tiempo de la probabilidad de que la enfermedad evolucione en grave o en defunción genera que las hospitalizaciones y las defunciones vayan siendo menores.

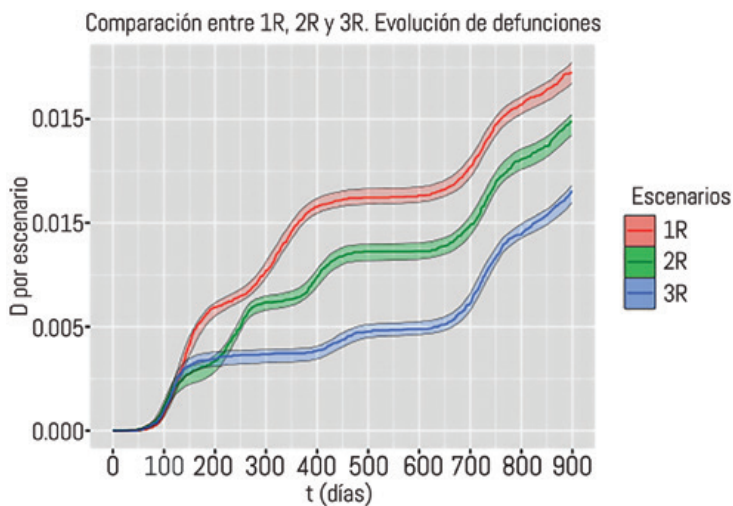
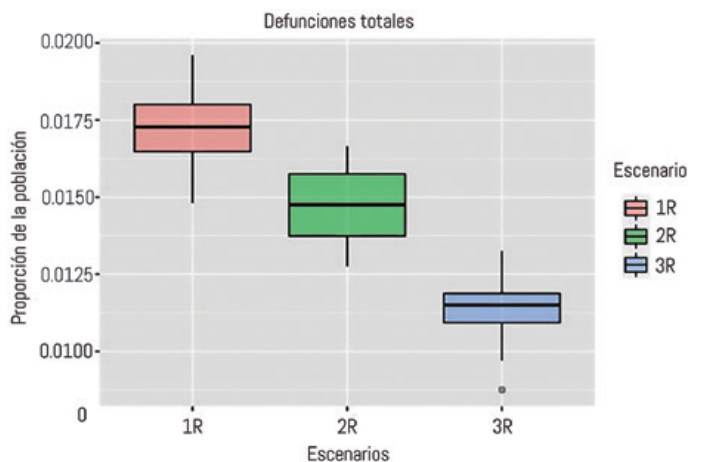
Así, en el caso de las hospitalizaciones, el escenario E2 tiene alrededor de 15% menos hospitalizaciones totales que el escenario E1 y, en el escenario E3, la reducción respecto de E1 es de 33% aproximadamente.

Figura 3. Hospitalizaciones por escenario



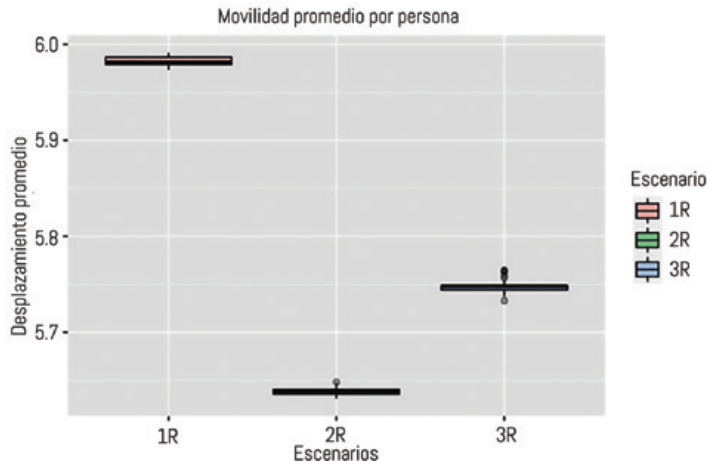
A su vez, en el caso de las defunciones, encontramos un comportamiento similar: también el escenario e2 presenta cerca de 15% menos defunciones que e1 y el escenario e3 tiene alrededor de 35% menos que e1.

Figura 4. Defunciones por escenario



Por otro lado, respecto a la movilidad: en el escenario e1 se presenta la máxima pues, en él, no hay confinamientos; e2, que tiene dos confinamientos intensos pero cortos, reduce la movilidad en aproximadamente 6% mientras que en el escenario e3 la reduce solamente en 4%, ambas respecto a la de e1.

Figura 5: Movilidad por escenario



Por consiguiente, el escenario E3 es mejor que el E2, pues genera menos enfermos sintomáticos, hospitalizaciones y defunciones; asimismo, como en el escenario E3 se reduce menos la movilidad que en E2, si consideramos que la movilidad es proporcional a la actividad económica de la población, también resulta que E3 es mejor que E2, pues genera un menor impacto económico.

