

UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO

CAMPUS LEÓN DIVISIÓN CIENCIAS DE LA SALUD

DEPARTAMENTO DE MEDICINA Y NUTRICIÓN



TESIS DE LICENCIATURA

Comportamiento crítico de la pandemia por SARS-CoV-2:

La Geometría del contagio

Que para obtener el grado de:

Licenciatura

P r e s e n t a :

Diego Noé Maya Ortíz

Directores de Tesis

Dra. Mónica del Carmen Preciado Puga

Dr. José de Jesús Bernal Alvarado

UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO

CAMPUS LEÓN DIVISIÓN CIENCIAS DE LA SALUD
DEPARTAMENTO DE MEDICINA Y NUTRICIÓN



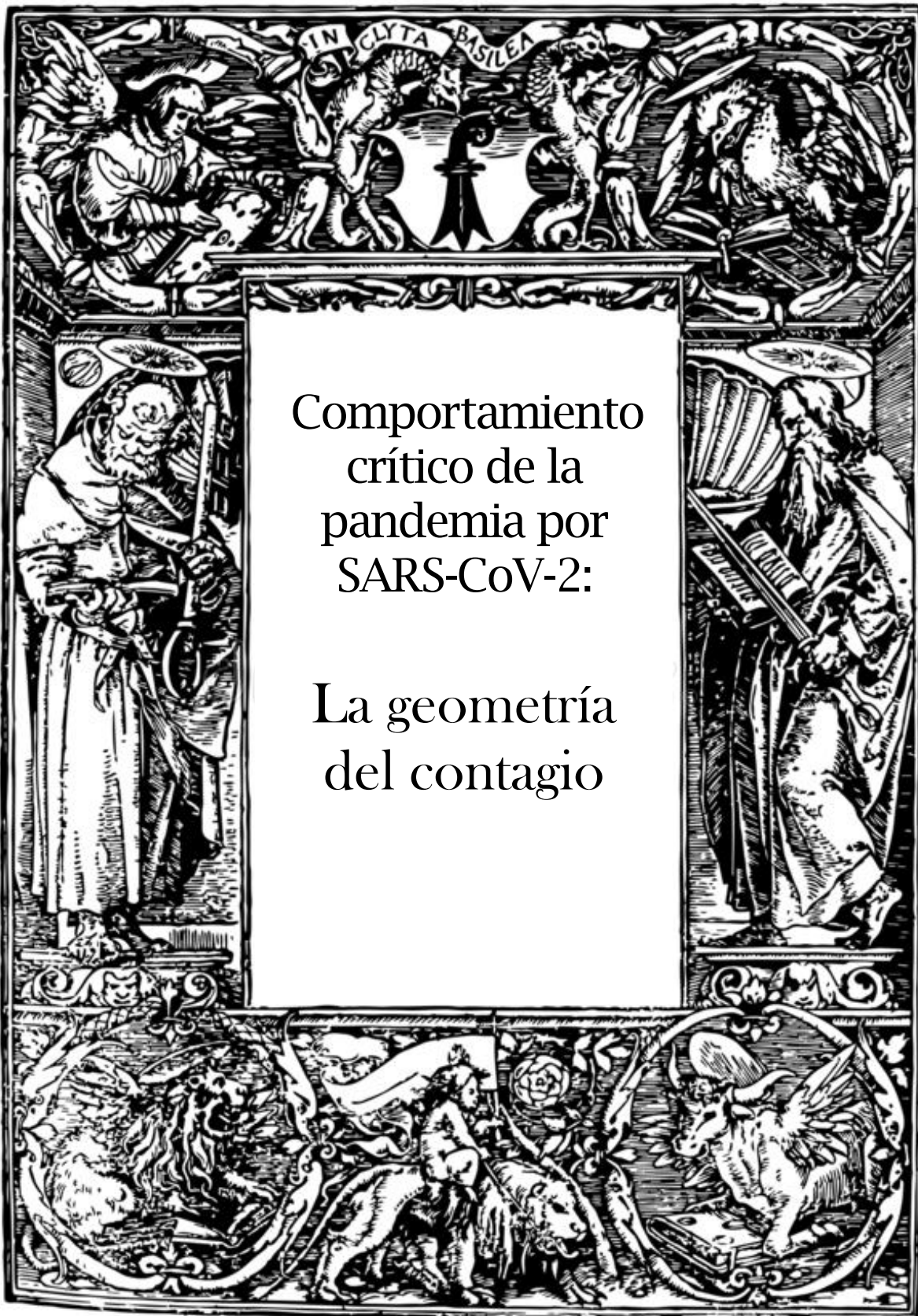
Diego Noé Maya Ortíz

Tesis de Licenciatura

2022

Comportamiento crítico de la
pandemia por SARS-CoV-2:

La Geometría del Contagio



Comportamiento
crítico de la
pandemia por
SARS-CoV-2:

La geometría
del contagio

UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO
CAMPUS LEÓN DIVISIÓN DE CIENCIAS DE
LA SALUD

DEPARTAMENTO DE MEDICINA Y
NUTRICIÓN

Dra. Mónica del Carmen Preciado Puga
Directora del Departamento de Medicina y Nutrición

Dr. José de Jesús Bernal Alvarado
Profesor Titular A del Departamento de Ingeniería Física, División
de Ciencias e Ingenierías

Dra. Lorena del Rocío Ibarra Reynoso
Coordinadora Maestría en Ciencias Médicas



VENETIIS APVD IVNTAS. M D LXV.



Comportamiento crítico de la pandemia por SARS-CoV-2:

La geometría del contagio

Sustentante:

Diego Noé Maya Ortíz

Programa de licenciatura:

Médico cirujano

del Departamento de Medicina y Nutrición.

Campus León – División de Ciencias de la Salud

de la Universidad de Guanajuato 2020.

Directores:

Dra. Mónica del Carmen Preciado Puga

Dr. José de Jesús Bernal Alvarado

Universidad de Guanajuato.

DEDICATORIA

A Cristo Rey.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad de Guanajuato, porque entre los pasillos, aulas y espacios que generosamente ofrece a sus estudiantes, se forjó gran parte de quien soy y de lo que poseo en conocimientos. A mis directores, Dra. Mónica del Carmen Preciado Puga y al Dr. José de Jesús Bernal Alvarado por su consistente ayuda, y por confiar en este proyecto, por guiarme bajo su dirección y dedicación para revisar este proyecto de tesis, pero por sobre todo por creer en mi desempeño y por el surgimiento de una fraternidad mutua. A mis padres: Josafat Maya Peña y Ma. Carmen Ortíz Ibarra. A mi padre, por ser un ejemplo de vida, por mostrarme qué hay en la vida, por enseñarme el valor de la palabra, y por sembrar las semillas que ahora rinden sus frutos. A mi madre, por ser el mejor ejemplo que tengo para definir lo que es el amor, por cargar desde antes que naciera con todo el peso de mi alma y mi ser. Sin tu eterna labor, no hubiera podido lograr nada. A todos los que les antecedieron, conocidos y desconocidos, con su actuar nos condujeron a este bendito tiempo y a este bendito destino. Sobre todo, ofrezco este trabajo a Dios, pues sin Él nada es, por conocer mi nombre. Por mostrarme lo infinita de su gracia y obra, por ser la fuerza primordial que mueve todo y quien posee la única absoluta conciencia de las cosas, por ser mi guía en senderos desconocidos y la fuente de nuestro entendimiento. A mi compañeros y amigos, por su constante apoyo, su innegable ayuda, por aportar todos a este trabajo en gran medida; esto no hubiera sido posible si no hubiese contado con tu ayuda, gracias. A todos los pueblos de México, pues el devenir histórico de esta gran nación condujo inevitablemente a que ahora yo me encuentre aquí, y es esta esencia la que se imprime en el alma de este trabajo, a vuestro bienestar entrego mi esfuerzo.

«Quien a Dios tiene, nada le falta. Sólo
Dios basta.»
Santa Teresa de Jesús

RESUMEN

Objetivo: Mediante la teoría de percolación describir el avance geográfico y temporal de la pandemia de SARS-CoV-2 en México, así como producir estimaciones del tiempo para alcanzar la concentración crítica ρ_c .

Métodos: Estudio observacional, retrospectivo, transversal y descriptivo. Se obtiene de la base de datos abiertos COVID-19 una lista de todas las pruebas diagnósticas realizadas para SARS-CoV-2, se filtran únicamente las pruebas con resultado positivo, para luego obtener el primer registro positivo de cada ciudad, unimos la fecha del primer registro positivo al código único de ciudades (CTUID). Procedemos a sumar el total de ciudades que se infectan día a día, desde el 23 de marzo hasta el 7 de agosto. Graficamos el ascenso en el número de municipios conforme al tiempo, así se consigue realizar una regresión lineal entre la proporción ρ de municipios infectados vs el tiempo, obteniendo una ecuación del tipo a_0+a_1x , la cual se iguala a la función $\frac{\rho}{1-\rho}$. En esta se sustituye ρ con $\rho_c=0,5927$ con el fin de producir estimaciones de tiempo para alcanzar dicho umbral, con base en los datos disponibles a los 10, 15, 20, 25 y 30 días de iniciada la cuarentena.

Resultados: Se observó la aparición del clúster único percolante abarcando la extensión del país para el día 89 desde el primer caso registrado, versus la estimación de 90 días calculados. Al momento de la percolación el 59,61% de los municipios del país se encontraba contagiado, muy cercano al valor esperado de 59,27%.

Conclusiones: Los hallazgos sugieren que la teoría de la percolación tiene utilidad y aplicación para modelar, describir y realizar predicciones tempranas sobre el comportamiento futuro de un proceso epidémico, mostrando un adecuado ajuste a la regresión, incluso con pocos días de evolución.

Palabras clave: Coronavirus, SARS-CoV-2, Teoría de percolación

SUMMARY

Objective: To describe the geographic and temporal advance of the SARS-CoV-2 pandemic in Mexico using percolation theory, and to produce estimates of the time needed to reach critical concentration ρ_c .

Methods: Observational, retrospective, cross-sectional and descriptive study. From the COVID-19 Open Data Base, a list of all the SARS-CoV-2 diagnostic tests performed will be obtained, then proceed to filter only the positive tests, after that, obtained the first confirmed patient for each municipality and linked the register to a unique city code. Subsequently proceed to add up the total amount of infected municipalities for each day from march 23rd to august 7th. Next graphic the increase in infected municipalities versus time, to get a linear regression between the p proportion of infected municipalities and time, so to get an a_0+a_1x equation, equaling it to the function $\frac{p}{1-p}$. Then substitute p with $p_c=0,5927$ as to get time estimations to reach such threshold according to the data available at days 10, 15, 20, 25, 30 days after the quarantine began.

Results: The presence of a unique percolating cluster spanning all over the country was observed at day 89 since the first registered case, in comparison with the 90 days expected. At the moment the percolation occurred, the 59,61% of the municipalities had been infected, very close to the expected 59,27%.

Conclusions: The Findings suggest that the percolation theory has utility and application in modelling, describing and to make predictions about the future epidemic behavior, showing an adequate regression fitting, even within few days of evolution.

Keywords: Coronavirus, SARS-CoV-2, Percolation theory.

Contenido

RESUMEN.....	12
SUMMARY	13
Antecedentes	18
Modelando una epidemia	18
Teoría del caos.....	18
MARCO TEÓRICO	21
Antecedentes históricos	22
Grandes epidemias del siglo XX y XXI	22
- La pandemia por influenza de 1918 -	22
Crisis de SARS de 2003.....	22
Pandemia por influenza en 2009	23
La actual pandemia por SARS-Cov-2.....	23
El origen del SARS-CoV-2	23
La familia de los coronavirus	23
Aspectos distintivos del SARS-CoV-2	24
Tropismo celular del virus	24
Internamiento del virus a la célula	24
Replicación del virus	25
Manifestaciones clínicas de la infección por el virus.....	25
Fases de la epidemia.....	26
Los primeros meses de la epidemia	26
Fase dos de la epidemia en México.....	27
Reducción de la movilidad en México	27
Afección por grupos etarios.....	29
El peso de la enfermedad para el sistema de salud	29
La teoría de percolación	31
Los primeros postulados.....	31
Percolación por sitios.....	32
La geometría del contagio	33
Descripción del modelo	33
Factores geográficos de México.	34
Avance geográfico de la epidemia.....	34
Planteamiento general y estado de la cuestión	38

Marco de estudio y punto de vista	38
Pregunta de investigación	38
Justificación	38
Hipótesis	39
Objetivos de la investigación	39
Metodología	¡Error! Marcador no definido.
Materiales y métodos	40
Criterios de selección.....	40
Operacionalización de variables	41
Procedimiento general	42
Obtención de los primeros contagios.....	42
Elaboración de mapas.....	42
Descripción mediante la percolación	42
El aumento de ciudades infectadas y la proporción P.....	45
Prediciendo el tiempo para alcanzar la percolación.....	46
Descripción de clústeres.....	43
Análisis visual de los mapas de contagio	42
Concordancia con la realidad	44
Obtención de factores para la ecuación y generación de predicciones.....	47
Resultados	49
Comportamiento de la epidemia.....	49
La expansión de la epidemia	57
Discusión.....	58
Correlación con las investigaciones previas.	58
Sobre la estructura de los clústeres.	58
Pronósticos matemáticos.	58
Modelado de escenarios y predicción del comportamiento.....	59
Aplicación en el contexto de la epidemia por COVID-19 en México.	59
Significado de los resultados matemáticos.	¡Error! Marcador no definido.
Influencia del medio geográfico en el desarrollo de la epidemia.	60
El aumento de la proporción P de ciudades ocupadas.....	61
Conclusiones y perspectivas	63
Bibliografía.....	66

<i>Ilustración a Presencia en comercio minorista y de recreación respecto a la línea base</i>	28
<i>Ilustración b Uso de estaciones de transporte respecto a la línea de base</i>	28
<i>Ilustración c Presencia en puestos de trabajo respecto a la línea base</i>	28
<i>Ilustración d Presencia en zonas habitacionales respecto a la línea de base</i>	29
<i>Ilustración 5: Regiones fisiográficas de México</i>	34
<i>Ilustración 6 Mapa de la república mexicana que muestra la densidad poblacional del país.</i>	34
<i>Ilustración 7: Escenario recreado de lo sucedido en el valle de México. Progresión del tamaño de clústeres. Elaboración propia con datos de la Secretaría de Salud.</i>	42
<i>Ilustración 8: Ilustraciones que muestran la situación de ocupación del país en dos momentos distintos, primero con una ocupación de $p=0,1$ y la situación final a la que se enfrentaba el país con una ocupación $p=0,8$. Se muestra la compleja estructura de un clúster único percolante. En este momento, la probabilidad de hallar un clúster aislado, deberían ser cercanas a cero.</i>	43
<i>Ilustración 9: Mapa que recrea un escenario de ocupación $p=0,5$ del país. En estas etapas los clústeres cubren cifras que rondan los miles de municipios. Una gran porción de los clústeres ha confluído previamente a clústeres que ahora cubren una superficie que se extiende a través de múltiples estados. Elaboración propia con datos de la Secretaría de Salud.</i>	43
<i>Ilustración 10: Muestra una ocupación $p=0,6$ en el país. Los clústeres confluyen a un clúster único, comunicando a través de esta red ambos extremos del país. La zona ampliada muestra el lugar donde por fin se comunican los clústeres en la recreación. Elaboración propia con datos de la Secretaría de Salud.</i>	44
<i>Ilustración 11: Sitios fronterizos del país que deben ser tomados como puntos finales del recorrido del clúster</i>	44
<i>Ilustración 12: Se observa la aparición de un clúster único percolante que permite desplazarse de manera teórica entre los dos extremos del país.</i>	48
<i>Ilustración 13 a, b y c: Muestra el aumento de ciudades contagiadas en el centro del país en el marco de la primera fase de contingencia sanitaria por COVID-19. a 28 de febrero. b 15 de marzo. c 20 de marzo.</i>	49
<i>Ilustración 14: Extensión de la epidemia al día 20 de marzo.</i>	49
<i>Ilustración 15: Situación en el país el día 25 de mayo, día en que el sistema alcanzó una proporción de ocupación $p=0,5927$.</i>	50
<i>Ilustración 16: Ocupación de ciudades. A. 1 de abril $p=0,06$. B. 11 de abril $p=0,2$. C. 21 de abril $p=0,3$. D. 1 de mayo $p=0,4$.</i>	51
<i>Ilustración 17: Detalle de la región centro del país el día 26 de marzo de 2020. Ocupación del 7,8% del país.</i>	51
<i>Ilustración 18: Situación en el día 6 de abril en el país, ocupación del 15,16%.</i>	52
<i>Ilustración 19: Altiplanicie mexicana $p=0,19$</i>	52
<i>Ilustración 20: Región sur del país el día 21 de abril de 2020, ocupación del 29,18%.</i>	53
<i>Ilustración 21: Frontera norte del país el día 30 de abril, ocupación de 977 ciudades de un total de 2461, correspondiente a 39,7%.</i>	53

Antecedentes

A inicios del año 2020, la comunidad mundial se cimbró con la aparición de un agente viral desconocido. El nuevo coronavirus, SARS-CoV-2, causante de la enfermedad COVID-19, se convirtió desde entonces y por tiempo indefinido, en una preocupación sanitaria internacional (1,2).

COVID-19, consiste en una neumonía intersticial, con letalidad variable, estimada en los primeros meses del brote en 5% (1). Sin embargo, considerando que no se conoce aún un caso de inmunidad, toda la población es susceptible de contraer el mal. Sumado a esto, SARS-CoV-2, lo mismo que otras epidemias, ha demostrado tener potencial para difundir por los territorios por lo que resulta necesario decir que se trata de una enfermedad para la cual no tenemos defensa apropiada.

