

# Modelación de la propagación de procesos de contagios influidos por la distancia de contacto

## *Modeling the spread of contagious processes influenced by contact distance*

Dagoberto Acosta Iglesias<sup>1\*</sup>, Miguel Enrique Iglesias Martínez<sup>2</sup>, Milton Henry Perea<sup>3</sup>

**Resumen** La propagación de disímiles enfermedades en agrupaciones de personas, animales o plantas puede ocurrir de diversas formas como el aire, el agua, contacto físico, vectores, fluidos de los individuos, entre otros. Algunas de estas vías pueden estar vinculadas a la distancia en la que se relacionan los objetos de contagio. En esos casos, es posible elaborar un modelo de propagación basado en el modelo logístico, donde se incluye un factor de distancia entre individuos. En este artículo se realiza una propuesta de modelo para la propagación y la recuperación de los afectados, se muestran gráficas que indican una distribución diaria y se compara el modelo con un caso real.

**Palabras Clave:** contagiados, logístico, modelo.

**Abstract** *The spread of different diseases in groups of people, animals or plants can occur in various ways such as air, water, physical contact, vectors, fluids of individuals, among others. Some of these ways can be linked to the distance in which the objects of contagion are related. In these cases, it is possible to develop a propagation model based on the logistic model, where a factor of distance between individuals is included. In this article, a model proposal is made for the spread and recovery of those affected, graphs indicating a daily distribution are shown, and the model is compared with a real case.*

**Keywords:** *infected, logistic, model.*

**Mathematics Subject Classification:** 26, 26-04, 34, 34-11.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias de la Tierra, Universidad Estatal Amazónica, Puyo, Ecuador. Email: [dacosta@uea.edu.ec](mailto:dacosta@uea.edu.ec).

<sup>2</sup>Grupo de Modelización Interdisciplinar, InterTech, Instituto Universitario de Matemática Pura y Aplicada, Universitat Politècnica de València, España. Email: [migueliglesias2010@gmail.com](mailto:migueliglesias2010@gmail.com).

<sup>3</sup>Departamento de Matemática y Física, Universidad Tecnológica del Chocó Diego Luis Córdoba, Chocó, Colombia. Email: [dmlton.perea@utch.edu.co](mailto:dmlton.perea@utch.edu.co).

\*Autor para Correspondencia (*Corresponding Author*)

**Editado por (*Edited by*):** Damian Valdés Santiago, Facultad de Matemática y Computación, Universidad de La Habana, La Habana, Cuba.

**Maquetado por (*Layout by*):** Merling Sabater Ramírez, Facultad de Matemática y Computación, Universidad de La Habana, La Habana, Cuba.

**Citar como:** Acosta Iglesias, D., Iglesias Martínez, M., & Henry Perea, M. (2024). Modelación de la propagación de procesos de contagios influidos por la distancia de contacto. *Ciencias Matemáticas*, 38(1), 77–84. DOI: <https://doi.org/10.5281/zenodo.15292952>. Recuperado a partir de <https://revistas.uh.cu/rcm/article/view/10043>.

## Introducción

La propagación como fenómeno de variables físicas puede estar presente en numerosos procesos de la vida práctica en general, como mecanismo de caracterización de resultados experimentales o estudios en disímiles ramas de la ciencia [1, 3, 4, 6, 11, 12, 19, 18, 2]. En particular, el fenómeno de propagación de diferentes enfermedades en agrupaciones de personas, animales o plantas, puede ocurrir de diversas formas como el aire, el agua, contacto físico, vectores, fluidos de los individuos, entre otros.

Algunas de estas vías pueden estar vinculadas a la distancia en la que se relacionan los objetos de contagio o al movimiento de la persona y la medición de este movimiento

como variable del estudio clínico [11, 5]. Por tanto, durante la ocurrencia de un proceso de contaminación con influencia de la distancia, puede estimarse su transmisión controlando la cercanía y utilizando modelos de predicción, basados en la ecuación logística [17, 21, 14, 7], utilizada en procesos de crecimiento poblacional y de biomasa.

Una manifestación activa de propagación de un virus, en la que la separación adecuada entre los individuos genera un efecto importante en el no contagio, es la que se produce por el coronavirus. Según se expresa en [8, 2, 12], el contagio por coronavirus es una pandemia derivada de la enfermedad por coronavirus iniciada en 2019 (COVID-19), ocasionada por el virus del síndrome respiratorio agudo grave (SARS-CoV-2).

La rápida diseminación del virus y la consecuente enfermedad requieren de la mayor atención y de la búsqueda de información que contribuya al control y atenuación de los efectos fatales que provoca [10]. Desde diferentes partes del mundo se informa acerca de la detección de personas contagiadas y se implementan medidas para aislar a los individuos detectados en espacios adecuados y aplicar tratamiento a los grupos de personas enfermas con un tipo de neumonía desconocida.

Con fecha 17 de junio de 2020, la cifra de contagiados y fallecidos alcanza 8 223 454 y 444 813, respectivamente [8, 2]. A nivel de cada país también se muestran cifras alarmantes. Las medidas de aislamiento social parecen efectivas y conservar una distancia mínima de no contagio puede ser oportuno en sitios donde la concurrencia es inevitable.