## Conclusiones

Luego de hacer ajustes al modelo para reflejar mejor la evolución de la enfermedad, tales como acortar la duración de la enfermedad, disminuir su virulencia y aumentar la infectividad, llegamos a tres tipos de conclusiones: una, referida directamente a los resultados obtenidos en los escenarios comparados; otra, en relación con el uso de la MBA como herramienta para modelar posibles mundos futuros a partir de lo que ahora sabemos y de las preguntas que surgen en estos momentos; y, finalmente, al trabajo inter y transdisciplinario que requieren las ciencias de la complejidad para abordar los problemas como éste.

En relación con los resultados obtenidos: al comparar los escenarios descritos podemos afirmar que el modelo *Epidemic-Lab* se comporta de manera compatible con lo empíricamente esperado de acuerdo con las políticas de confinamiento, de pruebas y de vacunación que se apliquen.

Las diferencias entre escenarios que arroja el modelo son plausibles como una manera de realizar comparaciones cualitativas entre diversos escenarios y pueden ayudar a la divulgación y soportar la toma de decisiones para gestionar una epidemia.

Yendo más al detalle de los resultados, vemos como un escenario donde se considere a una población bien informada y corresponsable, en el E3 se obtienen resultados signifi-

cativamente mejores que uno donde se apliquen medidas más drásticas y generalizadas, como el E2, que es lo que se hizo en muchos lugares.

La amplitud de la oscilación “sanos” (estados S+E) vs. “enfermos” (estados (A+I+H) a largo plazo es pequeña y da lugar a un equilibrio endémico cuya estabilidad dependerá de la permanencia de las condiciones biológicas y sociales en las que ocurre. En otras palabras, las modificaciones biológicas propias de la evolución del patógeno o el huésped, así como las condiciones sociales cambiantes tienen la posibilidad de perturbar la estabilidad de la dinámica.

La reproducción de variables biológicas y sociales con MBA permite, además de identificar patrones en cada una, reconocer la interacción entre éstas incorporando los supuestos probabilísticos descritos en la literatura y experimentar con “escenarios posibles”. Utilizando MBA para poder modelar posibles escenarios futuros se concluye que, partiendo de modelar comportamientos e interacciones individuales (agentes y su entorno), se pueden incorporar o ajustar, de forma relativamente rápida, características específicas de la población, como su dispersión espacial, sus patrones de movilidad y estado de salud (vulnerabilidad), además de considerar posibles efectos diferentes de la enfermedad por sexo y edad; asimismo, es posible “poner al día” las simulaciones al incorporar valores actualizados de los parámetros que dependen de la aparición de nuevas variantes del patógeno.

En relación con la forma de trabajo en las ciencias de la complejidad queda evidenciada la enorme utilidad y sinergia lograda mediante el trabajo inter y transdisciplinario aplicado, de forma no reduccionista, a fenómenos sociales, económicos y biológicos que requieren de este enfoque.



## Referencias

Borschev, A. (2015). *The Big Book of Simulation Modeling*. Any Logic.

Cevik, Muge et al. (2014). Virology, transmission and pathogenesis of SARS-COV-2, *BMJ Journal* 2020, <https://doi.org/10.1136/bmj.m3862>

Kermack, W. O. y A. G. McKendrick (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. Roy. Soc. London, Ser. A* 115, 700-721.

Katella, K. (2022). Omicron, Delta, Alpha, and more: What to know about the coronavirus variants. Yale Medicine. <https://www.yalemedicine.org/news/covid-19-variants-of-concern-omicron> [5 de junio de 2022].

Martcheva, M. (2010). *An introduction to Mathematical Epidemiology*. Springer.

MOPECE (2001). *Módulos de Principios de Epidemiología para el control de enfermedades transmisibles*. Vigilancia en Salud Pública.

---

Murray, C. J. L. (2022). COVID-19 will continue but the end of the pandemic is near. *The Lancet* 399(10323):417-419. <https://buff.ly/3FPt3hE> [5 de junio de 2022].

O'Regan S. M., O'Dea E. B., Rohani P., Drake J. M. (2020). Transient indicators of tipping points in infectious diseases. *J. R. Soc. Interface* 17(170). <http://dx.doi.org/10.1098/rsif.2020.0094>

Organización Mundial de la Salud (2020). Conmemoración de la erradicación de la viruela: Un legado de esperanza para la COVID-19 y otras enfermedades. Organización Mundial de la Salud. <https://www.who.int/es/news/item/08-05-2020-commemorating-small-pox-eradication-a-legacy-of-hope-for-covid-19-and-other-diseases>. Y para polio: <https://polioeradication.org/who-we-are/>

Tolles, J. y Loung T. (2020). Modeling Epidemics with Compartmental Models. *JAMA* 323:24.

Tusie, D. (2022). Laboratorio epidemiológico para analizar la propagación de enfermedades transmisibles tipo COVID-19: una perspectiva desde el modelado basado en agentes. Tesis de Maestría en Ciencias de la Complejidad. Universidad Autónoma de la Ciudad de México. <https://www.researchgate.net/project/SEAIHRRD-agent-based-model>

Wilensky, U. (1999). *Introduction to Agent-Based Modeling*. MIT Press.

Wilensky, U. y W. Rand (2015). *An introduction to Agent-Based Modeling. Modeling natural, social, and engineered complex systems with NetLogo*. MIT Press.