Modelando una epidemia

Diversos modelos matemáticos (p. ej. SIR, SIRS, SIERS) han sido utilizados para emular el comportamiento de una epidemia (3,4). Sin embargo, estos modelos basan sus cálculos en el contagio dentro de una población con un número establecido de habitantes dentro de ella. Esto le otorga un carácter que lo limita a una sola población, por lo que no se puede evidenciar el desplazamiento entre comunidades. En ese sentido, los modelos antes mencionados se pueden contar entre los llamados modelos deterministas, estos realizan predicciones por medio de condiciones iniciales conocidas. Se afirma que se puede conocer de manera *exacta* el estado futuro de un sistema, si se conocen las condiciones iniciales. En ese sentido hemos de decir que, en condiciones de la vida real, pocas veces podremos tener mediciones que sean cien por ciento certeras. Por su parte, un modelo estocástico tiene un desarrollo dinámico. El desarrollo del proceso se ve sometido a influencias o efectos aleatorios que pueden o no estar relacionadas entre sí (5). Aquí hace su entrada el tema que nos atañe. En una epidemia existe diseminación de una cierta enfermedad a través de diferentes territorios. Sin embargo, este aumento de poblados ocupados no es de carácter estrictamente lineal, si no que evoluciona de manera imprevisible con el tiempo. Lo mismo que el comportamiento errático observado en los movimientos de la bolsa de valores, se trata de un comportamiento de tipo estocástico, influenciado por un sin fin de factores (5). En ese sentido, la teoría de percolación se propuso como un modelo que pretende explicar y representar el desplazamiento que evidencia la naturaleza real de este movimiento casi aleatorio de un proceso infeccioso; el método cuenta con antecedentes de su aplicación en el contexto de la pandemia de influenza A H1N1 en el 2009 cuando Canals y colaboradores (4,6), postularon la hipótesis sobre el uso de la teoría de percolación durante el transcurso de la pandemia por influenza A H1N1, de esta manera analizaron el ritmo de expansión de la pandemia por los diferentes territorios y de esta manera se pudo realizar una estimación del comportamiento futuro mediante la teoría de percolación. Mediante una transformación logarítmica se hace posible realizar predicciones mediante una regresión lineal simple basada en un conjunto de datos armonizados por esta transformada, que de otra manera se trataría de una serie de datos aleatorios.

Teoría del caos

El azar juega un rol de gran envergadura en los procesos de la vida, a escala microscópica, las moléculas están en constante movimiento aleatorio. En una escala mayor, los genes mutan y se

recombinan por procesos azarosos. Macroscópicamente, el clima puede afectar la forma de vida en una región entera o incluso de un continente. Por último, en una escala realmente grande, eventos astronómicos aleatorios, como impactos, pueden causar extinción en masa; por esa razón, se necesita un modelo que logre describir estos eventos sin conexión aparente que parecen enlazados de una manera azarosa, a fin de describir su desarrollo y realizar predicciones derivadas de su análisis. En ese aspecto, el famoso efecto mariposa nos dice que un cambio en las condiciones iniciales, a la larga puede traer como resultado un escenario totalmente distinto al proyectado. La teoría de percolación, a pesar de su nombre poco sonado, enfoca su estudio en la descripción de procesos que se hallan en un amplio rango de sucesos, reunidos dentro de los llamados *fenómenos complejos*. En este sentido se ha demostrado que los procesos epidémicos en distintas poblaciones y organismos entran en este grupo de fenómenos. Así, la teoría de percolación, propone explicar de qué modo ciertos *procesos* se difunden por un medio. Dicha teoría se ha utilizado con éxito a fin de pronosticar en qué momento una enfermedad va a difundir a lo largo de entidades geográficas, no obstante, al día de hoy, son pocos los estudios de esta propiedad de difusión de la enfermedad.

MARCO TEÓRICO

Antecedentes históricos

Grandes epidemias del siglo XX y XXI

- La pandemia por influenza de 1918 -

El siglo 20 trajo consigo una crisis sanitaria de escala mundial que se cobró la vida de más de 50 millones de personas al rededor del mundo, más que las bajas generadas por el conflicto bélico de la primera guerra mundial. Se trata de la epidemia conocida como gripe española, notable por su severidad (7–9). Se vio perpetuada por las precarias medidas sanitarias que se podrían esperar en las trincheras del frente. Llevada por los soldados y marinos estadounidenses a su entrada a la guerra en 1918, causó gran número de bajas (7). La epidemia que habría de suceder entre los años de 1918 y 1919 fue ocasionada por un virus influenza A H1N1 recombinante. Cuenta en su estructura con dos proteínas: neuraminidasa y hialuronidasa. Estas tienen la capacidad para mutar cada año, posibilitando la reinfección. Es de interés hacer notar que se han aislado cepas de influenza en aves, caballos, puercos e incluso delfines; constituyendo una potencial amenaza la constante mutación del virus (7,9).

Crisis de SARS de 2003

Antes del año 2003 solo se conocían dos coronavirus que podían causar enfermedad en humanos: HCoV-229E y el HCoV-OC43. La infección por estos se presenta como un cuadro del tipo resfriado común, generalmente de con manifestaciones leves pudiendo llegar a ser más grave en niños, personas inmunosuprimidas y adultos mayores (10).

En noviembre de 2002 se presentó un brote de “neumonías atípicas” de origen desconocido, en Foshan, China, que más tarde se concluyó eran debidas al SARS-CoV. Causó centenares de decesos en los meses siguientes mientras se propagaba por el sudeste asiático (9).

Se cree que el origen de la infección pudo estar localizado en la región de Guangdong a finales del 2002, donde empezaría la transmisión. Sería en Hong Kong donde finalmente se dieron los primeros reportes (10,11), luego se daría a conocer que el virus fue llevado a la isla por un médico que atendió procesos infecciosos similares en China (10). No se identificó al SARS-CoV si no hasta el 23 de marzo, luego de cientos de casos; se supo que el cúmulo de neumonías que se dio cuatro meses antes era atribuible a la infección por este virus SARS-CoV (10,11).

Se ha encontrado evidencia de coronavirus similares al SARS en un grupo de especies salvajes consumidas como manjares en el sur de China, entre las que figuran: el gato civeta o paguma (*Paguma larvata*), el tejón turón chino (*Melogale moschata*) y el perro mapache japonés (*Nyctereutes procyonoides*) (11–13). También se registró transmisión sostenida del virus en hurones y gatos domésticos a animales previamente sanos, no obstante que el reservorio natural no ha sido esclarecido.

La epidemia de SARS-CoV duró poco, y la OMS la declaró extinta en julio de 2003, luego de 8 096 casos y 774 muertes en 29 países. Desde entonces se han presentado cuatro incidentes relacionados a SARS-CoV. Tres de estos se presentaron en laboratorios de bioseguridad en Taipei, Singapur y Beijing;

mientras que la cuarta se registró en la provincia de Guangdong, China, con 4 casos esporádicos en un periodo de 6 semanas, todos adquiridos en la comunidad.

Pandemia por influenza en 2009

La primera pandemia que surgió en el siglo 21 se presentó en abril de 2009. Se trató de un brote ocasionado por un virus de influenza AH1N1 en México (7). Para junio de 2009, la OMS le confirió el grado de epidemia. El virus se propagó rápidamente y para enero de 2010 más de 209 países y territorios en alta mar tenían casos confirmados de influenza en su haber (3). Esta cepa mostró tener múltiples variaciones genéticas, portando genes de cerdo, humano y de origen aviar. Dicha combinación de genes tuvo su origen a través de dos linajes de influenza porcina; una es una cepa norteamericana, descendiente del virus influenza de 1918, mientras que la otra desciende de un virus de gripe aviar, ambas circularon en cerdos donde probablemente se produjo la hibridación (7). En el periodo de abril 2009 – agosto 2010 la OMS confirmó 18,500 muertes atribuibles de manera directa al virus de la influenza A H1N1. No obstante, entre 123,000 y 203,000 decesos fueron asociados a la infección (14,15).

La actual pandemia por SARS-Cov-2

El origen del SARS-CoV-2

A finales de diciembre de 2019, se registró en China un grupo de pacientes con signos de insuficiencia respiratoria aguda. La enfermedad se conocería por COVID-19 (coronavirus disease), cuyo agente causal es el nuevo coronavirus tipo 2 del síndrome respiratorio agudo grave (SARS-CoV-2). Este evento es el inicio de la pandemia; marcando el punto cero. O al menos su cercanía. En respuesta, el centro chino para el control y la prevención de enfermedades (CDC) creó un equipo de respuesta rápida y se notificó a la OMS. El seguimiento que se le dio fue tal, que se logró establecer en muchos casos el lugar y momento probable en que ocurrió el contagio. De tal manera que se pudo rastrear su origen hasta el mercado de especies exóticas de Wuhan (16,17).

El CDC identificaría al SARS-CoV-2 el 7 de enero de 2020 (2,18). Se anunció el descubrimiento de un nuevo betacoronavirus, llamado entonces “**2019-nCoV**”. La secuenciación genómica del virus recién identificado se liberó el 10 de enero. Esta sugiere que el virus SARS-CoV-2 se encuentra estrechamente emparentado con un grupo de virus similares al SARS de 2003. Los virus de dicho grupo, se han detectado comúnmente en murciélagos rinolofidos (18–24) (**Rhinophilidae**). Esto establece un posible origen animal.

La familia de los coronavirus

Los coronavirus en conjunto pertenecen a la subfamilia *coronavirinae* (familia *coronaviridae*; orden de los *nidovirales*). Se sabe de al menos siete coronavirus que son capaces de infectar al humano. Dos en el género *alfa*: **HCoV229e** y **HCoV NL63**; mientras que se cuentan cinco en el género *beta*: **HCoV-OC43**, **HCoV-HKU1**, **SARS-CoV** y el nuevo coronavirus **SARS-CoV-2** (21,25,26). Los coronavirus se clasifican en cuatro géneros básicos: alpha (α), beta (β), gamma (γ) y delta (δ) (22,25,26).

Gama- y *deltacoronavirus* han sido predominantemente aislados en aves y algunos mamíferos. Por su parte, *alfa-* y *betacoronavirus* se han detectado tanto en animales como en humanos. El género *beta-*

es tal vez el más relevante por contener a los coronavirus con el mayor potencial patogénico conocido para el ser humano: el MERS-CoV, SARS-CoV y SARS-CoV-2 (21,22).

Se cree que el origen de los grupos alfa y beta coronavirus, puede ser rastreado hasta un coronavirus primigenio originario de murciélago (26,27). Los virus del género *alfa* se diseminaron en diferentes especies de murciélago y se han detectado cepas caninas e infecciones en humano. Mientras que el género *beta* afecta a diversos mamíferos, incluyendo jirafas, bovinos, antílopes y equinos, además de cepas porcinas, humanas y en roedores murinos. Por su parte, *gamma*- y *delta coronavirus* tienen origen aviar. *Gammacoronavirus* han sido aislados en pavos, pavorreales, perdices y de manera independiente en la beluga. En tanto que *delta coronavirus* se han aislado en el pato americano, garzas, tordos y gallinas; además de una cepa porcina, y en el gato leopardo o gato de bengala (27).

Aspectos distintivos del SARS-CoV-2

El SARS-CoV-2 es un virus envuelto, de diámetro entre 50 y 200 nm, con forma redonda o elíptica, a menudo pleomórfica. Este posee una cadena única de RNA que contiene 29,891 nucleótidos (18,25). Su genoma codifica al menos 27 proteínas, cuatro de las cuales son proteínas estructurales: envoltura (E), membrana (M), nucleocápside (N) y spike (S) o proteína “pico” (22).

Sabemos gracias a la secuencia genética que el nuevo coronavirus no desciende directamente de ningún otro conocido en la actualidad. La secuenciación reveló que el SARS-CoV-2 comparte un 79,7% de similitud con el SARS de 2003. Por otro lado, se encontró semejanza de 89,7% con el genoma de bat-SL-CoV ZC45 y 87,23% con bat-SL-CoV ZXC21, ambos coronavirus propios de los murciélagos (21,25,27). En ese mismo sentido, al comparar la secuencia de bases con la de coronavirus que son naturales de murciélagos, se encontró cierta similitud genómica, sin embargo, existen diferencias considerables en el RBD (dominio de unión a receptor) lo cual hace poco probable que el nuevo coronavirus descienda directamente de estos (18,21,25,27); sin embargo, la similitud con los anteriores, sugiere que pudo estar hospedado inicialmente por murciélagos, igual que el SARS-CoV (28).

Tropismo celular del virus

SARS-CoV-2 infecta específicamente a las células ciliadas del árbol bronquial y neumocitos tipo II. Al igual que el SARS-CoV se une al receptor ACE 2 mediante la proteína S y lo usa como ligando para internarse en la célula; mientras que MERS-CoV infecta el cuerpo a través del receptor de CD26 (22,25–29). El receptor de ACE2 se expresa en todo el tracto respiratorio. Las células epiteliales nasales tienen la más alta expresión de este en todo el árbol bronquial. Mediante la proteína spike, proteína monomérica altamente glicosilada, el SARS-CoV-2 logra invadir a las células y replicarse (21,27,30). Además, el receptor para ACE2 también se expresa en el intestino delgado, duodeno, riñón y testículos; implicando posible daño en estos órganos. En ese sentido, la abundancia de receptores ACE 2 en neumocitos y enterocitos, puede aclarar las rutas de infección y manifestaciones clínicas (18,21,25).

Internamiento del virus a la célula

La proteína S está conformada por dos subunidades, S1 y S2, que derivan de la escisión de un precursor único (18,25). La subunidad S1 es la que se une a los receptores ACE2 de la célula

hospedera, lo que inicia el proceso de internamiento a la célula. En la subunidad S1 se encuentra el dominio terminal C, dicho dominio contiene el sitio RBD, el cual interactúa directamente con el receptor de ACE2, para unirse a él, lo que determina el tropismo celular del virus (18,25). Luego que S1 se une al receptor de ACE 2, la subunidad S2 altera su estructura, insertando un péptido a la membrana celular para favorecer la unión con esta. A continuación, las subunidades hr1 y hr2 se unen para formar una estructura de forma helicoidal que acerca el virus a la superficie, desencadenando la fusión (18,22,27).

Replicación del virus

Posterior a la unión con la membrana, el RNA viral se libera al citoplasma; una vez desarrollado codifica proteínas no estructurales, que forman un complejo de transcripción – replicación. Éste a su vez interviene el retículo endoplásmico y el aparato de Golgi, con el fin de utilizarlos para generar nuevo RNA viral que se traduce en proteínas de nucleocápside y glucoproteínas de envoltura, además de producir gemación de partículas virales. El proceso concluye con la formación de vesículas llenas de viriones, que se expulsan desde el lado citoplasmático de la membrana, liberando así los virus (22,25).

Al entrar a la célula alveolar, el SARS-CoV-2 se multiplica con rapidez, provocando una fuerte respuesta inflamatoria mediada por una intensa descarga de citocinas; entre las que destacan: interferones, interleucinas y factores de necrosis tumoral. Esto da como resultado, congestión, edema, fiebre y daño al tejido pulmonar, con posibilidad de evolucionar a un síndrome de dificultad respiratoria aguda y posterior falla ventilatoria (18,22,25).

Manifestaciones clínicas de la infección por el virus

COVID-19 presenta un amplio espectro clínico, variando desde un curso asintomático, cuadros moderados a severos, hasta pacientes que progresan de manera fulminante. Se sabe que existe un periodo de incubación o periodo de latencia, periodo comprendido entre la fecha de posible exposición o contacto con una fuente de transmisión y el inicio de los síntomas. El periodo de incubación medio, fue de 4 días (promedio entre 2 y 7), con un máximo de 14 días (12,18,31). Durante la fase inicial se describió un 43,8% de pacientes que debutaron con fiebre. Sin embargo, comparado al SARS-CoV, MERS-CoV y la influenza estacional, es menos frecuente la presencia de fiebre, por lo que pueden pasar inadvertidos pacientes afebriles en la vigilancia sanitaria, si esta se enfoca únicamente en la medición de temperatura corporal (32).

Al existir relación entre el nuevo coronavirus y el SARS-CoV de 2003, los cuadros clínicos son similares (18,22,32). La tos seca y fiebre fueron los síntomas más comunes, mientras que la sintomatología gastrointestinal es menos común; esto se explica por una diferencia en el tropismo celular. Por su parte, no se ha visto que la fiebre esté relacionada con mayor gravedad. Un 36% de pacientes admitidos a UCI no presentaban fiebre a su ingreso; sin embargo, la mayoría de pacientes con cuadros leves o moderados, que fueron hospitalizados, terminaron por desarrollar fiebre (18,21,22,31–33). A su vez, la enfermedad grave se presentó en 15,7% de pacientes hospitalizados; esta se presenta con mayor frecuencia en personas adultas y aquellos portadores de condiciones subyacentes; menores y niños también son susceptibles a ser infectados, sin embargo, el cuadro de estos es relativamente más benigno; la mayoría de los pacientes infectados por SARS-CoV-2 tienen un buen pronóstico, se ha

encontrado que tiene una menor tasa relativa de casos fatales que el SARS-CoV o el MERS-CoV (18,33). En cuanto a la presencia de alteración radiológica, en una cohorte de 1099 pacientes, 8,9% de ellos no presentaba anomalías radiológicas al ser diagnosticados o bien nunca desarrollaron neumonía viral (18,33).

Los síntomas más comunes referidos al ingreso fueron de tracto respiratorio superior: producción de esputo en 33,4% (este no predice el nivel de afectación); falta de aire en 18,6%, esta disnea se presentó más en pacientes con casos severos, 37,6% vs 15,1% en los moderados; odinofagia 13,9%, dolor de cabeza 13,6%. Síntomas multisistémicos: diarrea (3,8%) y vómito (5,0%), además de mialgias o artralgias (14,9%). Otros menos comunes: congestión nasal (4,8%) y algunos casos de hiperemia conjuntival y hemoptisis. La sintomatología que deberá levantar sospecha está conformada por: fiebre, tos, garganta seca, fatiga, y disnea, con o sin congestión nasal o rinorrea (18,21,22,31,32).

Fases de la epidemia

La Organización Mundial de la Salud, distingue tres fases en la evolución de la pandemia. Cada fase representa un momento específico en la transmisión de la enfermedad; requiriendo medidas particulares de prevención en cada una (1,34). La primera fase se caracteriza por la detección de casos importados, los afectados son pocos y se encuentran aislados; se identifican y se le puede seguir la pista a los contactos cercanos al paciente infectado. En una segunda fase, se espera la dispersión comunitaria, los contagios vienen de una fuente en el país. Por último, la fase 3 de epidemia, presenta dispersión extensa del virus por todo el territorio, se registran miles de casos y brotes regionales; las cadenas de contagio difícilmente se pueden romper, y se requieren medidas más drásticas (1,34). Por su parte, estas definiciones fueron a su vez adaptadas a México por la Secretaría de Salud. El día 28 de febrero inició la primera fase de contingencia. La segunda fase se dio por iniciada el 23 de marzo tras registrarse evidencia de dispersión comunitaria (35). Mientras que la tercera fase se presentó en abril.

Los primeros meses de la epidemia

Se establecieron bases de datos con información unipersonal, abarcando la mayor información disponible sobre los síntomas, fecha de inicio de éstos y fecha de confirmación; así como información básica sobre el lugar de detección (19,36). El 9 de enero se registró la primera muerte por COVID-19 y dos días después el mercado de Wuhan vio cerrar sus puertas. El 30 de enero, la OMS declara a la pandemia por SARS-CoV-2 como una emergencia de salud pública de interés internacional (1,18,19,21,24).