Los tres primeros casos confirmados de la pandemia (enfermedad por coronavirus) en Cuba fueron reportados el 11 de marzo de 2020. Los reportes emitidos diariamente por las autoridades epidemiológicas del país señalan con detalle en qué medida se pesquisa y se controlan los casos detectados en situación de aislamiento. Pese a este rigor, las personas contagiadas alcanzan 2995 enfermos y 85 decesos [3, 4, 9, 15, 16, 20].

En este trabajo se toma como referencia la información del proceso de la pandemia en Cuba y se utiliza el modelo de la ecuación logística interpretado en términos, primero, del proceso de infección y, dependiente de este, se hace una segunda formulación para obtener las curvas de los recuperados. A partir de las soluciones logísticas se construyen distribuciones de frecuencia diarias de infectados y recuperados. Para la solución logística de recuperación, se ha tenido en cuenta la incidencia de los fallecidos.

## Relevancia del estudio

En un proceso de contagio determinado por la cercanía entre individuos, la cantidad de infectados aumenta cuando disminuye la distancia a la que se relacionan, o no ocurre contaminación si la separación entre estos es superior a la distancia en la que el virus se propaga o sobrevive. El modelo estima el tiempo para que esa cantidad de individuos resulte infectada y la ocurrencia de las mayores afectaciones, dado que hay individuos enfermos en relaciones de cercanía en el rango de la distancia de contagio. El estudio contribuye a pronosticar este comportamiento en el contexto de los entes biológicos que son parte de una población potencial dada, que en un tiempo determinado permanecen cercanos para que el contagio pueda ocurrir.

## 1. Modelo de propagación considerando el efecto del parámetro de distancia

La velocidad de propagación depende de:

1. La cantidad de individuos no contaminados, que pueden encontrarse en el entorno de la distancia de contagio.

2. La distancia entre individuos según el factor:

$$1 - \frac{d}{d_m}, \quad (1)$$

donde  $d_m$  representa la distancia mínima de no contagio y  $d$  es un parámetro de distancia que se considera en el intervalo  $[0, d_m]$ .

Según la primera consideración, en una agrupación de individuos la subpoblación de interés sería:

$$P - I(t), \quad (2)$$

donde  $P$  es la población potencial de personas o individuos de la que una parte es susceptible de contagio, dado que puede encontrarse en el rango de la distancia de contagio con otros individuos,  $I(t)$  representa la cantidad de contagiados en el tiempo  $t$ .

Al sustituir (2) en la ecuación logística se obtiene:

$$\frac{dI}{dt} = k(P - I(t)) \left(1 - \frac{P - I(t)}{A}\right),$$

donde  $A$  representa la capacidad de soporte del medio que, en las condiciones de un problema de propagación de una enfermedad, puede considerarse como toda la población existente (en alguna medida diferente a como se interpreta en procesos de crecimiento de biomasa). En estas condiciones resulta:

$$\frac{dI}{dt} = \frac{k}{P} I(t)(P - I(t)). \quad (3)$$

Si se asume el supuesto de que el contagio no ocurre a más de  $d_m$  metros, la ecuación (3) se reescribe como:

$$\frac{dI}{dt} = \left(1 - \frac{d}{d_m}\right) \frac{k}{P} I(t)(P - I(t)), \quad (4)$$

cuya solución general es el conjunto infinito de funciones biparamétricas en:

$$I(t) = \frac{P C e^{k \left(1 - \frac{d}{d_m}\right) t}}{1 + C e^{k \left(1 - \frac{d}{d_m}\right) t}}, \quad (5)$$

donde  $C$  es una constante de integración y  $k$  es la constante de proporcionalidad.

Si se mide la cantidad de contagiados en dos instantes sucesivos (se consideran días), no necesariamente consecutivos, es decir, la diferencia entre las dos mediciones puede ser mayor a un día, y considerando adicionalmente que los pesquisados pueden encontrarse en relaciones de distancia distintas y cada medición incluye tiempo-distancia-cantidad de contagiados, es posible calcular para las condiciones experimentales dadas los valores de  $C$  y de  $k$ . Las mediciones propuestas se expresan de la forma:

$$I(t_0, d_0) = I_0 ; I(t_1, d_1) = I_1. \quad (6)$$

Las condiciones (6) al ser sustituidas en (5) permiten encontrar las constantes propias del problema y, por tanto, la solución particular al modelo, que facilita simular la propagación posible de la enfermedad, influida por el distanciamiento hasta dos metros o la distancia que las características del contagio determinen.

