

Estimation of maximum number of vaccines in America against the Covid-19

Raúl Isea

▶ **To cite this version:**

Raúl Isea. Estimation of maximum number of vaccines in America against the Covid-19. Conocimiento Libre y Licenciamiento (CLIC), 2020, 22, pp.97-102. hal-03521000

HAL Id: hal-03521000
https://hal.science/hal-03521000

Submitted on 11 Jan 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Centro Nacional de Desarrollo e Investigación en Tecnologías Libres (CENDITEL)
Revista Electrónica Conocimiento Libre y Licenciamiento (CLIC), Mérida – Venezuela
ISSN: 2244-7423

Estimación del número máximo de vacunas en América contra la Covid-19

Estimation of maximum number of vaccines in America against the Covid-19

Raúl Isea
Fundación Instituto de Estudios Avanzados
raul.isea@gmail.com

Fecha de recepción: 17/10/2020
Fecha de aceptación: 22/10/2020
Pág: 97- 102

Resumen

El presente trabajo estima el número máximo de vacunas necesarias para combatir la Covid-19 en diecisiete países en América, basados en el número de reproducción efectiva dependiente del tiempo (R_TS) de acuerdo a los registros diarios en la Universidad Johns Hopkins. Los países seleccionados fueron Venezuela, Colombia, Ecuador, Perú, Brasil, Argentina, Chile, Uruguay, Paraguay, México, Panamá, Guatemala, Honduras, EE.UU., Canadá, Haití y República Dominicana.

Palabras Clave:C Covid-19; América; Vacunas; R_T; Número de reproducían dependiente del Tiempo; SARS-CoV-2

Abstract

The present work estimate the maximum number of vaccines necessary to combat the Covid-19 in seventeen countries in America, based on the time-dependent effective reproduction number (R_TS) according to daily records at Johns Hopkins University. The selected countries were Venezuela, Colombia, Ecuador, Peru, Brazil, Argentina, Chile, Uruguay, Paraguay, Mexico, Panama, Guatemala, Honduras, USA, Canada, Haiti and the Dominican Republic.

Keywords: Covid-19; America; Vaccine; Time-dependent reproduction number; RT; SARS-CoV-2

Introducción

El mundo está enfrentando una pandemia causada por un nuevo coronavirus (SARS-CoV-2) que ha generado más de treinta millones de contagios y novecientos mil fallecidos distribuidos en más de 180 países, de acuerdo a los datos registrados por la Universidad Johns Hopkins hasta el 24 de Septiembre de 2020.

Gracias al registro diario de casos, es posible monitorear y diseñar las políticas en salud pública necesarias para frenar el avance de esta enfermedad hasta disponer de una vacuna efectiva contra la misma [Isea, 2020a, Isea, 2020b, Kissler, et al., 2020].

Actualmente existe un esfuerzo internacional para desarrollar una vacuna, por lo que el próximo paso es estimar el número máximo de vacunas a partir del valor del número efectivo de reproducción dependiente del tiempo, R_T, también conocido como número efectivo de reproducción (R_e). Recordemos que dicho valor representa el número medio de infecciones secundarias generadas por una persona infectada en función del tiempo [Mahase, 2020].

Frecuentemente suele determinarse el valor de R_0, conocido como el número básico de reproducción, que describe la cantidad de personas infectadas en promedio, cuando la población es susceptible a contraer una epidemia, y por ende, no hay ningún tipo de inmunidad. De hecho, se ha indicado que este valor es aproximadamente 2.63 como señala recientemente Mahase (2020), pero a lo largo de múltiples trabajos científicos, el mismo ha oscilado entre 0.4 hasta 4.6 [Mahase, 2020]. Este tipo de comportamiento fue observado en el sarampión, donde los valores giran entre 3.7 a 203.03 [Delamater et al., 2019].

En tal sentido, suele utilizarse el número efectivo de reproducción dependiente del tiempo (R_T) que es el número de personas de una población que puede estar infectadas por un individuo en un intervalo de tiempo, considerando además un margen de la población que es inmune contra dicha enfermedad. La relación entre R_0 y R_T es simplemente,

$$R_T = R_0(1 - N^*) \tag{1}$$

donde N^* es la proporción de la población susceptible que está inmunizada, así como consideran los efectos del distanciamiento social, etc. Lamentablemente este último valor (N^*) no es fácil de calcular para el caso del SARS-CoV-2 hasta que se inicien las campañas de vacunación.