El primer caso positivo para COVID-19 en México se anunció el 27 de febrero. El siguiente día, 28 de febrero, llegaría la confirmación de otros dos casos, un italiano residente de la CDMX y un mexicano del estado de Hidalgo detectado en el estado de Sinaloa, ambos habían viajado a Italia poco antes. Ese mismo día se anuncia el inicio de la primera fase de la epidemia de contagios en México, siendo estos únicamente casos importados(2,37,38).

Siguiendo con el orden de los hechos, el 29 de febrero se informaría a la opinión pública sobre la detección del virus en una joven mexicana del estado de Coahuila recién llegada de Italia. El quinto caso conocido en México se trató de una joven que estudiaba en Italia, originaria de Chiapas(1,2).

El 11 de marzo la OMS clasificó a la COVID-19 como pandemia, a nivel mundial se alcanzó ese día la cifra de 113 países que reportaban presencia de la infección. México contaba ese día once casos, se anunciaba el primer paciente recuperado, además de los primeros reportes de portadores asintomáticos. Mientras que la Secretaría de Educación Pública anunciaba el adelantamiento del periodo vacacional el 14 de marzo, el país tenía en su haber 41 casos confirmados para COVID-19 en 13 de las 31 entidades federativas; dicha cifra de casos positivos se vio doblada solo tres días después (1,39–41).

El 18 de marzo la epidemia de COVID-19 había alcanzado a dos terceras partes de los estados de la república. El comunicado diario, que veinte días antes anunciaba el primer caso en el país, ahora daba cuenta de 118 casos confirmados, luego de cuatro días, esta cifra también se habrá visto doblada. Ese mismo día a nivel mundial se alcanzaron los 200.000 casos. Con aproximadamente 15.000 nuevos contagios solo en las últimas 24 horas. China contenía a 80.000 pacientes de este total global, mientras que Europa y el pacífico occidental se encontraban en una situación similar en cuanto a casos acumulados. En México, la secretaría de salud confirmaba la primera muerte debido a COVID-19 (1,2).

Fase dos de la epidemia en México

El 23 de marzo se informó de la Jornada Nacional de Sana Distancia, para entrar en vigor la mañana del día siguiente. Se registra evidencia de transmisión comunitaria marcando el inicio de la segunda fase de la epidemia. Restricciones a la movilidad, así como actividades no esenciales fueron anunciadas, tanto en el ámbito privado como en las instancias del gobierno federal. Además, se llama a la población a no realizar congregaciones masivas o con más de 100 asistentes (1,34,41). El día 30 de marzo, el ejecutivo federal a la cabeza de la sesión plenaria del Consejo de Salubridad General (CSG), emitió la declaratoria de emergencia sanitaria (1,35). En el reporte de ese día, el recuento total de enfermos confirmados por COVID-19 era de 1.094 a nivel nacional. Hasta ahora, se registra cuando menos un paciente positivo en al menos 270 ciudades distribuidas entre las 32 entidades federativas, por lo que, para este punto, todos los estados del país se encuentran bajo alerta epidemiológica (40).

Reducción de la movilidad en México

Durante el desarrollo de la pandemia por COVID-19, la multinacional Google dio a conocer el uso de datos de geolocalización recogidos por sus usuarios a nivel global, con el fin de rastrear el movimiento general de la población. De acuerdo a lo anterior, se estableció como referencia el aforo antes de la pandemia y posterior a la reducción de la movilidad (42) .

Así, se pudo conocer la diferencia de afluencia en cuatro principales ámbitos: comercio minorista, presencia en estaciones de transporte público, asistencia en los puestos de trabajo y nivel de permanencia en zonas habitacionales.

Las gráficas muestran los cambios en la presencia en lugares cotidianos como comercio minorista, transporte público, puestos de trabajo y permanencia en zonas residenciales. De acuerdo a lo que se aprecia en el trazado de las gráficas, la asistencia a lugares de ocio y comercio minorista, disminuyó a partir del 27 de febrero, día en que se presentaron los primeros casos en México, sin embargo es fácilmente apreciable que, si bien disminuyó, registra unos picos de aumento en la asistencia a dichos sitios de recreación, mientras que el uso del transporte público registra una disminución más notable

y drástica que sin embargo presenta aumentos periódicos. En cuanto a la asistencia a puestos de trabajo es la que registra los cambios más drásticos, con datos que muestran una baja en los días de la semana con una importante alza en el fin de semana. Mientras que las zonas residenciales muestran constante permanencia en los hogares **¡Error! La autoreferencia al marcador no es válida.**, b, c, d.

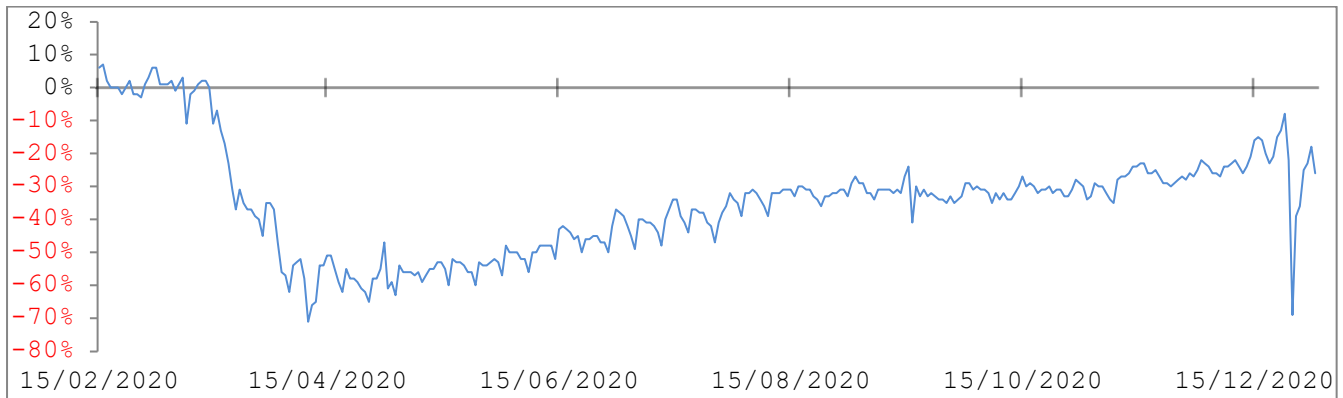


Ilustración a Presencia en comercio minorista y de recreación respecto a la línea base

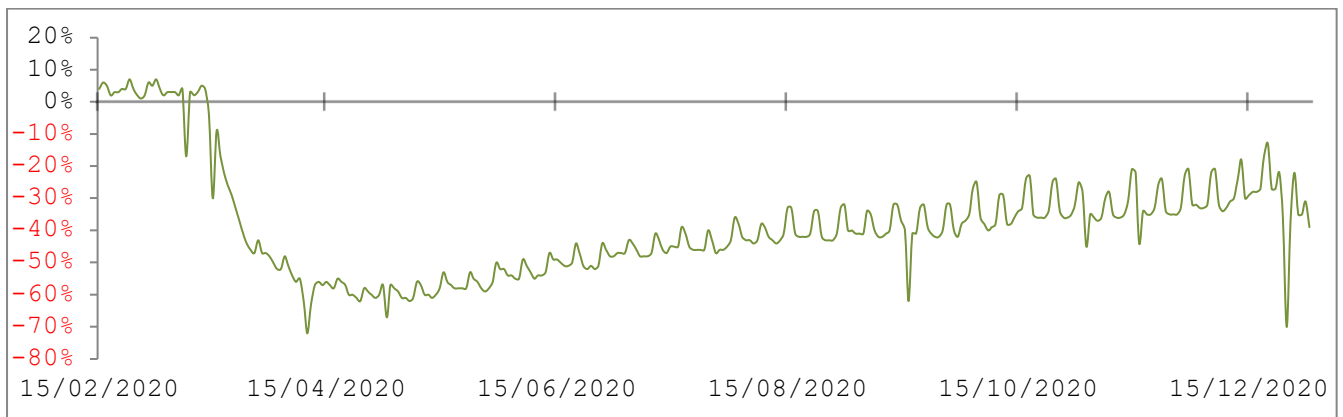


Ilustración b Uso de estaciones de transporte respecto a la línea de base

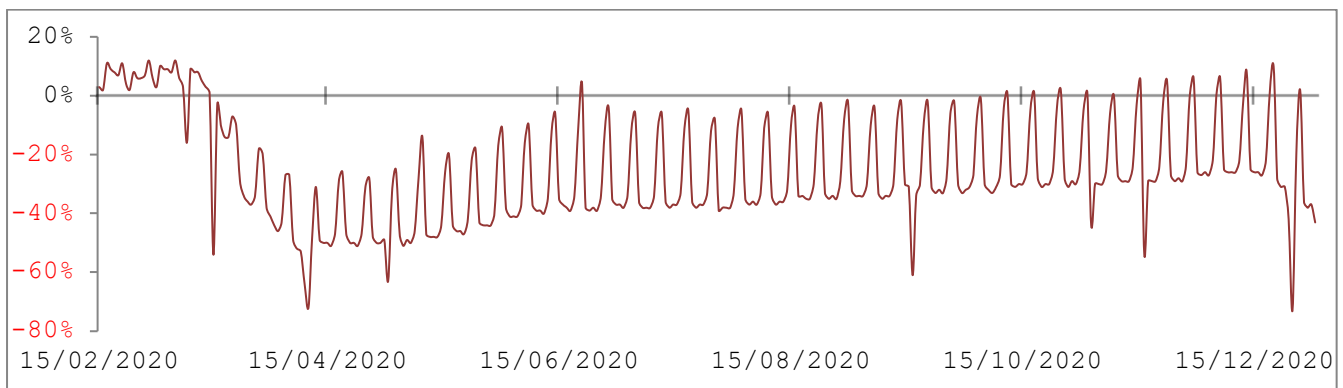


Ilustración c Presencia en puestos de trabajo respecto a la línea base

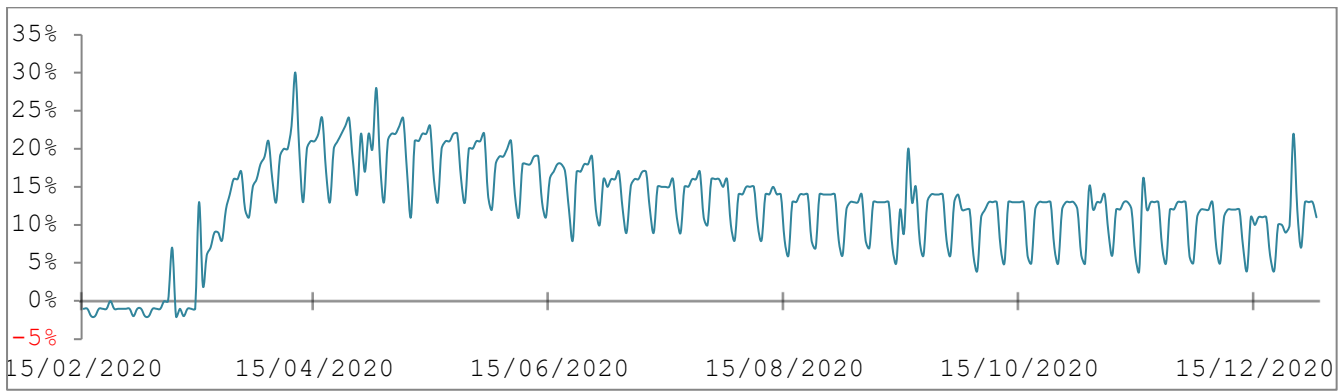


Ilustración d Presencia en zonas habitacionales respecto a la línea de base

Gráficos elaborados con los datos sobre movilidad publicados por la empresa privada Google.

Afección por grupos etarios

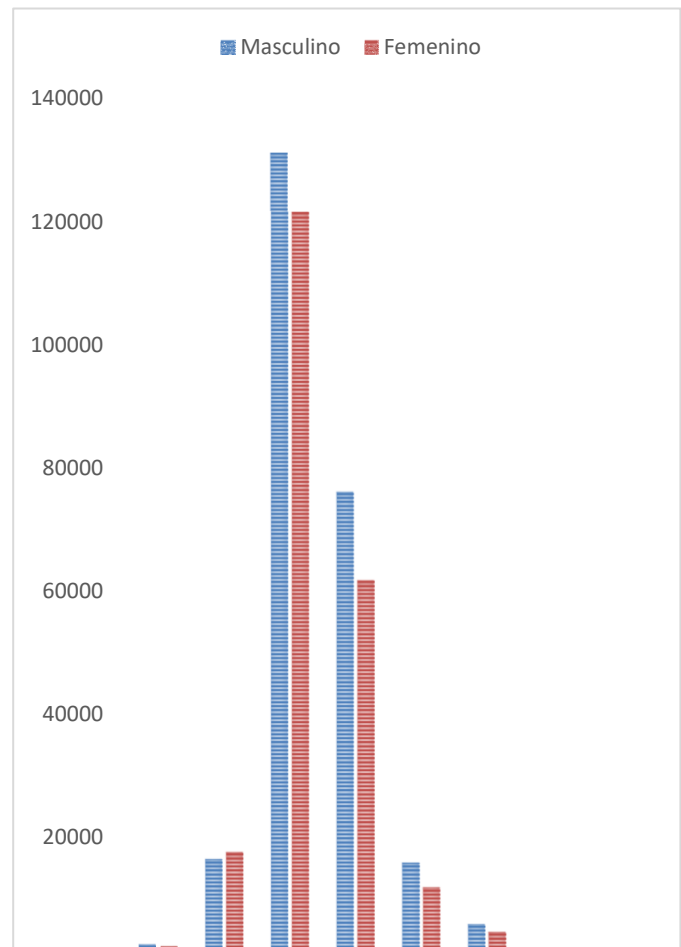
Todos los grupos etarios resultaron susceptibles de infectarse. En una cohorte en China el grupo más frecuentemente afectado fue el de los 47-59 años, con una media de 48,4 años (33). En México, durante la primera oleada, se registró una mayor afección en el grupo de los 25 a los 50 años, 27,95% de los hombres, y 25,90% de todas las mujeres infectadas estaban en este grupo de edades, seguido por el grupo de 51 a 70 años, 16,20% y 13,15% respectivamente (Gráfica 1 Grupos de edades afectados por COVID-19).

De acuerdo con lo publicado por la Secretaría de Salud, en el periodo de 28 de febrero al 7 de agosto 2020, se registraron 469 408 pacientes con prueba positiva para la infección por SARS-CoV-2, mientras que solo un 6% de pacientes fueron determinados positivos por un comité o por asociación epidemiológica.

El peso de la enfermedad para el sistema de salud

El registro de pacientes contagiados muestra la prevalencia de enfermedades crónicas degenerativas en la población afectada. Lo que se convirtió en un reto de capacidad para el sistema de salud.

En el periodo analizado, se registró un total de 248 893 pacientes de género masculino



Gráfica 1 Grupos de edades afectados por COVID-19

contagiados y 220 514 del género femenino. De estos, se refirieron como portadores de diabetes, 40 159 hombres y 34 722 mujeres (Gráfica 2: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 portadores de diabetes mellitus.), equivaliendo al 16,14% de los hombres y 15,75% de las pacientes mujeres incluidos en la muestra, respectivamente.

Por su parte, la incidencia de hipertensión (Gráfica 3: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 portadores de hipertensión) se mostró relativamente similar (19,60% de los hombres y 19,97% de las mujeres) mientras que, en el caso de la obesidad (Gráfica 5: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con hábito tabáquico positivo).

Gráfica 5: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con hábito tabáquico positivo.

Gráfica 5: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con hábito tabáquico positivo.

Gráfica 5), se reportó una prevalencia de 17,94% en el género masculino, y de 19,59% en mujeres. Así mismo, un 9,57% de hombres y 4,52% de mujeres positivos reportaron hábito tabáquico concomitante (Gráfica 4: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con obesidad concomitante).

Gráfica 5Gráfica 4: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con obesidad concomitante.

Gráfica 3: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 portadores de diabetes mellitus.

Gráfica 2: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 portadores de hipertensión.

Gráfica 5: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con hábito tabáquico positivo.

Gráfica 5Gráfica 4: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con obesidad concomitante.

Gráfica 5Gráfica 4).

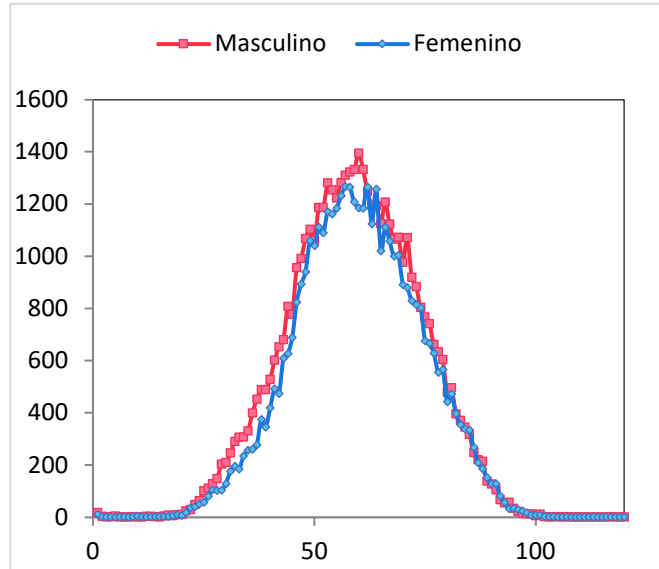
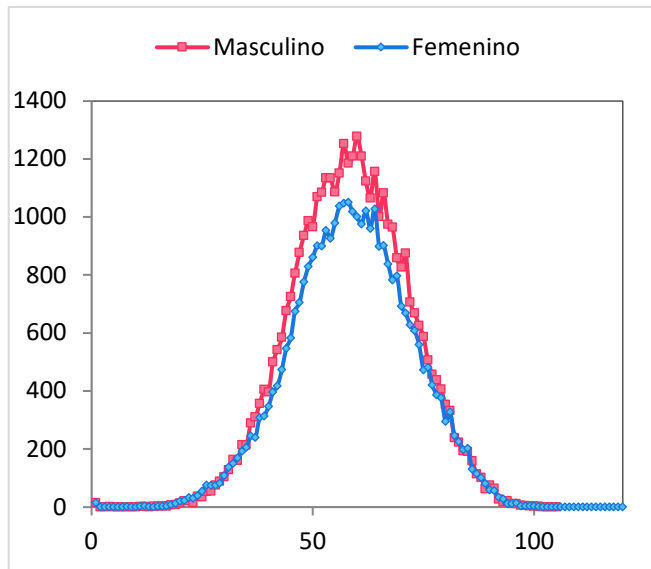
Gráfica 8: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con obesidad concomitante.