Para este propósito, resultan las ecuaciones,

$$\frac{PCe^{k\left(1-\frac{d_0}{d_m}\right)t_0}}{1+Ce^{k\left(1-\frac{d_0}{d_m}\right)t_0}} = I(t_0, d_0) = I_0, \tag{7}$$

$$\frac{PCe^{k\left(1-\frac{d_1}{d_m}\right)t_1}}{1+Ce^{k\left(1-\frac{d_1}{d_m}\right)t_1}} = I(t_1, d_1) = I_1. \tag{8}$$

Al despejar  $k$  en (8), dependiente de  $C$ , resulta:

$$k = \frac{\ln\left(\frac{I_1}{C(P-I_1)}\right)}{\left(1-\frac{d_1}{d_m}\right)t_1}. \tag{9}$$

Cuando se sustituye (9) en (7) y se realizan los cálculos pertinentes, se encuentra el siguiente valor de  $C$ :

$$C = \frac{\frac{(d_m-d_1)t_1}{I_0^{d_m(t_1-t_0)+d_0t_0-d_1t_1}}}{(P-I_0)\frac{(d_m-d_1)t_1}{I_0^{d_m(t_1-t_0)+d_0t_0-d_1t_1}}\left(\frac{I_1}{(P-I_1)}\right)^{\frac{(d_m-d_0)t_0}{d_m(t_1-t_0)+d_0t_0-d_1t_1}}}. \tag{10}$$

El término  $d_m(t_1 - t_0) + d_0t_0 - d_1t_1$  puede ser nulo para ciertos valores de las distancias  $d_0$  y  $d_1$  en el intervalo  $[0, d_m]$ , aunque en las condiciones del problema, cualesquiera sean las mediciones de tiempo implicadas, ocurre que las medidas de distancia que producen el resultado nulo describen circunstancias de no propagación.

Un análisis de los recuperados puede plantearse en términos de los infectados menos los individuos recuperados y los que definitivamente no se recuperan o fallecen. Este proceso de restablecimiento tiene como soporte máximo la cantidad total de contaminados descontando los que salen de la población  $l - k_2$ :

$$\frac{dR(t)}{dt} = k_1(I - R(t) - k_2) \left(1 - \frac{I - R(t) - k_2}{I - k_2}\right). \tag{11}$$

La ecuación anterior es similar a (4) y se considera que se conoce la cantidad de infectados  $I$  y fallecidos  $k_2$  para cada instante de tiempo, como capacidad de soporte:

$$\frac{dR(t)}{dt} = \frac{k_1}{I - k_2} R(t)(I - R(t) - k_2). \tag{12}$$

Si se incluye el término de distancia de aislamiento y un factor de tiempo necesario para la recuperación, se obtiene finalmente:

$$\frac{dR(t)}{dt} = \frac{k_1}{I - k_2} \left(1 - \frac{d}{d_m}\right) (t - t_r)R(t)(I - R(t) - k_2). \tag{13}$$

El tiempo en el que se recupera un individuo contagiado será  $t_r$ .

La solución general de (13) será la siguiente:

$$R(t) = \frac{(I - k_2)\bar{C}e^{k_1\left(1-\frac{d}{d_m}\right)\frac{(t-t_r)^2}{2}}}{1 + \bar{C}e^{k_1\left(1-\frac{d}{d_m}\right)\frac{(t-t_r)^2}{2}}}. \tag{14}$$

donde  $\bar{C}$  es una constante de integración y el parámetro  $k_2$  cuantifica los decesos y puede formularse en las condiciones del proceso, a partir de alguna información que facilite una tendencia de comportamiento. Para la ejecución del modelo esta tendencia será considerada como lineal, basada en la cantidad de fallecidos en dos momentos diferentes. El factor que acompaña a  $l - k_2$  tiende al valor 1 en el tiempo.

Para obtener las constantes  $k_1$  y  $\bar{C}$  se procede similar a lo realizado para las fórmulas (9) y (10), donde se consideran como datos iniciales el día en el consecutivo en que se recuperan uno o varios individuos a una distancia dada, y el primer día en que se detectan personas contagiadas. Para este día en que se identifican contagios, se asume que no hay aun recuperados, ni individuos que fallecen; siempre para cualquier distancia en el rango donde se mantienen durante el acercamiento-aislamiento, dado que la función que cuantifica los recuperados depende de la función que describe los infectados.

En las condiciones:

$$R(t_0, d_0) = \alpha; R(t_r, d) = R_r, \tag{15}$$

el valor de  $\alpha$  debe considerarse suficientemente cercano a cero pues, al inicio del proceso, no se consideran individuos recuperados, acercando el planteamiento a la realidad del fenómeno, sin incidir en el comportamiento asintótico de la solución. Los valores de  $R$  corresponden a  $t_0$  y a  $t_r$ , respectivamente, que al ser sustituidas en (14), resultan:

$$R(t_0, d_0) = \frac{(I_0 - k_2 + 2\alpha)\bar{C}e^{k_1\left(1-\frac{d_0}{d_m}\right)\frac{(t_0-t_r)^2}{2}}}{1 + \bar{C}e^{k_1\left(1-\frac{d_0}{d_m}\right)\frac{(t_0-t_r)^2}{2}}} = \alpha, \tag{16}$$

$$R(t_r, d) = \frac{\bar{C}(I_r - k_2)}{1 + \bar{C}} = R_r. \tag{17}$$

Al despejar la constante en (17), se obtiene:

$$\bar{C} = \frac{R_r}{I_r - R_r - k_2}. \tag{18}$$

Cuando se sustituye (18) en (16) y se considera  $d_0 \neq d_m$  (el caso contrario no es de interés), se obtiene  $k_1$ :

$$k_1 = \frac{\ln\left(\frac{\alpha(I_r - R_r - k_2)}{R_r(I_0 - k_2 + \alpha)}\right)}{\left(1 - \frac{d_0}{d_m}\right)\frac{(t_0 - t_r)^2}{2}}. \tag{19}$$

El valor inicial de la constante  $k_2$  (individuos que no permanecen en el proceso por fallecimiento) en el cálculo de  $k_1$  es cero, no así en el cálculo de  $\bar{C}$ , pues para determinar este parámetro, se utiliza información en un tiempo avanzado del proceso.