Metodología

Los datos fueron obtenidos del repositorio de la Universidad Johns Hopkins hasta el 24 de Septiembre de 2020 (disponibles en la página Web `coronavirus.jhu.edu/map`). Del registro diario se determino el número efectivo de reproducción dependiente del tiempo (R_T) siguiendo el procedimiento publicado [Isea y Lonngren 2020, Isea y Lonngren, 2018, Isea y Lonngren, 2017, Neal y Theparod, 2019]. La misma consiste en evaluar numéricamente una función generatriz del tiempo (traducción de *generation time*) frecuentemente abreviada como mGT, que depende

del tiempo transcurrido entre los casos infectados (ver los detalles matemáticos en Wallinga y Lipsith, 2007) [Wallinga y Lipsith, 2007].

Actualmente no existen datos concluyentes del porcentaje de la población que ha generado inmunidad contra la Covid-19, suele sugerirse un factor que puede oscilar entre 0.5 a 0.9 [Mahase, 2020]: Por ello, se van a suponer dos escenarios diferentes en el trabajo, es decir, cuando toda la población es susceptible a contraer dicha enfermedad sin ningún tipo de inmunidad ni medidas de distanciamiento social en el país (abreviado como V_{MAX}), dado por:

$$V_{MAX} = (1 - \frac{1}{R_T})N \tag{2}$$

donde N es la población total (los datos por países fueron obtenidos en `www.ourworldindata.org`); mientras que el segundo escenario es cuando suponemos un 20 % de la población adquirió inmunidad contra el virus y además respecta las medidas de distanciamiento social (V_E^*) , es decir, $N^* = 0.2$ en la ecuación 1. Demás está indicar que este valor puede variar de acuerdo a la idiosincrasia del autor hasta que se inicien las campañas de vacunación.

Resultados

En la Tabla se indica la población total de cada país, así como los valores obtenidos del valor de R_T. Es interesante destacar que los países con mayor valor de R_T fueron Canadá (3.07), Brasil (3.06) y Estados Unidos (3.04). Dichos valores reflejan el incremento de casos, mientras que Uruguay (1.45) y Paraguay (1.50) son los que presentan menor tasa de contagio.

A partir del valor de R_T, fue posible determinar el número de vacunas necesarias para evitar un brote epidémico, y a modo de ejemplo, consideremos el caso de Venezuela, cuya población asciende a 32.219.521 habitantes. El valor obtenido de R_T fue 2.13, de modo que el número de vacunas requeridas para proteger a la población venezolana sin considerar inmunidad ni políticas públicas que ayuden a controlar el virus es igual a $(1 - \frac{1}{2.13}) \cdot 32219521$, es decir, 17.092.985 vacunas.

Este último valor está sobreestimado al no considerar inmunidad ni los efectos debidos a las medidas adoptadas para controlar al virus por cada país. Por ello, al desconocer dicha proporción, se ha supuesto un valor mínimo del 20 % (es decir, $N^* = 0.2$ en la ecuación 1), por lo que solo se necesitarían adquirir un máximo de 13.311.351 vacunas en Venezuela según este segundo esquema (ver Tabla 1 para detalles).

Tabla 1: Población total de cada país y el valor del numérico efectivo promedio R_T. Finalmente el número máximo de vacunas sin considerar inmunidad en la población ni cumplimiento de las medidas de control del virus (V_{MAX}), y cuando se supone una proporción mínima del 20 % que está inmune contra el virus (V_E^*).

País	Población	R_T	V_{MAX}	V_E^*
Venezuela	32.219.521	2.13 ± 0.06	17.092.985	13.311.351
Colombia	50.882.884	2.10 ± 0.06	26.652.939	20.595.453
Ecuador	17.643.060	1.97 ± 0.30	8.687.192	6.448.225
Perú	32.971.846	1.55 ± 0.02	11.699.687	6.381.648
Brasil	212.559.409	3.06 ± 0.04	143.095.550	125.729.585
Argentina	45.195.777	1.75 ± 0.05	19.369.619	12.913.079
Chile	19.116.209	2.18 ± 0.10	10.347.306	8.155.080
Uruguay	3.473.727	1.45 ± 0.63	1.078.053	479.135
Paraguay	7.132.530	1.50 ± 0.03	2.377.510	1.188.755
México	128.932.753	1.83 ± 0.06	58.477.697	40.863.933
Panamá	4.314.768	2.68 ± 0.15	2.704.780	2.302.283
Guatemala	17.915.567	2.57 ± 0.08	10.944.529	9.201.770
Honduras	9.904.608	1.65 ± 0.05	3.901.815	2.401.117
EE.UU.	331.002.647	3.04 ± 0.03	222.120.197	194.899.585
Canadá	37.742.157	3.07 ± 0.09	25.448.295	22.374.829
Haití	11.402.533	1.52 ± 0.12	3.900.867	2.025.450
Rep. Dominicana	10.847.904	1.75 ± 0.05	4.649.102	3.099.401