Gráfica 4: Pacientes positivos a SARS-CoV-2 con hábito tabáquico positivo.

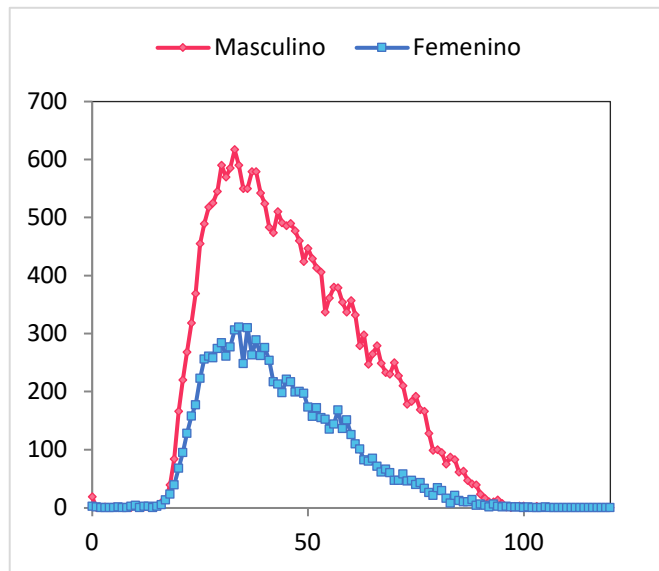
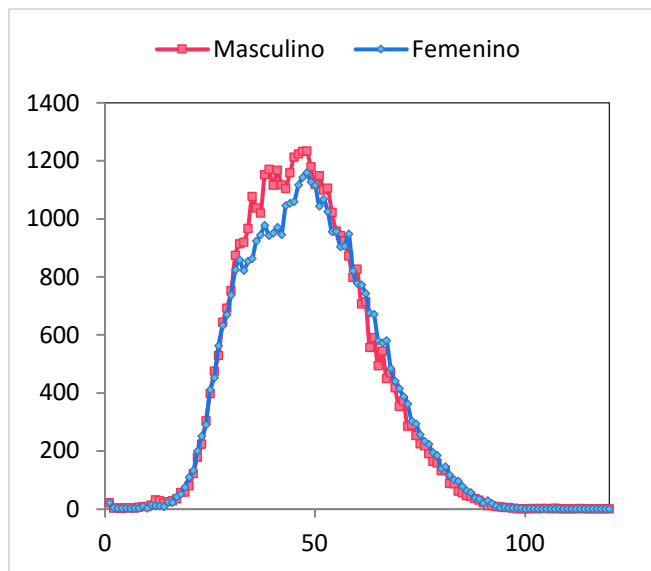
Gráficos elaborados a partir de los registros diarios de la Secretaría de salud.

La teoría de percolación

Uno de los aspectos básicos de la epidemiología es evaluar y en la medida de lo posible predecir la evolución en el contagio de enfermedades infecciosas. Esto es especialmente cierto en casos de epidemias (6). Dicho propósito se ha venido realizando de la misma manera: recopilando y contabilizando la cantidad total de casos positivos. A pesar de ser útil para ilustrar la magnitud de



contagio de una epidemia, no se toma en cuenta la propagación espacial de la epidemia, esto es, no permite detallar con precisión de qué manera se difunde la infección; de donde vino y hacia donde se



dirigirá.

En esta pandemia en especial, la conectividad y el desplazamiento destacaron por jugar un rol clave en la dispersión de la enfermedad. Por lo que propusimos un modelo basado en el fenómeno de percolación, que permite a la vez seguir y predecir el desplazamiento de la enfermedad como si se

tratase de un flujo de información desplazándose entre sitios dentro de un plano. En este caso, los sitios dentro del plano representan a los poblados existentes en la realidad. De esta manera se obtuvo un modelo que reproduce la situación a través de un mapa que representa el desarrollo de la epidemia.

Los primeros postulados

La teoría de percolación es un área relativamente joven de la ciencia. El término se introdujo en 1957 (6,43). Puede traducirse al español como *infiltración*. De manera conceptual, describe el movimiento de un fluido a través de un medio aleatorio e irregular y se le asigna a este flujo una probabilidad ρ entre 0 y 1 de atravesar el plano. El modelo se compone básicamente por dos elementos, un sitio y un enlace por los que fluye la información. Así, ρ es igual a la cantidad de sitios ocupados dividido entre el número total de sitios disponibles, dando por tanto la probabilidad del sistema.

S.R. Broadbent y J.M. Hammersley propusieron en la década de los cincuenta un prototipo de estos problemas. Plantean el siguiente problema: una máscara de gas destinada al uso en minas de carbón. De manera esquemática, el interior de la máscara representa el medio por el cual debe fluir, en este caso, un gas nocivo. A través del carbón, se forman los canales por los que atraviesa el gas. El problema consiste en encontrar la proporción del filtro que es alcanzado por el gas que se adentra y si este llega al otro extremo, alcanzando al portador de la máscara; es decir, se pretende averiguar que concentración de gas infiltrante es necesaria para alcanzar el otro extremo (3,4,43–49).

De esta manera, propusieron asignar un valor ρ de acuerdo con lo compacto que estuvieran los granos de carbón, que por ende determina el tamaño de los senderos formados. De acuerdo con el ancho de dichos senderos, se les asignará un valor " ρ " individual que varía entre 0 y 1. Este valor, como ya vimos, también representa la probabilidad de permitir el paso del gas. Como es de esperarse, encontraron que si la probabilidad del conjunto era cercana a 1 (alta probabilidad), el gas se adentraba profundamente en el filtro, alcanzando el rostro del portador de la máscara. De manera intuitiva, esperaríamos que la cantidad de gas que alcanza el otro extremo, comenzaría con valores bajos, para ir aumentando conforme al aumento de la probabilidad ρ , sin embargo, se encontró que, por debajo de una cierta concentración, la probabilidad de alcanzar el otro extremo es igual a cero, y por encima de dicha cantidad, la probabilidad se dispara a valores cercanos al 100%, es decir, el sistema puede encontrarse únicamente en dos estados o *fases*, una en la que se llega al otro lado ($\rho=1$) y una en la que no ($\rho=0$). Se trata de un *fenómeno crítico*, en el que debajo de una cierta concentración, el sistema crece en tamaño, sin embargo, se ve imposibilitado de alcanzar la otra orilla, hasta que alcanza un cierto punto, sobre el que el sistema se transforma a otro con características distintas. Esto representa el fenómeno de percolación. En este primer acercamiento usamos un acercamiento del problema del tipo percolación por enlaces, es decir, que el valor de ρ depende de la cantidad de senderos ocupados, por su parte, el modelo que utilizamos en este trabajo es el de percolación por sitios, es decir, es la concentración de sitios ocupados es la que determina la probabilidad que se presente la percolación.

Percolación por sitios

Se inicia con un plano bidimensional compuesto por cuadrados, de manera que se forma una especie de red cuadrículada, cuyos elementos representan los *sitios*. En este caso, el valor de ocupación ρ ,

está dado por la cantidad de sitios ocupados respecto del total de sitios no ocupados, es decir la probabilidad ρ de que ocurra la percolación está dada por $\rho = \frac{P}{1-P}$. P representa a los sitios ocupados, por lo que por analogía (1-P) representa la proporción de sitios no ocupados. Cualquier arreglo de polígonos que abarque la superficie de un plano, se puede considerar como una red bidimensional, no es necesario que los polígonos se encuentren distribuidos de manera regular ni que se repitan de manera periódica. En este ejercicio, decimos que un sitio se encuentra ocupado si este se encuentra infectado (5,44,45,49–52).

Así decimos que dos sitios infectados contiguos se unen entre si formando un enlace por medio del cual podría “fluir” la información. Cuando una serie de sitios se encuentran conectados existe un *sendero* por el cual avanza la infección. Un grupo de sitios unidos mediante enlaces forman un “clúster” o agrupación. Así es que se dice que, si dos sitios se hallan conectados a un mismo clúster mediante enlaces, se consideran enlazados, sin importar lo alejados que se encuentren uno del otro. De esta manera, mediante la relación $P/1-P$, la teoría de percolación nos permite cuantificar dicha estructura irregular, asignándole valores entre 0 y 1. En un sentido más estricto, la percolación describe la estructura y la conectividad de elementos con características cualitativas (infectado o no infectado), en una forma cuantitativa (4,5,44–49,52,53).

Así también, observamos que con valores bajos de ρ , se forman clústeres pequeños conformados por unos pocos sitios. A medida que el valor de ρ aumenta, se forman clústeres con más sitios insertos en su estructura los cuales también abarcan una superficie mayor. Conforme este valor se acerca al punto crítico ρ_c , los clústeres empiezan a converger. Una vez sobrepasado el umbral los clústeres se unen para formar un clúster único, y más importante, este clúster llamado clúster percolante, se extiende de un lado a otro del plano. Ahí se dice que ha ocurrido la *percolación* (5,6,44,49,52).

De esta manera diremos que el sistema se comporta de dos maneras muy distintas. Por debajo del umbral se forman numerosos clústeres aislados, en las cercanías de ρ_c , aparecen clústeres muy grandes y una vez superado ρ_c , se presenta un clúster único con una probabilidad >0 . Cuando ρ llega a 1, el 100% de sitios se encuentran ocupados (4–6,44,49,52).

La geometría del contagio

El procedimiento ha sido extendido a diversas áreas de la ciencia, incluido el estudio de procesos infecciosos en diferentes poblaciones. Con base en lo anterior Canals empleó la teoría de percolación en el contexto de la pandemia global por influenza A H1N1 de 2009. Así fue como, tomando el territorio nacional de los Estados Unidos de América como plano, con los estados tomados como celdas, logró demostrar que de hecho el fenómeno de percolación se presentaba invariablemente, y más aún, documentó la aparición de este, en un valor muy cercano al umbral esperado para una red cuadrada ($\rho_c=0,5927$). Por lo que postula que el umbral de percolación tiende a converger en un *promedio o rango* de valores, esto no obstante que la forma geográfica de los estados es irregular. Esto se puede explicar en parte por la forma en que se divide los Estados Unidos de América de manera casi cuadrada. Sin embargo, en un acercamiento a un panorama internacional se tomó como celdas al territorio de los países individuales. Sorprendentemente se encontró un valor umbral de

percolación $p_c=0,590$, el que no es muy distante del esperado, a pesar de la forma irregular de las fronteras. Esto puede explicarse ya que el valor de percolación está más influenciado por tener un número considerable de sitios más que por la forma de estos. Esta característica permite aplicar el valor estimado para redes cuadradas se aplica de manera indistinta sin que esto genere necesariamente distorsión en el resultado (4,6,47,48).

En este trabajo se propone que el fenómeno debía extenderse de tal manera que alcanzara los extremos de los cuatro puntos cardinales. Es decir que, en el eje norte-sur, se extendiese uno o varios países cualesquiera, con salida al océano ártico hasta llegar al océano indico. Mientras que, para el eje este-oeste, debería haber continuidad desde un país en Asia, con costa en el océano pacífico, hasta al menos uno en el bloque de África-Eurasia, que tenga costa en el océano atlántico; además, se debe cumplir también la expansión a través del continente americano, desde un país con costa en el atlántico, a otro con costa en el pacífico (4,6,47,48). Por su parte, al analizar el escenario de la transmisión de influenza en los Estados Unidos, la definición de percolación requería comprender una extensión desde el atlántico al pacífico (eje este-oeste); mientras que debe abarcar un estado fronterizo a Canadá, y alcanzar al menos un estado de la frontera con México y/o el golfo de México (eje norte-sur) (4).

Descripción del modelo

La característica más notable del modelo consiste en su capacidad para visibilizar el desplazamiento real de una epidemia, y a través de la observación del desarrollo de dicha epidemia, establecer parámetros sencillos que permitan realizar estimaciones sobre el futuro del sistema, calculando de esta manera un estimado de poblaciones infectadas en el futuro.

Como se vio anteriormente, en el desarrollo de la epidemia, la dispersión de la enfermedad por los poblados puede ser cuantificada, esto es, se tiene un número conocido de sitios disponibles, por lo que es posible conocer la proporción p de sitios ocupados. El evento cumbre en el desarrollo del sistema, es el momento en que es alcanzada la percolación, puesto que marca un antes y un después en el comportamiento del sistema. Como ya se mencionó anteriormente, el estado de percolación consiste en la formación de un clúster único, formado a partir de la combinación del área de los clústeres previos, cuya área se extienda desde un extremo a otro del plano, llegado este momento se dice que el sistema (la pandemia) percoló.

Factores geográficos de México.

El relieve mexicano se caracteriza por ser un territorio irregular; históricamente, las llanuras, mesetas, depresiones y sistemas montañosos que se hallan en él, han determinado la forma en que se establecieron las poblaciones y por ende las rutas comerciales. Al tratarse de una gran extensión de territorio, es natural encontrar diversos nichos ecológicos. Así una aproximación que sirve a nuestros fines es la que divide el territorio en 19 regiones fisiográficas:

1.- Planicie costera 2.- Cordillera de Baja California 3.- Llanura sonorensis 4.- Sierra Madre Occidental 5.- Sierras y llanuras del norte 6.- Sierra Madre Oriental 7.- Grandes planicies de Norteamérica 8.- Planicie costera del golfo norte 9.- Eje Neovolcánico 10.- Mesa del centro 11.- Depresión del río Balsas 12.- Llanura costera del océano Pacífico 13.- Sierra Madre del sur 14.- Sierra norte de Oaxaca 15.- Planicie costera del golfo sur 16.- Sierra de Chiapas y Guatemala (mesa central) 17.- Depresión central de Chiapas 18.- Cordillera centroamericana o Sierra Madre de Chiapas 19.- La península de Yucatán.

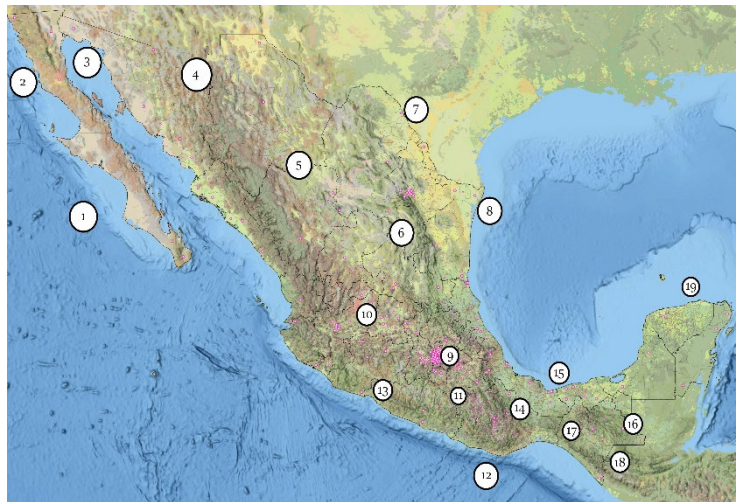
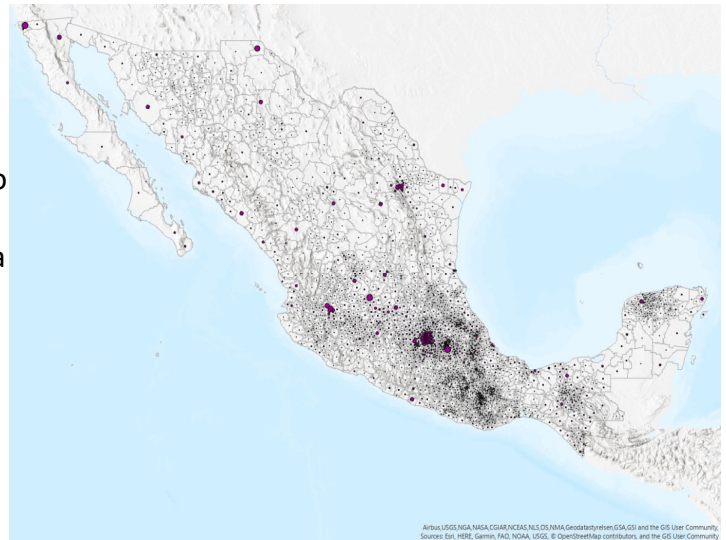


Ilustración 5: Regiones fisiográficas de México

El país cuenta con dos sistemas montañosos principales, la Sierra Madre Oriental y Occidental, entre estos dos sistemas montañosos discurren dos importantes corredores comerciales, el que va de Querétaro a Ciudad Juárez, Chihuahua, y el de Ciudad de México-Nuevo Laredo. De manera transversal a estos, discurre el corredor Mazatlán-Matamoros. Mientras que en la costa del Pacífico se localiza el corredor CDMX-Nogales. En la figura se representan los asentamientos de la región, por medio de una densidad de puntos.