La diferencia entre las soluciones de las dos categorías principales, infectados–recuperados, esta última incluye los individuos que se pierden, muestra la relación ascendente–descendente entre ambas. Es posible además mostrar una distribución de la cantidad de casos diarios de ambas categorías.

## 2. Resultados

Las gráficas se obtienen en Matlab versión 9.9 (R2020b), para las que se considera la fracción de una población que se relaciona en distancias menores que la de contagio. Para detectar individuos en estas condiciones de cercanía se colocan aleatoriamente puntos sobre un rectángulo y se determina cuántos están suficientemente cerca. Posteriormente, se grafica cada función de contagios en diferentes distancias en el rango  $[0; dm]$  y se evoluciona el modelo considerando que casi toda la población en riesgo de contaminación se encuentra en cada uno de los 21  $((dm/h) + 1)$  niveles de distancias diferentes considerados, donde  $h = 0, 1$  es el paso seleccionado.

Un proceso similar se realiza para graficar el comportamiento de los recuperados, asociado a las distancias en que se produjo el contagio. Se considera también el caso de tres poblaciones con diferentes densidades poblacionales y se elige aleatoriamente una distancia de contagio común para las tres. Se aprecia en las gráficas la rapidez distinta en las que ocurren los procesos de contagio y recuperación.

Para la Figura 1 se ha considerado una población de referencia con 11 340 miembros, en la que se propaga una enfermedad que se adquiere a menos de dos metros de separación, donde se detecta un individuo contagiado y horas después otros tres. A estas detecciones se asocian tiempos y distancias que permitan evaluar las condiciones en (6) y obtener la función de propagación.

En cada figura, la parte superior indica la cantidad de contagios o recuperaciones ocurridos de forma acumulada y la parte inferior muestra la cantidad o frecuencia diaria de contagiados o recuperados, en la que se aprecia el día de mayor cantidad de infectados o recuperados, según la distancia. Este día se prolonga en el tiempo, en la medida que se representa una función de contagiados o recuperados con una distancia más cercana a la distancia mínima de no contagio. Las figuras 3 y 4, particularmente se refieren a tres poblaciones en diferentes densidades poblacionales.

Se realiza una evolución de la cantidad de contagiados en 100 días del proceso, donde se escala la distancia en la que se mantienen los integrantes, desde cero hasta la distancia mínima de no contagio. La gráfica horizontal (señalada con símbolos “+”) muestra que al alejarse a la distancia mínima de no contagio, los infectados se mantienen en el nivel inicial y se observa cómo se expande el tiempo de mayor cantidad

de contagiados, en la medida que aumenta la separación entre los individuos.

Para la población de la Figura 1, manteniendo la condición de que se aísla el 99,9% de los miembros, se asume que al detectar la contaminación, no hay recuperados y estos ocurren en un momento posterior en el desarrollo del proceso. En la Figura 2 se observa cómo se comporta la cantidad de recuperados.

Para controlar la evolución de los individuos infectados en el tiempo se utiliza como población la fracción que está expuesta al contagio, determinada previamente, y se evoluciona considerando niveles globales de cercanía desde cero hasta dos metros. También es posible generar aleatoriamente los niveles de cercanía entre los individuos para que pueda reflejar el comportamiento de una población que se comporta en un medio natural.

Se considera el área de desempeño de forma rectangular y con unas dimensiones conocidas, en tres relaciones diferentes de densidad poblacional: una cercana a la de la población mundial, ajustada a 0,1% de los individuos, una población de densidad media y otra de alta concentración poblacional, también enmarcadas para la misma cantidad de pobladores.

## 3. Discusión

Las gráficas de la Figura 1 se obtienen bajo la consideración de , que resulta en el caso particular  $C = \frac{I_0}{P - I_0}$ , obtenido