Finalmente, el número total de vacunas requeridas en América para combatir al nuevo coronavirus (SARS-CoV-2) puede oscilar entre 472 a 572 millones de vacunas únicamente en estos 17 países, dependiendo de los escenarios manejados en el trabajo. Asimismo, asumir una proporción superior al 20 % en el segundo escenario, implicaría que se requieren menos vacunas para erradicar el virus. Curiosamente más de la mitad de las vacunas se centran en Brasil y Estados Unidos.

Conclusiones

El trabajo determina el número de personas que se deberían vacunar en diecisiete países en América para contrarrestar los contagios por Covid-19 en Venezuela, Colombia, Ecuador, Perú, Brasil, Argentina, Chile, Uruguay, Paraguay, México, Panamá, Guatemala, Honduras, EE.UU., Canadá, Haití y República Dominicana. En vista que se desea estimar el número máximo de vacunas que permita contrarrestar la Covid-19, se ha manejado dos escenarios posibles, es decir, cuando se carece de inmunidad en la población (V_{MAX} en la Tabla 1), y cuando existe una fracción de la población que obedece el distanciamiento social y ha adquirido inmunidad contra el virus (V_E^*).. Sin embargo, este último valor puede variar de acuerdo al modelo o la

idiosincrasia del autor del estudio hasta que se inicien las campañas de vacunación.

Por todo ello, el valor máximo de vacunas que ayuden a contrarrestar los efectos de la Covid-19 oscila entre 472 a 572 millones dependiendo del escenario considerado en el trabajo como se detalla en la Tabla 1.

Agradecimientos

El autor agradece los comentarios de los revisores para mejorar la calidad del trabajo.

Bibliografía

[Delamater et al., 2019] Delamater, PL, Street EJ, Leslie TF, Yang YT, Jacobsen KH (2019). Complexity of the basic reproduction number (R0). *Emerg. Infect Dis.* Vol 25: 1.

[Isea, 2020a] Isea, R. (2020a) La dinámica de transmisión del Covid-2019 desde una perspectiva matemática. *Revista Observador del Conocimiento*, Vol. 5(1): 15.

[Isea, 2020b] Isea, R. (2020b) A preliminary model to describe the transmission dynamics of Covid-19 between two neighboring cities or countries. *MedRxiv* ID: 20156695.

[Isea y Lonngren 2020] Isea, R., y Lonngren, KE. (2020). A quick look at the registered cases of Covid-19 throughout the world. *International Journal of Coronavirus*, Vol. 1(3): 15.

[Isea y Lonngren, 2018] Isea, R.,y Lonngren, KE. (2018). Toward an early warning system for Dengue, Malaria and Zika in Venezuela. *Acta Scientific Microbiology*, Vol. 1(3): 30.

[Isea y Lonngren, 2017] Isea, R., y Lonngren, KE. (2017). Proposal For An Early Warning System Against An AH1N1 Influenza Pandemic In America. Adv. *Research Journal of Medicine and Medical Science*, 1(2): 1.

[Isea y Mayo-García, 2020] Isea, R. y Mayo-García, R. (2020). Dynamics of infections and number of vaccines needed to avoid Covid-19 in Europe. *International Journal of Coronavirus*. Vol. 2(1):14.

[Kissler, et al., 2020] Kissler, AJ., Tedijanto, C., Goldstein, E., Grad, YH., y Lipsitch, M. (2020). Projecting the transmission dynamics of SARS-CoV-2 through the postpandemic period. *Science*, Vol. 368: 860.

[Mahase, 2020] Mahase, E. (2020). *Covid-19: what is the R number?* BMJ, Vol. 369: m1891.

[Neal y Theparod, 2019] Neal, P., y Theparod, T. (2019). *The basic reproduction number, R0, in structured populations.* arXiv ID: 1903.10353.

[Wallinga y Lipsith, 2007] Wallinga, J. y Lipsith, M. (2007). How generation intervals shape the relationship between growth rates and reproductive numbers. Proceedings of the Royal Society B: *Biological Science*. Vol. 274: 599.