Avance geográfico de la epidemia

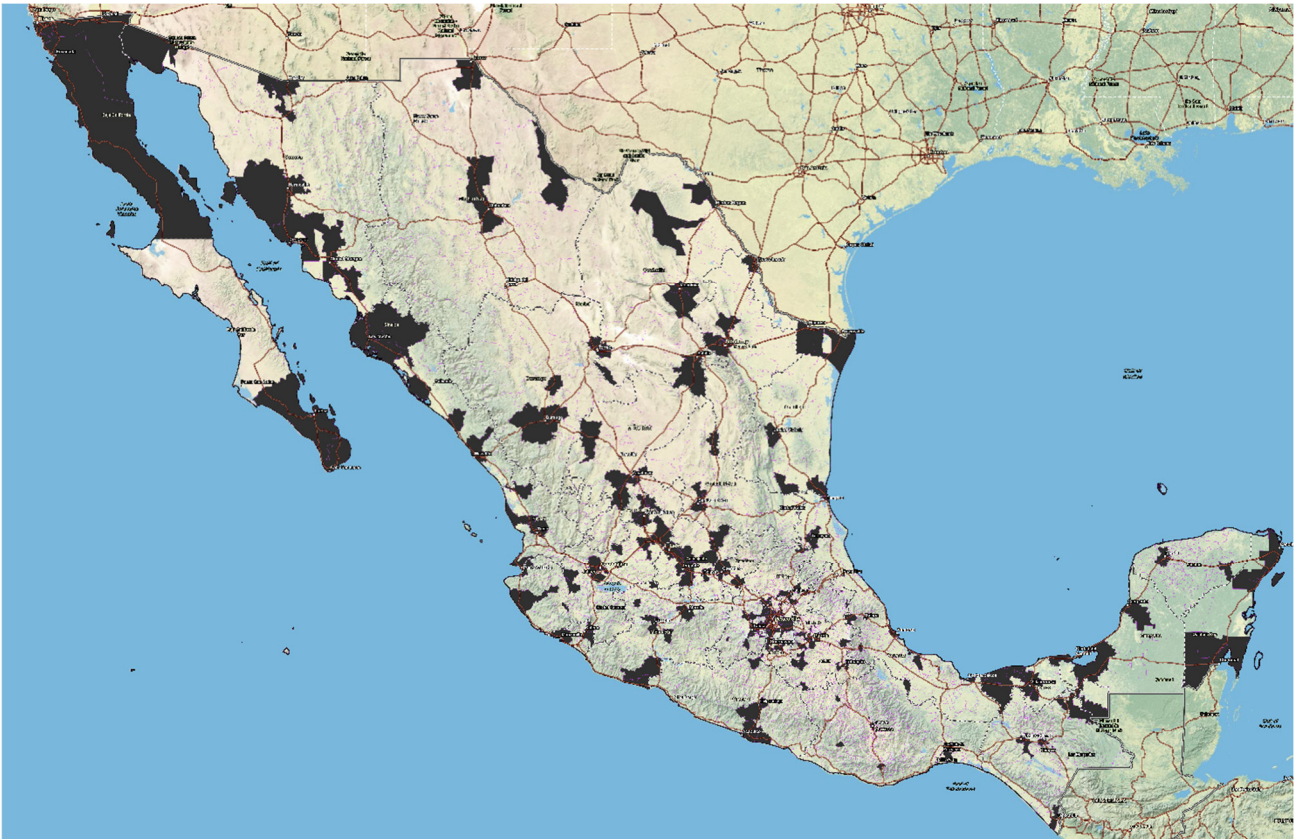
Con base en los datos geográficos recabados por las autoridades sanitarias, y publicados en la plataforma “datos abiertos COVID 19” (39) elaboramos una serie de mapas que representan el estado de infección que presentan los municipios en el país. México vio sus primeros infectados el 27 de febrero, desde entonces el virus se extendería por numerosas ciudades, dando como resultado reportes en diferentes estados del país. El mapa revela la dispersión de la epidemia entre las principales ciudades de la nación.

Comenzando con la planicie costera de Baja California, encontramos una vasta superficie sin afección, mientras que la cordillera norte, con un amplio movimiento en comparación, se encuentra afectada en su totalidad, e incluso extiende su influencia a San Luis Rio Colorado, desde este, hacia la llanura del desierto de Sonora, encontramos movimiento de la enfermedad entre esta y la ciudad fronteriza de Nogales. En la misma región encontramos un importante cúmulo de ciudades infectadas que se extienden en dirección norte sobre la misma llanura sonorensis en el pacífico, se

Ilustración 6 Mapa de la república mexicana que muestra la densidad poblacional del país.

trata de un conglomerado que se extiende entre Mazatlán y Culiacán Sinaloa y la capital de Sonora, Hermosillo, mientras que el grueso de la Sierra Madre Occidental se encuentra sin afección.

Mientras que, desde la altiplanicie mexicana, extendiéndose desde la zona de los desiertos de San Luis Potosí y Zacatecas hasta las llanuras del norte, al interior de las Sierras Madre Oriental y Occidental, encontramos una serie de locaciones afectadas, entre las que se extiende una red de tramos carreteros que las unen entre sí, así es como encontramos desplazamiento de la enfermedad entre Zacatecas y sus localidades adyacentes, a través de sus tres principales rutas comerciales, con



dirección a Durango, Torreón, Coahuila y Saltillo. Desde Torreón y Durango, encontramos movimiento de la infección hacia el estado de Chihuahua, donde, luego de alcanzar la capital del estado, se desplaza a Ciudad Juárez en la frontera. De manera similar, entre Torreón y Saltillo se forma un importante corredor por el que se desplaza la enfermedad en dos rutas principales, al estado de Coahuila hasta alcanzar Piedras negras, y una aún más importante, la que conduce hacia Nuevo León, donde encontramos la presencia de infección justo al final de la Sierra Madre Oriental, en la metrópolis clave de Monterrey, a través de la cual se accesa a llanuras de norte américa, donde la infección ha alcanzado la ciudad de Nuevo Laredo. Por otro lado, la infección también ha alcanzado el importante corredor de Reynosa-Matamoros en Tamaulipas. Por su parte en la región costera del golfo norte encontramos un menor movimiento de la enfermedad, alcanzando en estos momentos únicamente Tampico y Ciudad Victoria.

Por otra parte, en el centro del país encontramos un fuerte movimiento en la zona del eje Neovolcánico que une al valle de México, con las ciudades de Morelia y Guadalajara, esta última se

encuentra en un sitio clave que permite atravesar a la enfermedad desde el centro del país hacia la región costera pacífica. Así encontramos desplazamiento de la infección desde la anterior a los puertos del pacífico. De la misma manera en la Sierra Madre del Sur encontramos rutas que la atraviesan en los estados de Michoacán, hacia el puerto de Lázaro Cárdenas, y en Oaxaca en dirección al puerto de Acapulco, en los cuales encontramos el rastro de la infección. Por último, en el paso que existe entre la Sierra Madre del Sur y la Sierra Madre de Chiapas, en la región conocida como el istmo de Tehuantepec, encontramos a la ciudad Salina Cruz en la región costera del Pacífico sur con presencia de infección, posteriormente encontramos el tramo que la une con la frontera a Guatemala libre de infección, hasta la ciudad de Tapachula donde se vuelve a encontrar registro de la enfermedad. Por otra parte, en la Sierra de Oaxaca, así como la cordillera de Chiapas, ambas notorias por su acentuado grado de aislamiento se hallan libres de la epidemia por el momento, no así sus ciudades capitales, ambas se hallan en valles al centro de las cadenas montañosas por donde, a través de los tramos carreteros que las atraviesan, puede desplazarse con mayor facilidad el contagio, que, sin embargo, no se extiende por completo más al interior.

Por su parte, en la planicie costera del golfo sur, encontramos que la enfermedad se extiende a través de extensas distancias, alcanzando a varias ciudades portuarias, dando saltos entre ellas, así como las localidades que se encuentran adyacentes, y sobre los tramos carreteros que las unen entre sí. Próxima a esta zona encontramos la península de Yucatán, en donde observamos que la infección sigue a los caminos que bordean el perímetro de esta, afectando las principales ciudades capitales, Campeche, Mérida y Chetumal, así como importantes puertos turísticos en el borde de la península, sin embargo, no se adentra en las localidades ubicadas en la densa selva, lo que hace hincapié en el papel determinante que tiene la movilidad en la difusión de la epidemia por COVID-19.

Planteamiento general y estado de la cuestión

Planteamiento del problema

La enfermedad COVID-19, causada por el SARS-CoV-2, aislado por primera vez en Wuhan, China, en diciembre del 2019 fue declarada oficialmente como pandemia el 11 de marzo del 2020 por la OMS. Solo 13 días después que se presentara el primer caso en México, y dos días antes que se presentara el primer caso en el estado de Guanajuato.

Marco de estudio y punto de vista

En esta investigación se busca sentar un precedente para la epidemiología en México, proporcionará información vital que permita entender cómo se difunden las enfermedades en una población susceptible, no solo el contagio físico entre las personas, si no que contempla el desplazamiento de entre ciudades de la enfermedad. Debido a que se cuentan con muy pocos estudios que usen la teoría de percolación y de estos, ninguno en México. El presente estudio propone una nueva forma de entender los procesos epidémicos, evidenciando el comportamiento que presenta al desplazarse. En este sentido colabora a ampliar los datos conocidos sobre el alcance y la aplicación del fenómeno de percolación en el contexto de una pandemia, se propone contrastarlo con trabajos similares previos y de esta manera detallar los posibles determinantes que pueden causar variaciones en las predicciones, además pretende poner de manifiesto la manera en la que influye el contexto social y humano de la región.

Por otro lado, contribuye con la metodología con la cual efectuar futuras investigaciones en este ámbito o en el contexto de un proceso infeccioso emergente.

Pregunta de investigación

¿De qué manera la teoría de percolación explica la propagación espacial y temporal de la pandemia por SARS-CoV-2 en México?

Justificación

El primer año del segundo decenio del milenio se vio marcado por la aparición y circulación de un agente infeccioso viral nuevo. El hasta entonces desconocido, SARS-CoV-2, causante de la enfermedad COVID-19, ha logrado difundirse a numerosos estados, causando una crisis sanitaria internacional lo cual se vio favorecido por la alta conectividad del mundo actual. Esta dimensión de conectividad es precisamente la que pretendemos explicar mediante la representación visual del desplazamiento de una enfermedad en un medio geográfico. Con el fin de describir los factores que influyen en el desarrollo y recorrido de una enfermedad, utilizaremos el método de percolación a fin de poder interpretar el carácter complejo de la difusión de las enfermedades. Pues sostenemos que este se ve influido por la existencia y disposición de vías de comunicación y de obstáculos naturales o sitios propiamente aislados.

El concepto de percolación ha encontrado su utilidad en el campo de las ciencias de la salud, reflejando la naturaleza compleja de algunos procesos biológicos. En nuestro caso, nos permite evaluar el comportamiento general de la pandemia en su avance por el territorio nacional, lo que al final pretende coadyuvar en la respuesta pronta a cualquier tipo de episodio epidémico, en la evaluación en cuanto a la situación de dispersión de la enfermedad, así como a futuro, la creación de medidas que reduzcan la posibilidad de afección completa del país, lo que esperamos impacte en el manejo de recursos y en la planeación. Es por esto que una de las prioridades del presente estudio es el mayor nivel de apego a la realidad que se pueda conseguir.

Ningún estudio a nuestro conocimiento ha planteado la aplicación del método de percolación a la dinámica evolutiva de un proceso epidémico como el actual en el territorio mexicano. Es por eso que en el presente estudio se propone la aplicación de dicha metodología como método predictivo que pueda pronosticar el momento en que el proceso haya difundido o *percolado*. En el presente, se evalúan, mediante índices de confianza, los resultados obtenidos, con el objeto de conocer la precisión de nuestras aseveraciones sobre el recorrido espacial observado durante la epidemia.

Hipótesis

- **Hipótesis de investigación:** La propagación espacial y temporal de la pandemia por SARS-CoV-2 en México se puede explicar mediante la teoría de percolación.
- **Hipótesis Nula:** La propagación espacial y temporal de la pandemia por SARS-CoV-2 en México no puede ser explicada mediante la teoría de percolación.

Objetivos de la investigación

- Demostrar la validez de la teoría de percolación para analizar la pandemia por SARS-CoV-2 en México.
- Describir la propagación geográfica y el tiempo que le toma abarcar la extensión del país.

Otros objetivos específicos que se plantea alcanzar este trabajo son:

- Verificar si es que ocurre el efecto de agrupación de sitios o clúster a lo largo del tiempo.
- Pormenorizar la información disponible sobre los primeros días de la pandemia de SARS-CoV-2 en México
- Realizar estimaciones sobre el tiempo que tomará para alcanzar el umbral de percolación y compararlo con el tiempo observado que tomó a la epidemia pasar dicha cifra.

Materiales y métodos

Diseño del estudio

Estudio observacional, retrospectivo, transversal y descriptivo.

Universo de estudio

Se consideran a todas las diferentes municipalidades del país.

Población de estudio

Municipios en las entidades federativas que cuenten con casos confirmados reportados por la autoridad.

Criterios de selección

Criterios de inclusión

Se consideran a los municipios que tengan casos confirmados de pacientes con SARS-CoV-2 en el periodo del 23 de marzo de 2020 al 7 de agosto del mismo año. Se toman en consideración las demarcaciones que se encuentran insertas en el territorio continental del País. Se considerarán las alcaldías de la CDMX como sitios independientes.

Criterios de no inclusión

Territorios de alta mar, islas que no tienen continuidad directa con el resto del territorio.

Operacionalización de variables

Variable independiente	
Variable	Tiempo
Nivel de medición	Cuantitativa continua
Unidad de medición	Días
Definición conceptual	Debe entenderse como un día solar medio que se divide en 24 horas, constando de 86,400 segundos.
Definición operacional	Valores enteros que corresponden a cada día desde el primer caso registrado en México.

Variable independiente	
Variable	Estado de infectado
Nivel de medición	Cualitativa dicotómica
Unidad de medición	Valores 1 y 0
Definición conceptual	1: Cuando un municipio cualquiera reporte un caso confirmado de infección por SARS-CoV-2. 0: Cuando un municipio cualquiera se reporta sin casos confirmados de infección por SARS-CoV-2
Definición operacional	Se representa mediante la función: $\rho = \log_{10} \left(\frac{P}{1-P} \right)$ Donde $P=Q_n/K$, siendo Q_n el número de municipios "Infectados" en un momento determinado, y $K=2461$, el total de municipios disponibles. La expresión $1-P$ representa los municipios marcados "Sin infección registrada", y es siempre igual a $1-P$.

Procedimiento general

El estudio es del tipo observacional, descriptivo y transversal. Los datos fueron recolectados de manera retrospectiva. Se usaron los registros almacenados en el portal de datos abiertos “COVID-19” (59). Obtuvimos la información concerniente a la toma de muestras para la detección de SARS-CoV-2, específicamente la relativa al periodo que comprende desde el 23 de marzo al 6 de agosto de 2020.

Obtención de los primeros contagios

La base de datos completa contiene datos específicos de cada muestra, por razones prácticas procedemos a filtrar los registros apartando todo resultado no positivo. Así, habiendo eliminado los anteriores, queda como resultado un listado de pacientes con prueba positiva. Acto seguido las entradas son reordenadas a fin de mostrar la lista en orden progresivo. Posteriormente, del grueso de registros, procedemos a buscar el primer registro positivo que tenga cada ciudad.

Elaboración de mapas

Con la lista ordenada, obtenemos el código CTUID de cada entrada de la base de datos. Posteriormente, estos códigos con las fechas correspondientes, son ingresados en el sistema de información geográfica (SIG). Mediante el SIG obtendremos una representación de los registros ingresados sobre un mapa. De esta manera obtuvimos mapas del contagio desde el primer registro, a lo largo de la pandemia, hasta el cese de la colecta de datos. Esta búsqueda intencionada del primer paciente se lleva a cabo durante todo el proceso epidémico a fin de incluir los nuevos contagios y de actualizar los anteriores si hubiere que hacerlo. Después procedemos a recopilar, cuantificar y describir la información generada sobre las ciudades que han sido infectadas. De esta manera sabemos qué proporción de municipios se hallaban infectados en una fecha concreta. De tal manera que los mapas generados usualmente muestran representaciones en momentos o situaciones concretas en el desarrollo de la epidemia de COVID en México.

Análisis visual de los mapas de contagio

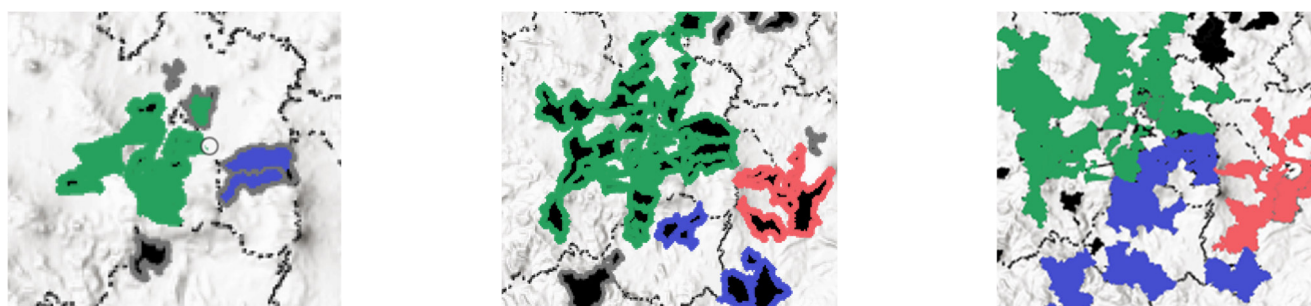


Ilustración 7: Escenario recreado de lo sucedido en el valle de México. Progresión del tamaño de clústeres. Elaboración propia con datos de la Secretaría de Salud.

Los mapas presentados se analizan mediante una escala de color. En colores azul estarán resaltando las primeras cien ciudades en registrar la infección. Seguidas en orden por las marcadas con color

verde y amarillo. Mientras que las últimas en contagiarse se resaltan con color naranja y en último lugar, rojo. El número promedio de ciudades contenidas en cada clúster aumenta conforme lo hace p hasta un punto en las cercanías de p_c en que la cantidad de clústeres se reduce y los que quedan se vuelven masivos.

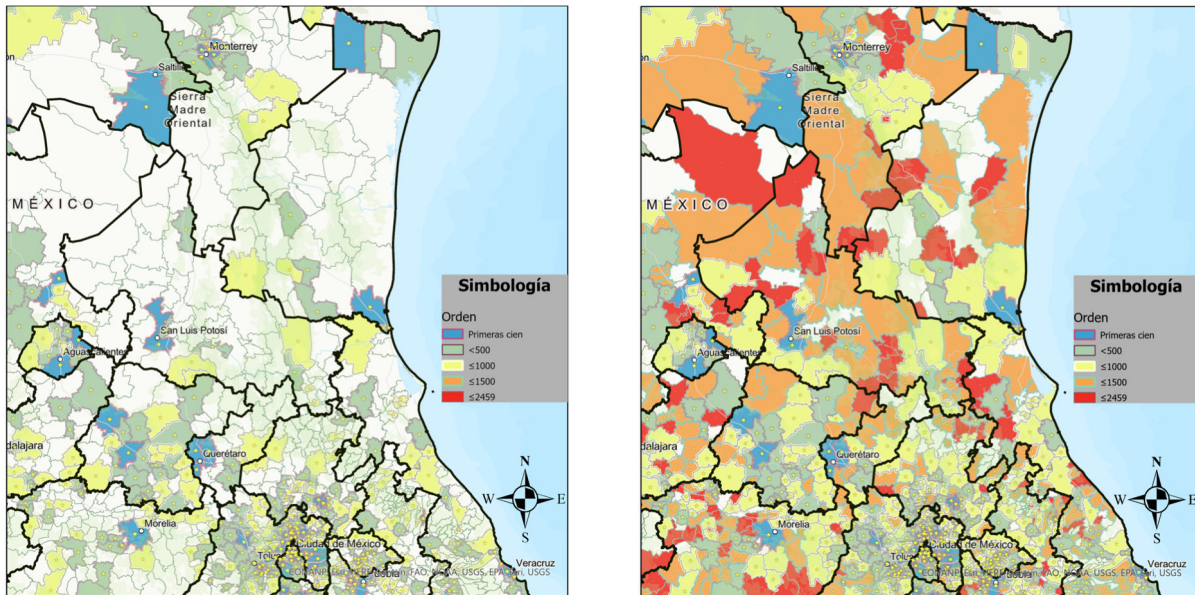


Ilustración 8: Ilustraciones que muestran la situación de ocupación del país en dos momentos distintos, primero con una ocupación de $p=0,1$ y la situación final a la que se enfrentaba el país con una ocupación $p=0,8$. Se muestra la compleja estructura de un clúster único percolante. En este momento, la probabilidad de hallar un clúster aislado, deberían ser cercanas a cero.