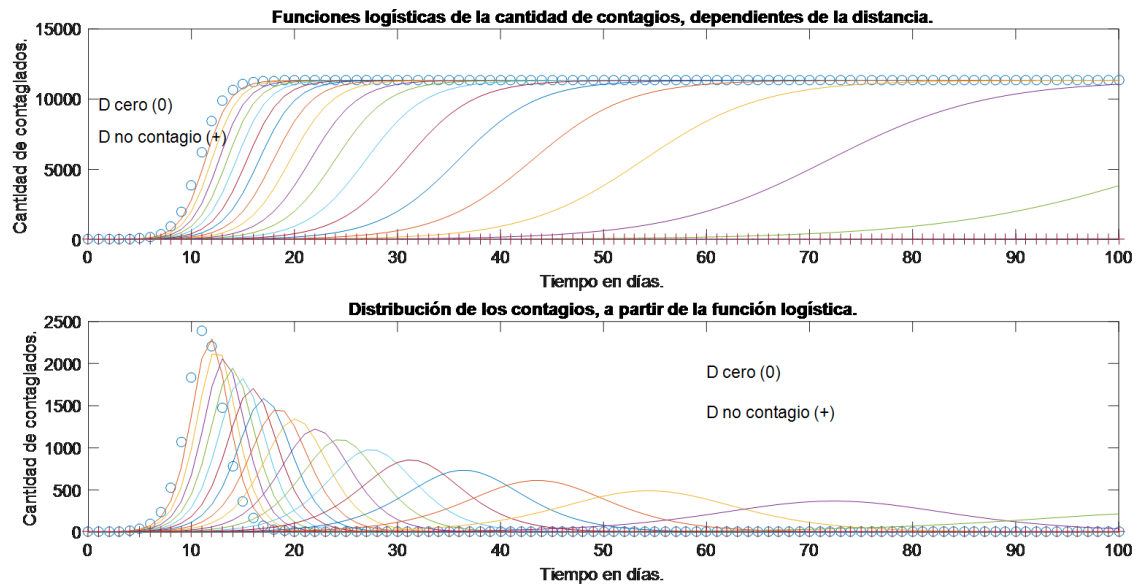
$$\text{de (10) y de representación directa de } k = \frac{\text{Ln} \left( \frac{I_1(P - I_0)}{I_0(P - I_1)} \right)}{\left( 1 - \frac{d_1}{d_m} \right) t_1},$$

que resulta de (9).

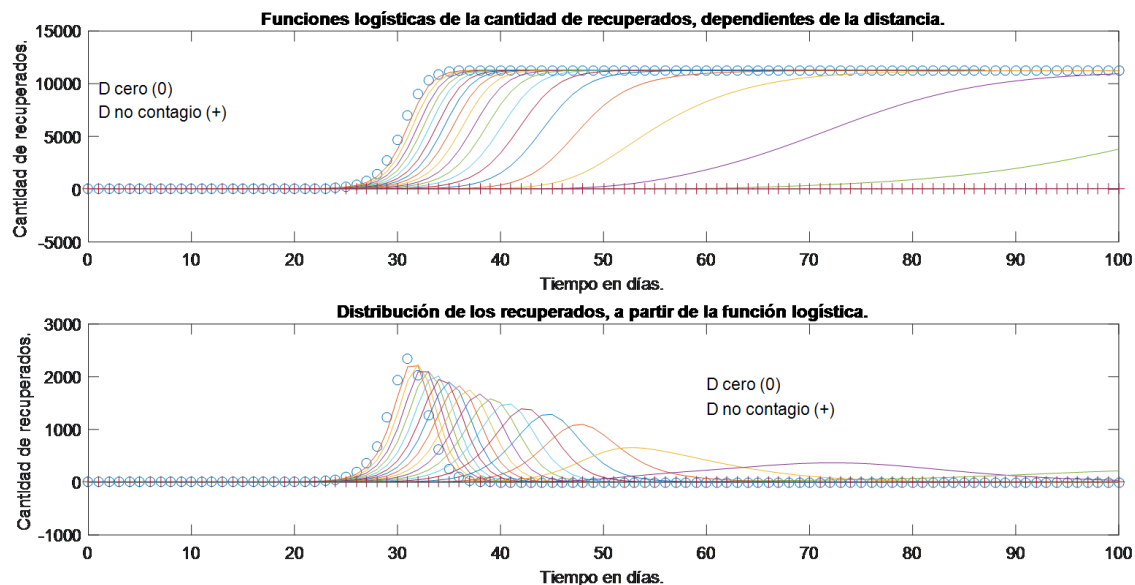
Esto indica que la rapidez de propagación está modificada por la distancia en la que se encuentran los individuos descubiertos en la segunda detección, lo que implica una disminución de la cantidad de contagiados en el tiempo, en tanto el resto de no detectados se encuentren a una distancia por

$$\text{encima de } d_1, \text{ dado que } \frac{1 - \frac{d}{d_m}}{1 - \frac{d_1}{d_m}} < 1 \text{ si } d > d_1.$$

Un análisis similar puede hacerse en la expresión (10) si se asume en el estudio de la expresión  $d_m(t_1 - t_0) + d_0 t_0 - d_1 t_1$  que las dos distancias de detección son iguales. Las gráficas muestran cómo en la medida en que los posibles contagiados se separan entre sí, se extiende la aparición de nuevos casos en el tiempo. Además, si se realiza una evolución más fina del parámetro de la distancia, se tendrían curvas de crecimiento más lento (aplanadas), entre dos curvas consecutivas con el paso utilizado, donde se tendrían más curvas cercanas a la posición horizontal, lo que significa la ocurrencia de pocos contagios, que típicamente muestra que distancias cercanas a la separación de no contagio. Una ventaja apreciable del retardo en la aparición de nuevos casos radica en la posibilidad de tomar medidas oportunas y no agotar las posibilidades de



**Figura 1.** Evolución del modelo de contagios, considerando que la población en riesgo de contaminación se encuentra en los diferentes niveles de distancias considerados, durante 100 días [*Evolution of the contagion model, considering that the population at risk of contamination is at the different distance levels considered, for 100 days*].