Descripción de clústeres

A detalle puede uno percibir desde las primeras etapas la formación espontánea de clústeres en distintas regiones del país. Estos, a medida que se unen a otros sitios formando nuevos clústeres más grandes, aumentan la complejidad general del clúster, presentando formación por lo general de una columna o núcleo principal, generalmente éste se trata del que recibió el contagio en primera instancia, de este se despliegan brazos y protuberancias que extienden el área de influencia del clúster, propagando a su vez la enfermedad.

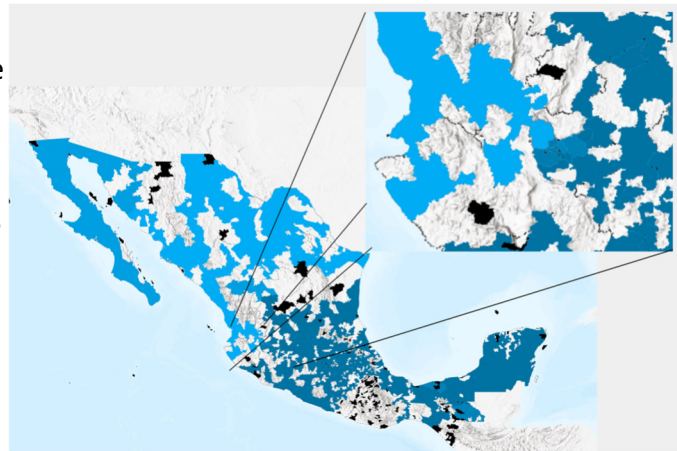


Ilustración 9: Muestra una ocupación $p=0,6$ en el país. Los clústeres confluyen a un clúster único, comunicando a través de esta red ambos extremos del país. La zona ampliada muestra el lugar donde por fin se comunican los clústeres en la recreación. Elaboración propia con datos de la Secretaría de Salud.

Justo en el momento que se alcanza la concentración crítica p_c , todos los clústeres del plano convergen a un clúster único percolante que enlaza ambos bordes del plano. Es en este momento que aparecen las primeras condiciones que permiten recorrer el plano en las cuatro direcciones mediante un único clúster.

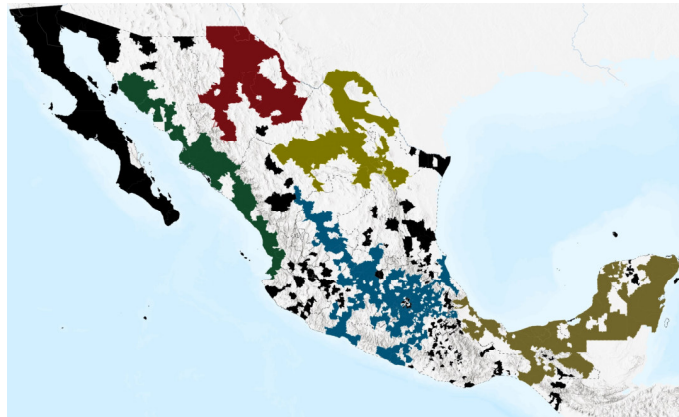


Ilustración 10: Mapa que recrea un escenario de ocupación $p=0,5$ del país. En estas etapas los clústeres cubren cifras que rondan los miles de municipios. Una gran porción de los clústeres ha confluido previamente a clústeres que ahora cubren una superficie que se extiende a través de múltiples estados. Elaboración propia con datos de la Secretaría de Salud.

Concordancia con la realidad

En ambas frontera norte y sur, la nación tiene en su haber puestos fronterizos, 20 en el norte y 9 en el sur, por lo que los clústeres deberán llegar a estos puntos.

Dado que existen numerosas demarcaciones que colindan con los límites fronterizos sin embargo no tienen un paso oficial, debería distinguirse estos puntos de paso. La frontera sur presenta condiciones únicas, pues cuenta con fronteras hacia dos países centroamericanos: Guatemala y Belice, siete cruces fronterizos con el primero y dos con el segundo. En el caso del primero, al compartir la naturaleza montañosa de la sierra madre de Chiapas y Guatemala, existen cruces a ambos lados de la cadena montañosa, del lado de la costa, y por la meseta central. En estos sitios se espera el flujo de personas

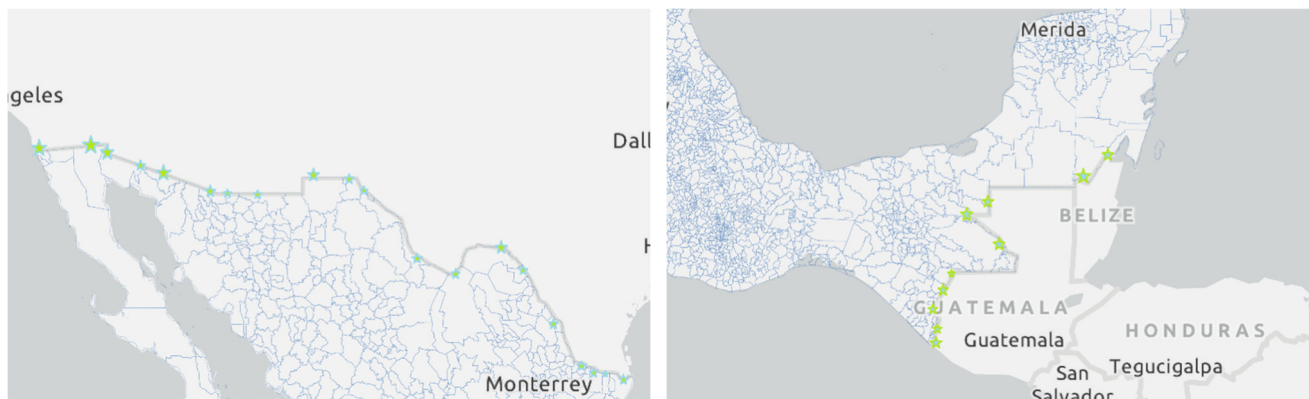


Ilustración 11: Sitios fronterizos del país que deben ser tomados como puntos finales del recorrido del clúster

en ambos sentidos, no obstante que existan cruces fronterizos de mayor afluencia que otros y que esto influya como atractor del proceso de infección.

Descripción mediante la percolación

Percolación, define un estado en el que un proceso se ha extendido desde un extremo del plano hasta el extremo opuesto. Ha servido para describir estructuras complejas. Con este enfoque, entendemos a la superficie del territorio nacional como si se tratara de un plano delimitado por las fronteras del país. De esta manera, dividiendo el total de ciudades infectadas entre la totalidad de sitios disponibles obtendremos la proporción p de municipios infectados. Sabemos por la teoría de percolación que una vez alcanzada la proporción $p=0,5927$ se formará un clúster único extendiéndose desde la frontera con Estados Unidos hasta los límites con Guatemala y Belice. Dando por sentado que este evento sucederá, resta determinar cuándo sucederá. Canals et al en sus trabajos proponen se consideren dos formas de aproximarse al tiempo. Mediante un modelo lineal, que considera el tiempo en días, mientras que un segundo modelo transforma el tiempo a una escala logarítmica. De esta manera, midiendo la ocupación de localidades, podremos establecer una relación entre el aumento en la ocupación de estas y el tiempo mediante una regresión lineal. Lo que nos deja con la ecuación:

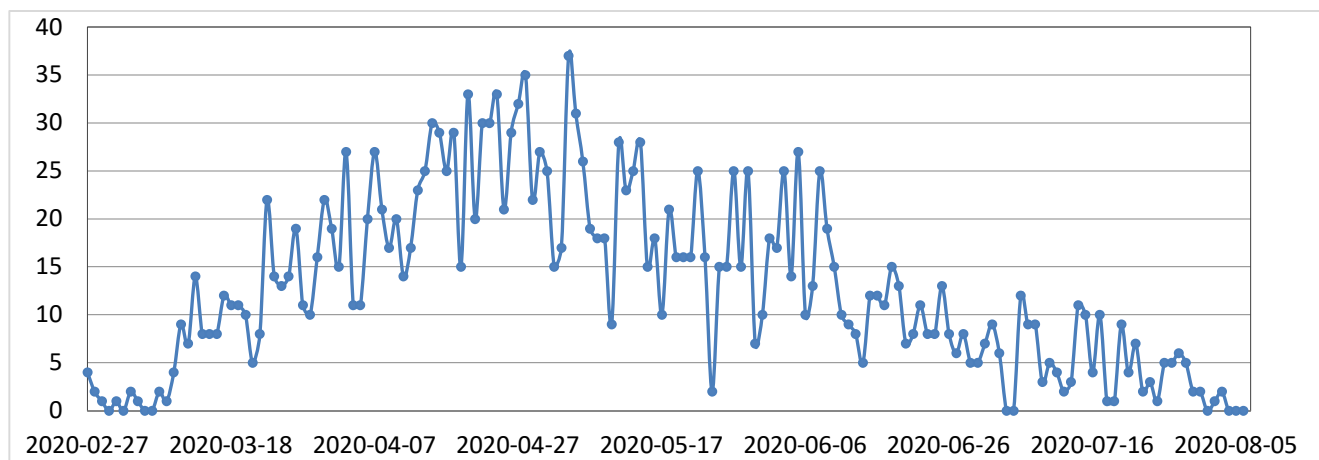
$$Eq. 1 \quad \log\left(\frac{p}{1-p}\right) = a_0 + a_1 \cdot \log(t)$$

Donde a_0 es el intercepto, a_1 representa la pendiente, mientras que t representa el tiempo. De manera que cuando se quiera indagar el tiempo en que se espera alcanzar la percolación, habremos de determinar la pendiente y ordenada del conjunto de datos, y luego igualar la ecuación para la proporción p deseada, en este caso se resuelve para $p_c=0,5927$.

El aumento de ciudades infectadas y la proporción P

A medida que transcurre la epidemia, registramos día con día la actividad de la pandemia. Así, contabilizamos la cantidad de ciudades infectadas cada día, dando por resultado la siguiente gráfica.

A continuación, procedemos a realizar una sumatoria, resultando una gráfica con el acumulado de ciudades infectadas, de manera que el total de ciudades disponibles (2461) es el límite superior.



Gráfica 16 Total acumulado de ciudades contagiadas. Elaboración propia con datos de la Secretaría de Salud

De tal manera que, sabiendo que México tiene $K=2461$ municipios, y que K_n es igual al número de municipios infectados, procedimos a transformar los datos mediante una transformación logística.

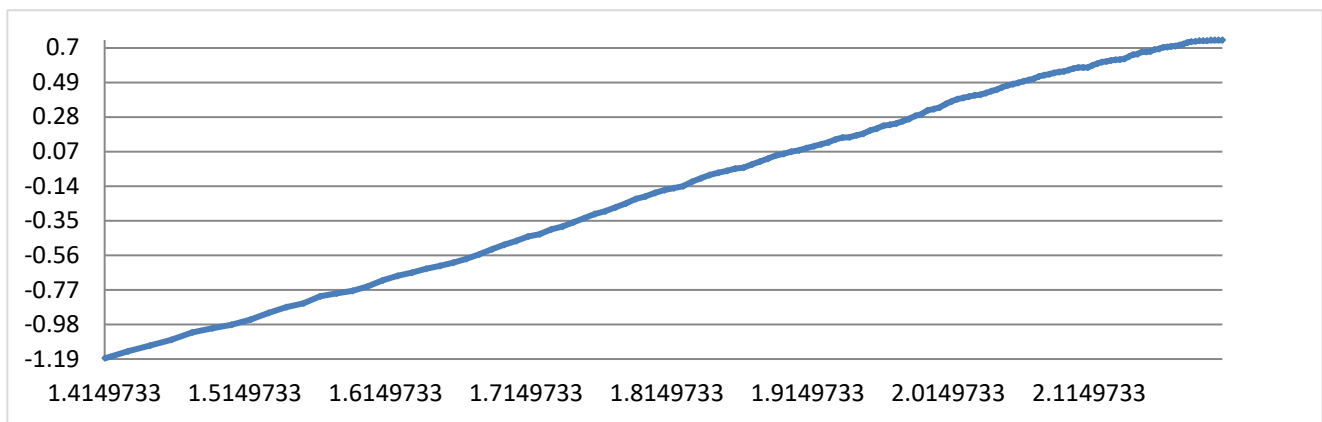
Así tendremos que:

$$\rho = \frac{K_n}{K}$$

Y:

$$P = \log\left(\frac{p}{1-p}\right)$$

Por consiguiente, obtuvimos la siguiente gráfica en escala logarítmica con los datos de la segunda fase de la epidemia, sobre la cual trabajamos con una regresión lineal.



Gráfica 17 Muestra la cantidad de municipios contagiados en cada día durante los primeros seis meses de la epidemia en México. Elaboración propia con datos de la Secretaría de Salud.

Prediciendo el tiempo para alcanzar la percolación

Suponiendo que en efecto el fenómeno de la percolación se presentará con alta probabilidad al alcanzar la proporción $p_c=0,5927$. Tendremos:

$$\log\left(\frac{0,5927}{1-0,5927}\right) = a_0 + a_1 \cdot \log(t)$$

A lo que sustituiremos a_0 y a_1 (ordenada y pendiente, respectivamente) con los datos arrojados por la regresión lineal. Acto seguido solo resta resolver la ecuación para la variable τ de tiempo para calcular, de acuerdo a los parámetros actuales, cuanto tiempo tendremos hasta que el sistema alcance una proporción de infectados igual a $p=0,5927$ y que en ese momento habrá alcanzado el estado de percolación, extendiendo la epidemia en todo el país.

Obtención de factores para la ecuación y generación de predicciones.

Con los datos recolectados al iniciar la fase dos de la epidemia calcularemos pendiente y ordenada de cada subconjunto de datos. Esto lo haremos en cinco momentos distintos: empezando por el 1° de abril (10 días de iniciada la fase dos), 6 de abril (15 días), 11 de abril (20 días), 16 de abril (25 días), y la última medición el 21 de abril (30 días) de acuerdo al método propuesto por Canals. Además, proponemos una medición extra durante los primeros 5 días de la fase 2.

Ya recolectados los datos, se verifica el correcto orden de los mismos, procederemos a cuantificar y detallar las características de ambos modelos, lineal y logarítmico a continuación:

a.- **Modelo logarítmico.** Por primer paso tendremos identificar los municipios que se infectaron cada día, con el fin de obtener el total de cada día. Esto es, obtenemos el valor de P. Refleja el porcentaje relativo de municipios infectados. El cual se ve reflejado su aumento en la gráfica.

$$\log\left(\frac{p}{1-p}\right) = a_0 + a_1 \cdot \log(t)$$

Una vez hecho lo anterior, obtendremos como producto, los valores de pendiente y ordenada de la recta, esto es, tendremos los términos que definen el crecimiento de la gráfica, en particular la pendiente (a_1) refleja el ritmo de crecimiento de la gráfica. En otras palabras, dicho término es una aproximación de la cantidad de ciudades que se ven afectadas entre un día y otro, y de esta forma se puede prolongar la recta a fin de obtener un pronóstico del tiempo que le tomaría a la epidemia extenderse por todo el territorio si las condiciones permanecieran iguales.

Así, sustituyendo en la fórmula 1 los valores de la recta:

$$\log\left(\frac{p}{1-p}\right) = a_0 + a_1 \cdot \log(t)$$

Tendremos:

$$\log\left(\frac{p}{1-p}\right) = -4,4761 + 2,3275 \cdot \log(t)$$

Ya que se espera con alta probabilidad, que al alcanzar la proporción $p=0,5927$ se registre la convergencia de clústeres individuales en uno único y por ende la ocupación de toda la extensión del territorio nacional, sustituimos su valor en la primera parte de la ecuación:

$$\log\left(\frac{0,5927}{1-0,5927}\right) = -4,4761 + 2,3275 \cdot \log(t)$$

Acto seguido resolvemos la ecuación para t , esto es, bajo las condiciones actuales (pendiente y ordenada al origen en la regresión) habremos calculado el tiempo restante hasta alcanzada la percolación.

De acuerdo a la teoría, el efecto de percolación para redes de dos dimensiones se caracteriza por ser un valor único y conocido, al menos para redes cuadradas que es el que utilizamos aquí, es decir, una vez que se alcance dicha proporción, con una alta probabilidad observaremos que el fenómeno se halla extendido de un borde a otro del plano.

Una vez se ha alcanzado el valor de percolación $p_c=0,5927$ habremos de realizar un seguimiento “manual” por toda la superficie, a fin de determinar si en efecto se ha presentado el fenómeno de

percolación de la epidemia en México. Esto es, que se presente un clúster único abarcando la extensión completa del país, debe verificarse que en efecto pueda ser recorrido en su totalidad hasta los extremos, independiente del camino que pueda seguir.

De manera similar, tendremos paralelo a este ejercicio, el análisis mediante el método lineal, que, aunque Canals y otros lo refieren con menor apego y capacidad predictiva lo desarrollaremos en el presente de igual manera.



Ilustración 12: Se observa la aparición de un clúster único percolante que permite desplazarse de manera teórica entre los dos extremos del país.

b.- **Modelo lineal.** Igual que la sección anterior, habremos de recolectar la información perteneciente a la toma de muestras para la detección de SARS-CoV-2 en el país. Acto seguido, al igual que con la aproximación mediante el modelo logarítmico, seleccionamos únicamente aquellos registros que pertenecen al primer infectado de cada ciudad, para luego obtener la sumatoria total. Una vez graficada la información del crecimiento de la epidemia en lugares ocupados, procedemos a llevar a cabo la regresión lineal pertinente. Así tendremos la siguiente fórmula:

$$\log\left(\frac{p}{1-p}\right) = a_0 + a_1 \cdot (t)$$

No confundir con el modelo logarítmico en que este representaba el tiempo en escala logarítmica, mientras que el modelo lineal lo trata de la manera “real”, es decir, lineal tal cual lo percibimos.