**Figura 2.** Evolución del modelo de recuperación, cuando no hay individuos recuperados en el inicio del proceso, apareciendo estos en un momento posterior [*Evolution of the recovery model, when there are no recovered individuals at the beginning of the process, these appearing at a later time*].

atención al problema.

Las figuras 1 y 2 muestran (desde la distancia cero “0”, hasta la distancia dos “+”) el comportamiento de las curvas de contagios y de recuperados, respectivamente, tanto para las ocurrencias acumuladas (gráfica sigmoidea) como para las ocurridas diariamente (gráficas de campana). Estas se obtienen sobre una fracción de la población, que se encuentra expuesta al contagio, y que inevitablemente ocurre condicionado por la distancia, e indican que en la medida que se reduce la distancia de no contagio, se pospone el tiempo en que suceden los contagios.

Las figuras 3 y 4 ilustran un comportamiento similar sobre la misma fracción de la población, pero en condiciones diferentes de densidad poblacional (desde la densidad poblacional baja “0”, hasta la densidad poblacional alta “+”), característica que modifica la posibilidad o no de exposición a la contaminación, según la concentración de individuos [13, 14], pues estos se generan aleatoriamente y se consideran implicados los que aparecen a menos de dos metros de separación, para los tres casos de densidad poblacional (bajo “0”, medio “-” y alto “+”). Adicionalmente la curva graficada con “\*” representa la distribución diaria de la ocurrencia de casos, en una situación real [9, 2], durante los cien primeros días del desarrollo de la epidemia.

Se observa en las figuras 3 y 4 la relación entre el comportamiento propuesto por el modelo, para una población de densidad media, y el caso real, donde se aprecia un desplazamiento y extensión a la derecha de los picos de contagios y recuperaciones, que pueden deberse a la implementación de medidas desde el punto de vista sanitario, que limitan la contaminación o extienden el tiempo en que se considera recuperado un paciente.

La presencia de una brecha de tiempo extendida, de alta ocurrencia de casos en los datos reales con respecto a la que muestra el modelo para ambas características, puede deberse a otras condiciones de manejo del proceso, que puedan incidir en este y que no son consideradas en el modelo y que, en alguna medida, se valoran seguidamente. Es posible considerar en el planteamiento de los dos modelos otras características del proceso, como elementos inhibidores o aceleradores del contagio, es decir, que estas características pueden incluirse en el modelo como exponente mayor que uno, si la característica es inhibidora y menor que uno si es aceleradora, asociadas al factor  $1 - \frac{d}{d_m}$ . El grado de estos debe ser medido experimentalmente o como términos adicionales a los considerados en el modelo seguido.

## Conclusiones

La metodología propuesta constituye una formulación que ilustra la ocurrencia extrema en un proceso de contagio de una agrupación de individuos, que se mantienen en situación de riesgo, ya sea por una circunstancia regulada o aleatoria, solo influida desde el modelo, por un factor de distancia. El modelo refleja en las gráficas un tope de contaminación que, en una

población dada, puede disminuirse o alargarse en el tiempo si se incluyen en el modelo términos que consideren elementos de inhibición de la propagación, asociados al proceso en cuestión.

## Suplementos

Este artículo no contiene información suplementaria.

## Conflictos de interés

Se declara que no existen conflictos de interés.

## Contribución de autoría

**Conceptualización** D.A.I.

**Curación de datos** D.A.I.

**Análisis formal** M.E.I.M.

**Investigación** D.A.I., M.E.I.M.

**Metodología** D.A.I.

**Software** D.A.I., M.E.I.M.

**Supervisión** M.H.P.P.

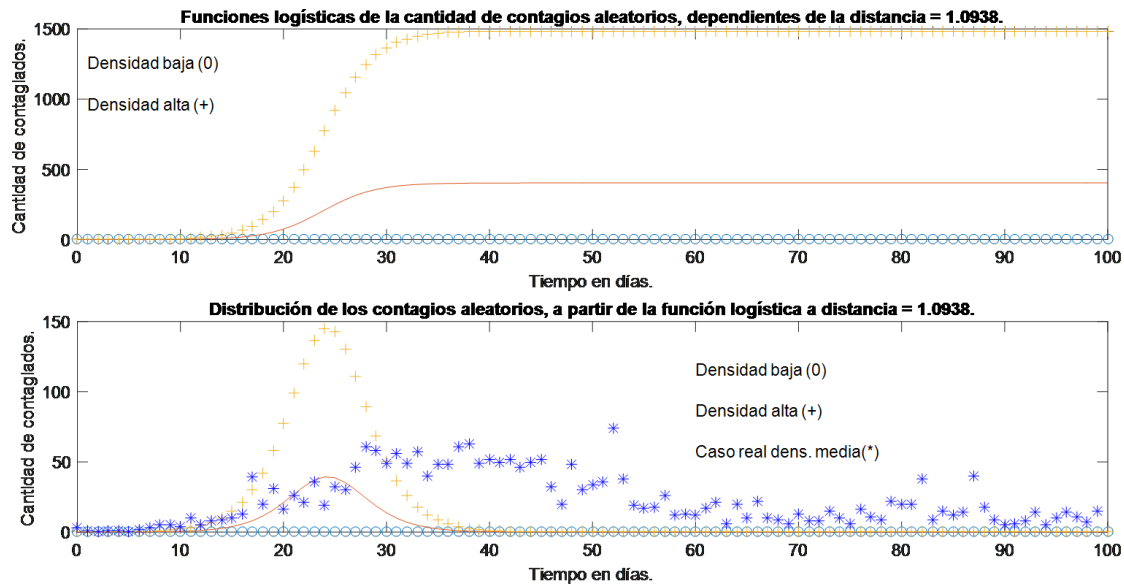
**Visualización** M.E.I.M.

**Redacción: preparación del borrador original** D.A.I., M.E.I.M.

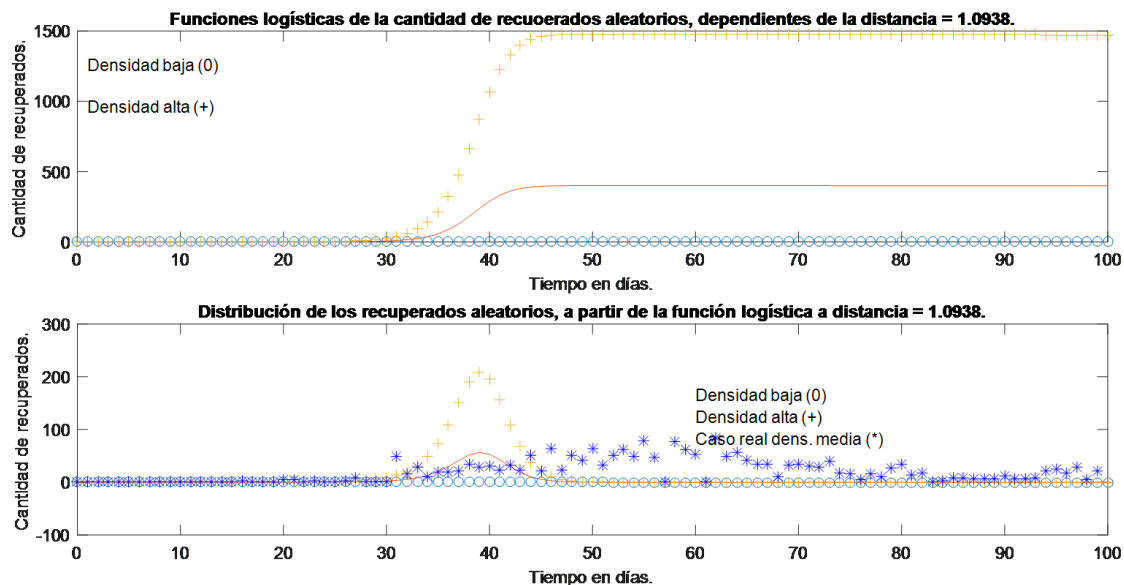
**Redacción: revisión y edición** M.H.P.P.

## Referencias

- [1] Acosta, D., P. Fernández de Córdoba, J.M. Isidro, and J.L. González Santander: *An Entropic Picture of Emergent Quantum Mechanics*. International Journal of Geometric Methods in Modern Physics, 9(5):1250048, 2012. <https://doi.org/10.1142/S021988781250048X>.
- [2] BBC News: *Coronavirus Disease Named COVID-19*, 2020. <https://www.bbc.com/news/world-asia-china-51466362>.
- [3] Beldarraín Chaple, E.: *La información científica confiable y la COVID-19*. Revista Cubana de Información en Ciencias de la Salud, 31(3):e1609, 2019. <https://www.medigraphic.com/pdfs/acimed/acimed-2020/aci203d.pdf>.
- [4] Broche Pérez, Y., Z. Fernández Fleites, and E. Jiménez Puig: *Gender and Fear of COVID-19 in a Cuban Population Sample*. International Journal of Mental Health and Addiction, 2020. <https://doi.org/10.1007/s11469-020-00343-8>.
- [5] Chen, J., R. Wang, and H. Zhang: *Impact of Contact Distance on Disease Spread in Complex Networks*. Scientific Reports, 11:1223, 2021. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-81234-7>.



**Figura 3.** Evolución del modelo de contagios, considerando tres poblaciones con densidad poblacional diferentes, en el mismo nivel de distancia [*Evolution of the contagion model, considering three populations with different population densities, at the same distance level*].



**Figura 4.** Evolución del modelo de recuperación, considerando tres poblaciones con densidad poblacional diferentes, en el mismo nivel de distancia [*Evolution of the recovery model, considering three populations with different population densities, at the same distance level*].