Al igual que en el ejercicio anterior, sustituimos a ambos lados de la ecuación, para P sustituimos el valor que estaremos buscando $P=0,5927$ (umbral de percolación), mientras que en el otro lado de la ecuación sustituimos los valores para a_0 (intercepto) a_1 (pendiente).

$$\log\left(\frac{0,5927}{1-0,5927}\right) = -4,4761 + 2,3275 \cdot (t)$$

De esta manera tendremos la variable que representa el tiempo (t) despejada, por lo que simplemente restará resolver la ecuación para obtener el tiempo en que se alcanzará la proporción $p=0,5927$. El resultado que arroje sobre del tiempo para alcanzada la percolación es el elemento novel del presente trabajo, cuyos resultados detallaremos a continuación.

Resultados

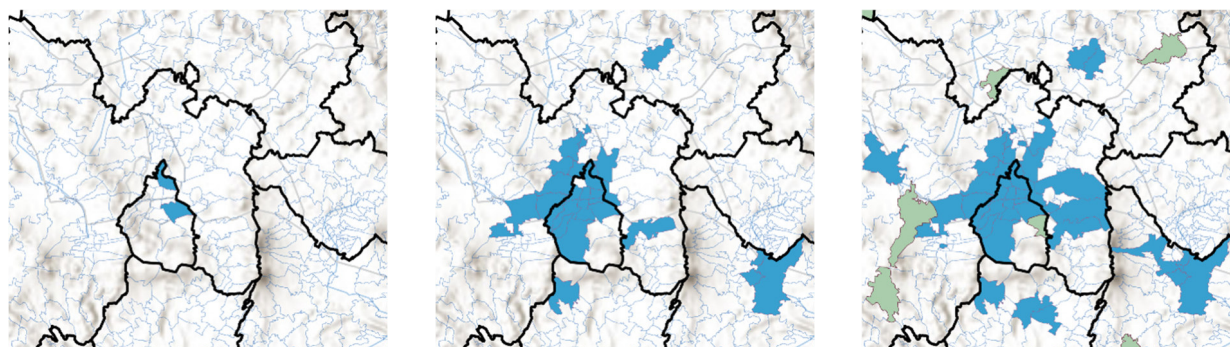
Presentaremos los resultados generados mediante la aplicación de los métodos propuestos por la teoría de percolación y el análisis geoespacial de los mapas de contagio.

La percolación se alcanzó en México el día 25 de mayo, a 64 días de iniciada la segunda fase de la epidemia. En ese momento se hallaban infectadas 1466 ciudades, representando el 59,57% del total. Observando el desarrollo de la epidemia expandiéndose por las ciudades como celdas, identificamos la formación de un clúster único que abarca de un extremo al otro del plano (Ilustración 15: Situación en el país el día 25 de mayo, día en que el sistema alcanzó una proporción de ocupación $p=0,5927$.

).

Comportamiento de la epidemia

Primera fase de la epidemia



*Ilustración 13 a, b y c: Muestra el aumento de ciudades contagiadas en el centro del país en el marco de la primera fase de contingencia sanitaria por COVID-19. **a** 28 de febrero. **b** 15 de marzo. **c** 20 de marzo.*

Los primeros contagios en el país se dieron el día 27 de febrero, ocupando de inicio 4 ciudades ($p=0,002$). En la Ilustración 13 a, b y c: Muestra el aumento de ciudades contagiadas en el centro del país en el marco de la primera fase de contingencia sanitaria por COVID-19. **a** 28 de febrero. **b** 15 de marzo. **c** 20 de marzo. podemos observar la progresión en el valle de México en esta primera fase.

15 de marzo: Se reportan como infectadas al menos 64 ciudades del país ($p=0,026$). Las primeras infecciones en el país se concentran en el valle de México, en las alcaldías de la CDMX, municipios del estado de México, en Pachuca, estado de Hidalgo, y la zona metropolitana de Puebla, así como importantes ciudades del interior del país: Mexicali, Durango, Torreón, Culiacán, Saltillo, Monterrey, Chihuahua, la ciudad fronteriza de Juárez, San Luis Potosí, Guadalajara, León, Querétaro, además de notables sitios turísticos del país: Puerto Vallarta, Acapulco, Ciudad del Carmen, Mérida, Cancún y



Playa del Carmen. Es así que en el centro del país observamos la formación del primer clúster, mientras que el resto se hallan aislados entre sí, pero conectados por grandes trayectos carreteros.

20 de marzo: En el país hay 116 ciudades infectadas ($p=0,047$), la mayoría se halla sobre las rutas más transitadas del país (Ilustración 14: Extensión de la epidemia al día 20 de marzo.) revelando un

Ilustración 14: Extensión de la epidemia al día 20 de marzo.

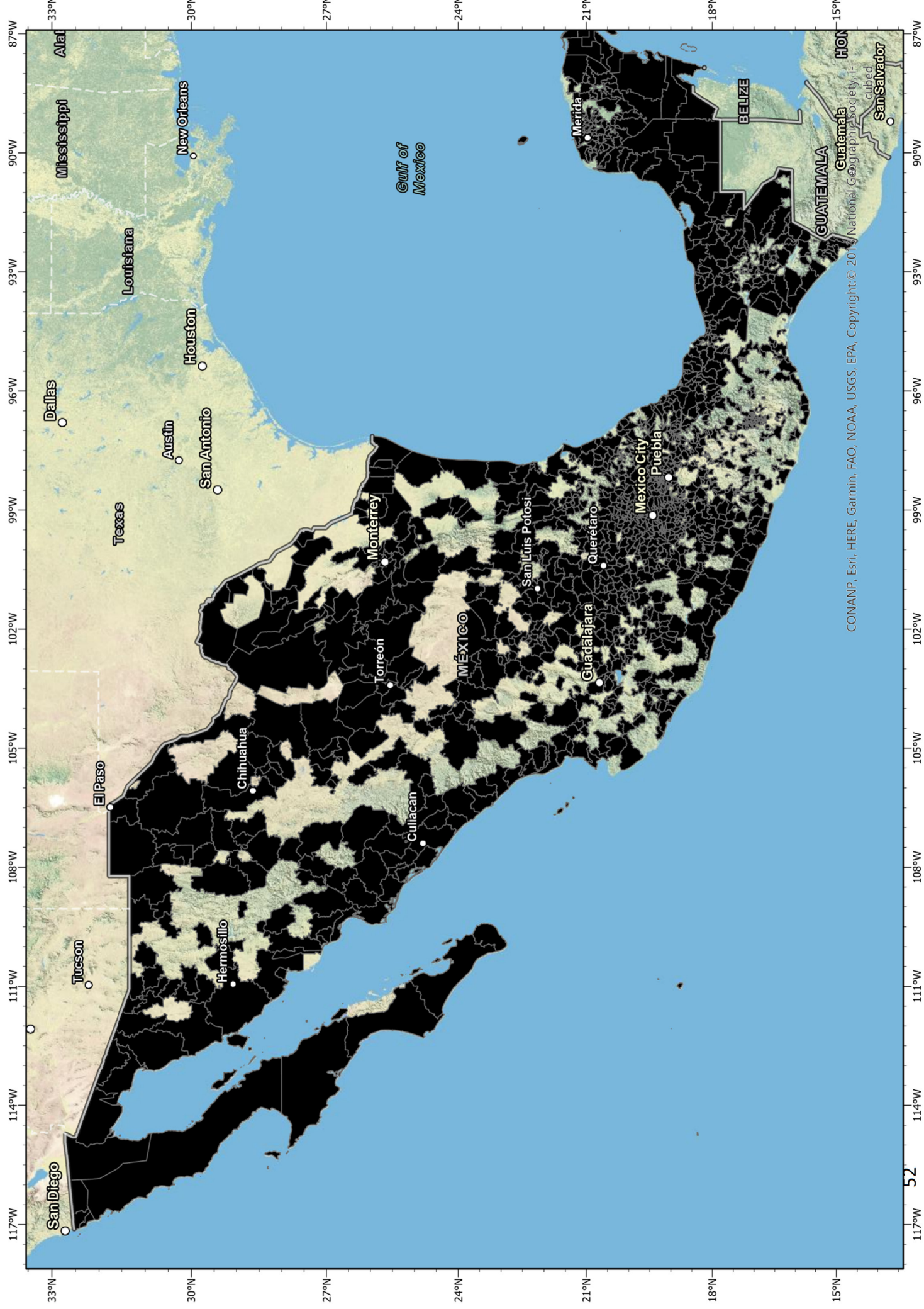


Ilustración 15: Situación en el país el día 25 de mayo, día en que el sistema alcanzó una proporción de ocupación $\rho=0,5927$, día en que el sistema alcanzó una proporción de ocupación $\rho=0,5927$.

CONANP, Esri, HERE, Garmin, FAO, NOAA, USGS, EPA, Copyright:© 2017 National Geographic Society, i-Cube

patrón que avanza a saltos entre los municipios afectados. Comienza un proceso de difusión secundaria de la epidemia a través de las redes domésticas de cada región hacia las localidades cercanas aparte del fenómeno principal que se desarrolla por las vías principales de comunicación. Es claro que las vías terrestres han llevado consigo la enfermedad puesto que las ciudades infectadas se hallan en las rutas que conducen del centro de México en dirección al norte del país.

Fase dos de la epidemia

26 de marzo, cuarto día de la fase dos de pandemia, en este momento se registra en el país una ocupación de 192 ciudades ($\rho=0,78$). Es evidente que la dispersión que en este momento registra el país está ligada al movimiento de personas que sigue a las rutas comerciales que se dirigen al norte desde el centro del país y no se trata únicamente de procesos de importación aislados.

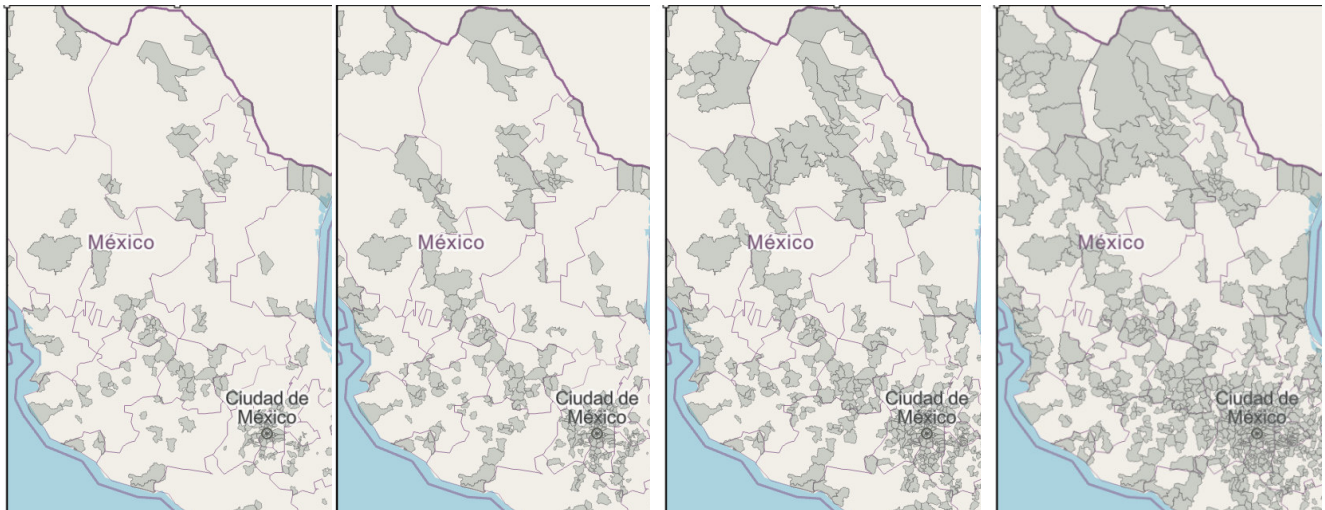


Ilustración 16: Ocupación de ciudades. A. 1 de abril $\rho=0,06$. B. 11 de abril $\rho=0,2$. C. 21 de abril $\rho=0,3$. D. 1 de mayo $\rho=0,4$.

En el valle de México y el área metropolitana (Ilustración 17: Detalle de la región centro del país el día 26 de marzo de 2020. Ocupación del 7,8% del país.) se extiende un clúster de color oscuro lo que indica que forma parte del grupo de primeros infectados. Se observa una pronta dispersión de la enfermedad hacia el centro y occidente del país, siguiendo los trayectos ligados a esta zona. La zona oeste del país donde encontramos los estados Jalisco, Nayarit, Colima muestra una afección en parches, presentando saltos de la infección entre la CDMX, Morelia, Guadalajara y Tepic, reflejo del rápido tránsito de la zona que se desplaza bordeando la costa del Pacífico en dirección norte.

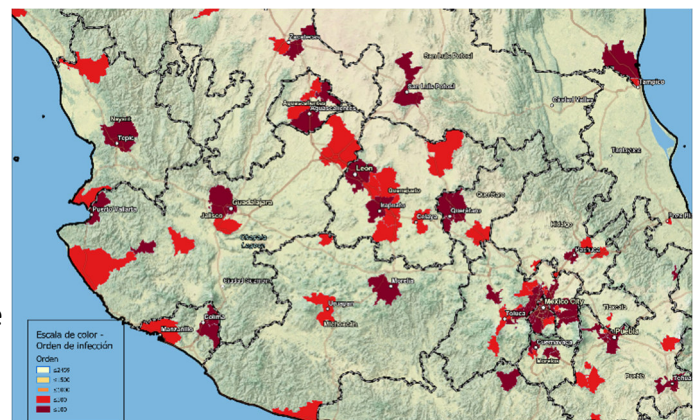


Ilustración 17: Detalle de la región centro del país el día 26 de marzo de 2020. Ocupación del 7,8% del país.

La ciudad de Guadalajara se ubica justo en la convergencia de la Sierra Madre Occidental y la Sierra Madre del Sur, siendo el punto de paso para alcanzar la región costera del Pacífico

desde el centro del país, por lo que es sujeta a un tránsito considerable. Mientras que en el estado de Michoacán se aprecian de manera similar dos procesos, uno en el que está incluida la ciudad de Morelia que se encuentra justo en medio del tránsito de la autopista que une CDMX y Guadalajara, y, por otra parte, un segundo proceso de difusión que involucra el movimiento desde y hacia el puerto de Lázaro Cárdenas.

6 de abril: Se registran 373 ciudades afectadas ($\rho=0,15$). Día número 15 de iniciada la fase dos de la pandemia. Se registra evidencia de contagios comunitarios a lo largo de todo el país (Ilustración 18: Situación en el día 6 de abril en el país, ocupación del 15,16%), el proceso infeccioso se esparce con rapidez siguiendo la huella del movimiento humano, a pesar de la caída en la movilidad, siguen apareciendo nuevas ciudades infectadas, en un proceso de difusión que probablemente tiene origen en las ciudades de donde es acarreada a las regiones interiores de los estados.

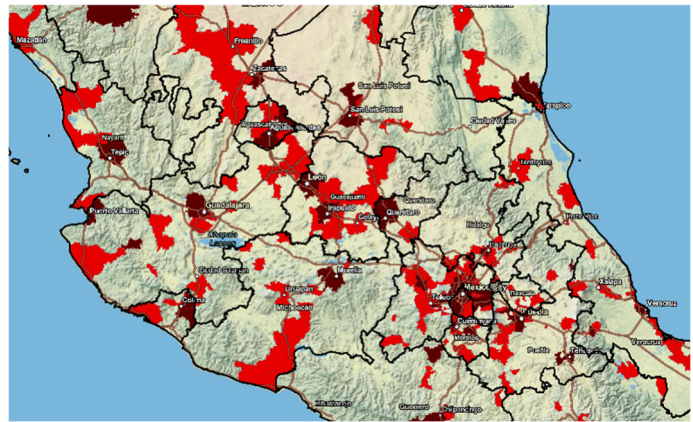


Ilustración 18: Situación en el día 6 de abril en el país, ocupación del 15,16%.

En el bajío se halla un importante corredor industrial-comercial. Observamos que las ciudades industriales de Irapuato y León registran infección de manera temprana (resaltadas en rojo oscuro), mientras que en colores más claros observamos infecciones posteriores. Podemos seguir el rastro de la infección desde esta zona hacia las ciudades de Guadalajara, Morelia y Aguascalientes (Ilustración 18: Situación en el día 6 de abril en el país, ocupación del 15,16%).

A lo largo de la altiplanicie mexicana encontramos rastro de la infección a través de los estados que la conforman. Las rutas que lo atraviesan se encuentran superpuestas por un registro de infección, dichas rutas, que se extienden desde la ciudad de Querétaro se encuentran infectadas. Querétaro funge como un nodo que bifurca el tráfico en de dos rutas paralelas, la que se dirige a Fresnillo, Zacatecas desde el bajío, y la que corre por la serranía de San Luis Potosí. En ambas rutas encontramos afección por la epidemia de COVID-19. Resulta evidente un patrón que sigue el trazado de los caminos que atraviesan la zona. En este momento, la epidemia se ha esparcido principalmente en las principales municipalidades encontradas en la ruta.

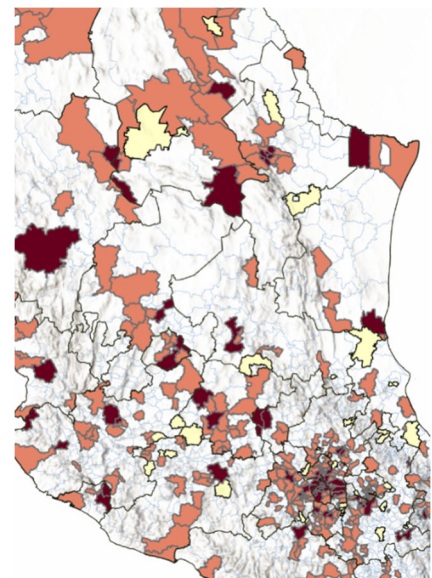


Ilustración 19: Altiplanicie mexicana $\rho=0,19$

Todo lo anterior pone de manifiesto el papel fundamental que desempeñan las vías de comunicación y el tránsito que fluye por ellas, al permitir la difusión de la epidemia.

21 de abril. En este momento en el país se registran 718 ciudades contagiadas ($\rho=0,3$). Al contrario de lo sucedido en la región centro occidente, que destaca por su nivel de conexión, a las regiones del sur las caracteriza una topografía

que confiere un nivel de aisladas a varias de las comunicaciones ubicadas en el interior de su sistema montañoso.