- [6] Córdoba, P. Fernández de, L. García, A. Mayado, and J. M. Sanchis: *A real delivery problem dealt with monte carlo techniques*. TOP, 8(1):57, 2000. <https://link.springer.com/article/10.1007/BF02564828>.
- [7] Garcia, L.M. and P.M. Gomez: *Quantitative Approaches to Epidemiological Modeling*. Computational Biology and Chemistry, 98:107664, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.compbiolchem.2023.107664>.
- [8] Gorbalenya, A.E., S.C. Baker, R.S. Baric, R.J. De Groot, C. Drosten, and A.A. Gulyaeva: *Severe Acute Respiratory Syndrome-Related Coronavirus: The Species and Its Viruses*, 2020. <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>.
- [9] Guinovart Díaz, R., I. Abelló Ugalde y W. Morales Lezaca: *La ocurrencia de rebrotes de la COVID-19 y su relación con el número reproductivo*. Revista Cubana de Higiene y Epidemiología, 57:e303, 2020. [http://scielo.sld.cu/scielo.php?pid=S1561-30032020000100020&script=sci\\_arttext&tln=pt](http://scielo.sld.cu/scielo.php?pid=S1561-30032020000100020&script=sci_arttext&tln=pt).
- [10] Huang, Q. and Y. Zhang: *Mathematical Modeling of COVID-19 with Variable Transmission Rates*. Bulletin of Mathematical Biology, 85(3):36, 2023. <https://doi.org/10.1007/s11538-023-01034-8>.
- [11] Iglesias Martínez, M.E., J.C. Castro Palacio, P. Fernández de Córdoba, J.M. Isidro, and E. Navarro Pardo: *Feature extraction and similarity of movement detection during sleep, based on higher order spectra and entropy of the actigraphy signal: Results of the Hispanic Community Health Study/Study of Latinos*. Sensors, 12(18):4310, 2018. <https://www.mdpi.com/1424-8220/18/12/4310/pdf>.
- [12] Johns Hopkins University: *Coronavirus COVID-19 Global Cases by the Center for Systems Science and Engineering*, 2020. <https://www.rfp.org/resources/coronavirus-covid-19-global-cases-by-the-center-for-systems-science-and-engineering-csse-at-johns-hopkins-university-jhu/>.
- [13] Jones, M.E., R.T. Smith, and A.B. White: *Modeling Epidemics in Real-Time Using Differential Equations*. Journal of Mathematical Biology, 86(2):89–112, 2023. <https://doi.org/10.1007/s00285-023-01756-x>.
- [14] Liu, X., X. Zhao, and Y. Yu: *COVID-19 Transmission Dynamics: A Mathematical Approach*. Mathematical Biosciences, 342:108670, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2022.108670>.
- [15] Medina Mendieta, J.F., M. Cortés Cortés, and M. Cortés Iglesias: *COVID-19 Forecasts for Cuba Using Logistic Regression and Gompertz Curves*. MEDICC Review, 22(3), 2020. [https://www.scielo.org/article/ssm/content/raw/?resource\\_ssm\\_path=/media/assets/medicc/v22n3/1555-7960-medicc-22-03-00032.pdf](https://www.scielo.org/article/ssm/content/raw/?resource_ssm_path=/media/assets/medicc/v22n3/1555-7960-medicc-22-03-00032.pdf).
- [16] Medina Mendieta, J.F., M.E. Cortés Cortés, M. Cortés Iglesias, A.C. Pérez Fernández y M. Manzano Cabrera: *Estudio sobre modelos predictivos para la COVID-19 en Cuba*. Medisur, 18(3), 2020. <https://www.medigraphic.com/pdfs/medisur/msu-2020/msu203n.pdf>.
- [17] Mosquera, L.A. y M.H. Perea: *Modelo matemático para la enfermedad del dengue*. Boletín de Matemáticas, XIII(2):176–185, 2006. <https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/2382887.pdf>.
- [18] Pérez, J., S. Hoyas, D. L. Skuratov, Y. Ratis, I.A. Selezneva, P. Fernández de Córdoba, and J. Urchueguía: *Heat Transfer Analysis of Intermittent Grinding Process*. International Journal of Heat and Mass Transfer, 51:4132–4141, 2008. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0017931008000148>.
- [19] Pérez, J., F.R. Villatoro, J.L. González Santander, M.A. Borovsky, Y.L. Ratis, and E.A. Izzheurov: *Heat transfer between a gas and an ultralow thermal conductivity porous structure*. Applied Mathematics and Computation, 204:687–700, 2008. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0096300308005390>.
- [20] Prades Escobar, E. y D. Marín Sánchez: *Modelos estadísticos para las predicciones de la COVID-19 en Cuba*. Revista Cubana de Higiene y Epidemiología, 57:e303, 2020. <https://www.medigraphic.com/pdfs/revcubhigepi/chi-2020/chi201d.pdf>.
- [21] Zill, D.G.: *Ecuaciones diferenciales ordinarias con aplicaciones de modelado*. International Thomson Editores, 6ed edición, 1997, ISBN 968-7529-21-0. [https://fiq.umich.mx/educenter/ficheros/cartas\\_descriptivas/Ecuaciones%20Diferenciales.pdf](https://fiq.umich.mx/educenter/ficheros/cartas_descriptivas/Ecuaciones%20Diferenciales.pdf).