En este momento el clúster central ubicado en CDMX adquiere una configuración amorfa, que solo tiene sentido observándola con el contexto de sus tramos carreteros, dicho cúmulo de ciudades infectadas se extiende ya por la CDMX, el Estado de México, partes de Hidalgo, Morelos y el estado de Puebla. El estado de Guerrero presenta una agrupación de localidades infectadas centradas en el puerto turístico de Acapulco, además de rastro de infección por el tramo carretero que bordea el océano Pacífico. En el estado de Oaxaca, hallamos una situación peculiar, es el estado con más municipios en el país, sin embargo, de estos, pocos se encuentran infectados, principalmente se hallan afectadas las comunidades colindantes a la capital y las que se hallan de camino a esta. En este momento se vuelve más tangible la idea de que los procesos infecciosos no se expanden de manera enteramente aleatoria, si no que está regida por las condiciones locales de movilidad, puesto que en este momento, pese a la intensa ocupación en otras partes del país, la condición de aislamiento de esta región permite que veamos tan amplia zona sin afectar y las pocas agrupaciones que permanecen aisladas sin formar conglomerados mayores lo que denota una alta resistencia a la difusión del proceso desde el exterior.

30 de abril. En este momento hay 977 ciudades afectadas ($p=0,4$). Algunos estados ven la totalidad de su territorio afectado por el SARS-CoV-2, mientras que otros lo hacen parcialmente. En el norte del país, la frontera con los Estados Unidos atrae fuertemente el desplazamiento de personas y bienes. Desde el centro del país, las rutas que ascienden por la meseta central, a su paso van dejando huella de la infección, mientras que existen tramos, por ejemplo, en el desierto de Zacatecas, donde al momento aún no se registra infecciones locales, no así las ciudades que integran el corredor, resaltadas en color rojo oscuro. En la frontera norte del país el fuerte movimiento de bienes con el país vecino del norte trae consigo una pronta y extensa afección de la zona. Prácticamente todos los cruces fronterizos se hallan infectados así también los municipios que se hallan sobre los caminos que conducen a los anteriores. En el estado de Sinaloa, casi la totalidad de sus alcaldías reportaron su afección de manera temprana (rojo y rojo oscuro), mientras que en Sonora únicamente, la capital, los municipios que conducen a esta, así como los cruces fronterizos reportan infección por COVID-19 en este momento, mientras que la

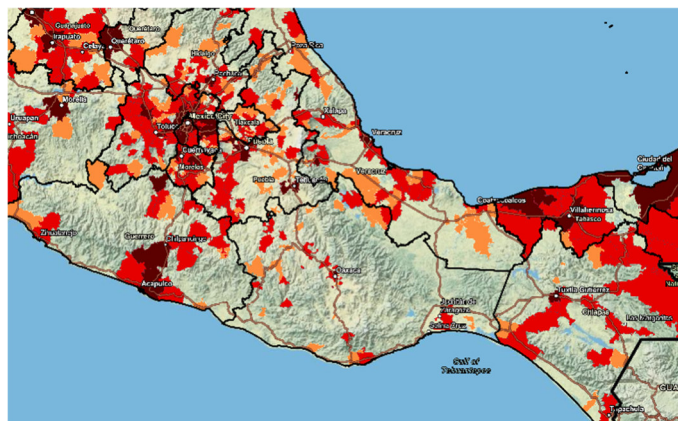


Ilustración 20: Región sur del país el día 21 de abril de 2020, ocupación del 29,18%.

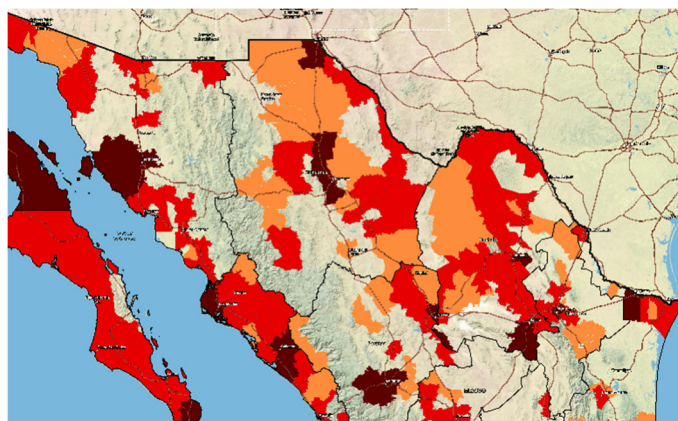


Ilustración 21: Frontera norte del país el día 30 de abril, ocupación de 977 ciudades de un total de 2461, correspondiente a 39,7%.

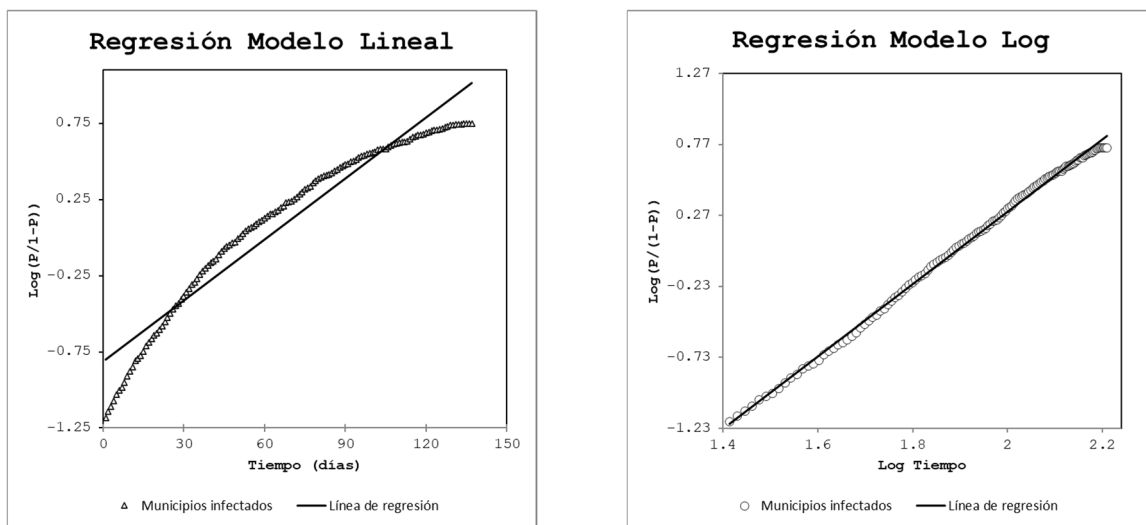
porción serrana y desértica se encuentran libres de afección. Al interior de las Sierras Madres, en Chihuahua es notable que los municipios afectados se hallen sobre los tramos carreteros, en Coahuila se reporta una infección temprana de una buena parte del estado, mientras que, en el estado de Nuevo León, los puntos de infección se concentran en la capital del estado y municipios conurbanos, además de los principales que se encuentran en tramos carreteros. Misma situación podemos observar en el estado de Tamaulipas, donde la infección por SARS-CoV-2 se circunscribe a la capital, así como en las principales ciudades del estado que tienen colindancia con los Estados Unidos, dejando prácticamente inafectado el resto del territorio de aquel estado.

Por todo lo anterior podemos decir con seguridad que un municipio tiene mayor probabilidad de ser afectado si este se encuentra en un tramo carretero, y por tanto que la infección no se esparce de manera homogénea, sino que hay sitios con mayor o menor resistencia al flujo de esta.

Descripción matemática de la epidemia

Como se ha estado mencionando, la situación de ocupación de la epidemia puede ser representada por una proporción p que puede adoptar valores entre 0 y 1, o lo que es lo mismo, representan el porcentaje de ocupación. Mediante la transformación logística obtenemos la proporción P de ocupación, de la que obtenemos su pendiente y ordenada.

Se



realizan cinco mediciones en tiempos distintos, a los 10, 15, 20, 25 y 30 días, así como una adicional a los 5 días de iniciada la fase dos.

Gráfica 21 Regresión lineal entre la proporción de municipios infectados en función del tiempo. **A.** Se representa la transformación logística de la proporción p de municipios infectados, con el eje de las abscisas representando el tiempo en su forma lineal, mientras que en **B.** se representa la regresión lineal de la transformada con relación al tiempo en escala logarítmica.

A fin de realizar estimaciones respecto al tiempo que tomará alcanzar la concentración crítica ρ_c utilizaremos la siguiente ecuación:

$$\log\left(\frac{p}{1-p}\right) = a_0 + a_1 \cdot \log(t)$$

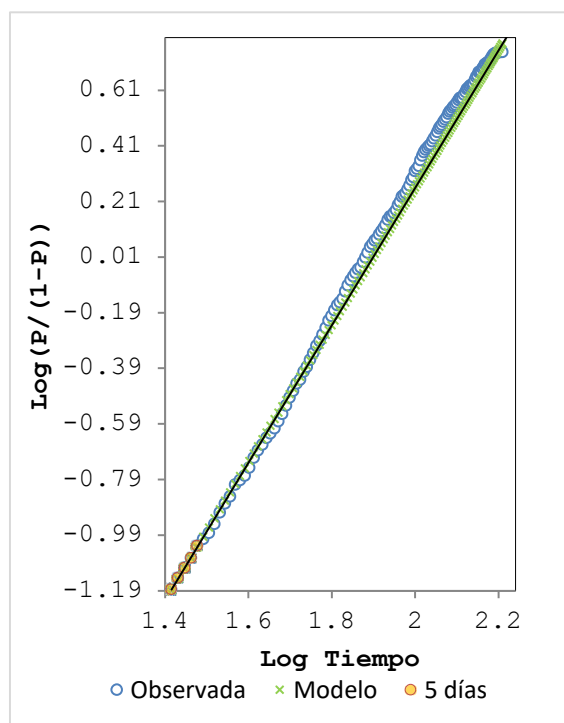
Primeros cinco días: 27 de marzo. Probablemente debido a la gran cantidad de registros, es que el modelo se comporta de manera estable para realizar mediciones a escasos 5 días. En ese momento se contaban 211 ciudades equivalente a una concentración $\rho=0.086$. Este subconjunto de únicamente cinco entradas de datos tiene por ecuación:

$$\log_{10}\left(\frac{0,086}{1-0,086}\right) = -4,684 + 2,473 \cdot \log_{10}(t)$$

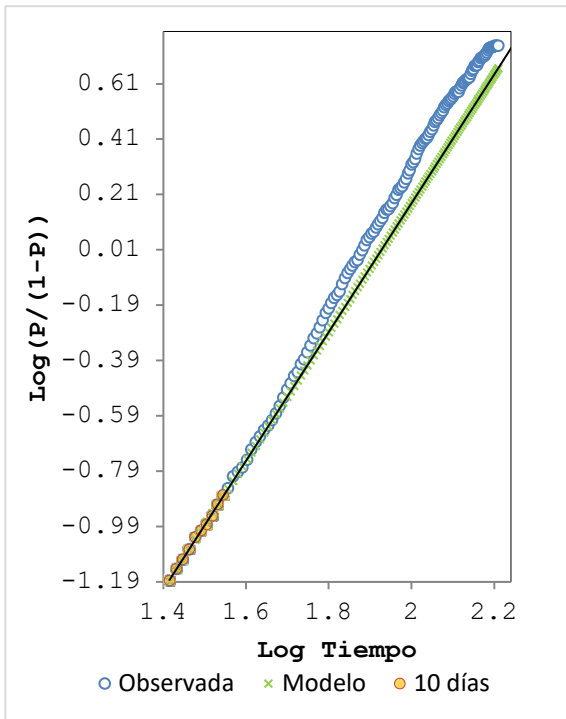
Al despejar sustituyendo la concentración crítica $\rho=0,5927$ para obtener el tiempo estimado para alcanzar la concentración crítica ρ_c , obtenemos:

$$\log_{10}(t) = 4.513$$

Igual a $\tau = 91.19$ días desde el primer contagio (IC95%: 87,52-96,28. $R^2: 0,997$), equivaliendo al jueves 28 de mayo 2020.



Primera medición: 1° de abril. Primeros diez días de la fase dos, en el país se registran 289 ciudades infectadas (de las 2461 disponibles) igual a una concentración $\rho=0,117$ (11,7% del total). Observamos



(en color naranja) el conjunto de datos disponibles en este momento. Este grupo de datos tiene por ordenada -4.476, pendiente 2.328. Por lo que en este momento la regresión lineal tiene por ecuación:

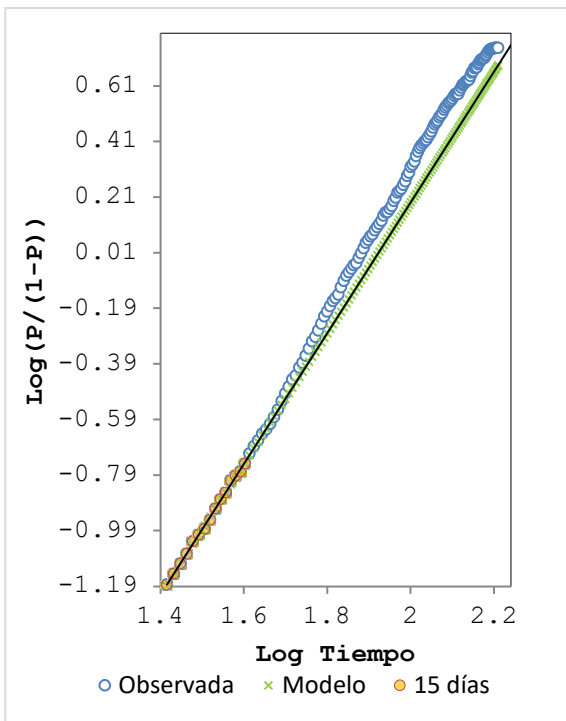
$$\log_{10} \left(\frac{0,117}{1 - 0,117} \right) = -4,476 + 2,328 \cdot \log_{10}(t)$$

Procedemos a realizar el cálculo del tiempo estimado para alcanzar concentración crítica, por lo que igualamos la regresión lineal a la concentración crítica $p_c=0,5927$.

Con lo que tendremos:

$$\log_{10} \left(\frac{0,5927}{1 - 0,5927} \right) = -4,476 + 2,328 \cdot \log_{10}(t)$$

Al despejar τ , obtenemos $\log_{10}(x) = 4.588$ lo que es igual a $\tau = 98.32$ días (IC95%: 92,1-104,5. $R^2: 0,996$). Por lo que, con el presente ritmo, el sistema alcanzará la percolación el día 5 de junio.



Segunda medición: 6 de abril 2020. 15 días del inicio de la fase dos de epidemia. En el país hay 373 ciudades infectadas mostrando una concentración $p=0.152$. La regresión de este subconjunto de datos está dada por:

$$\log_{10} \left(\frac{0,152}{1 - 0,152} \right) = -4,511 + 2,352 \cdot \log_{10}(t)$$

Igualamos la segunda parte de la ecuación a la concentración crítica, obteniendo:

$$\log_{10} \left(\frac{0,5927}{1 - 0,5927} \right) = -4,511 + 2,352 \cdot \log_{10}(t)$$

Por lo que al despejar τ tendremos:

$$\log_{10}(x) = 4.576$$

Esto es igual a 97,10 días (IC95%: 89,5-104,6. $R^2: 0,998$). Fecha pronosticada para alcanzar la percolación: 2 de junio.

Tercera medición: 11 de abril. Día 20 de la fase dos de pandemia. Se reportan en el país 472 localidades infectadas. Concentración $\rho = 0.192$ (19,17%). La ecuación arrojada por la regresión es:

$$\log_{10}\left(\frac{0,192}{1 - 0,192}\right) = -4,539 + 2,371 \cdot \log_{10}(t)$$

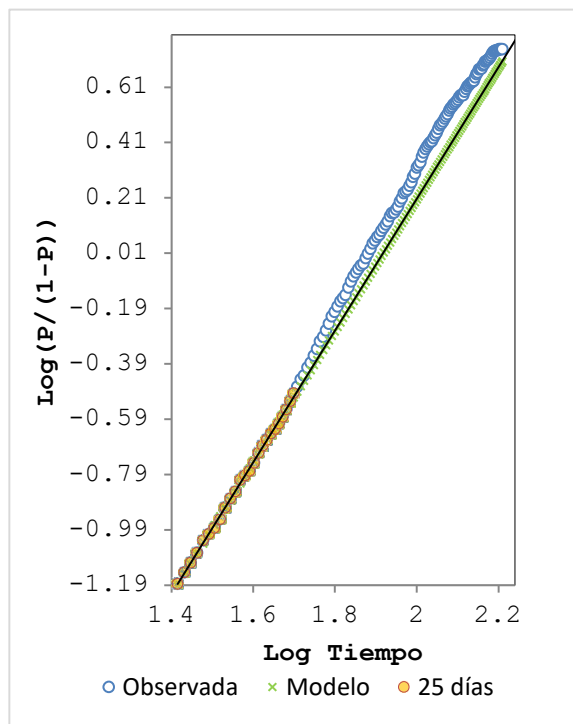
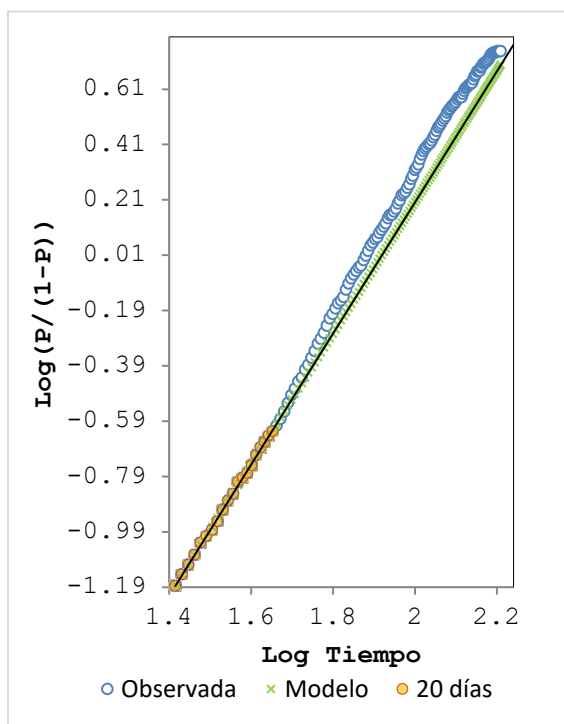
Igualamos la regresión al valor buscado ρ_c :

$$\log_{10}\left(\frac{0,5927}{1 - 0,5927}\right) = -4,539 + 2,371 \cdot \log_{10}(t)$$

Al resolver la ecuación para τ tendremos:

$$\log_{10}(x) = 4.566$$

Lo que es igual a una estimación de 96.18 días (IC95%: 87,4-104,95. R^2 : 0,999). De tal manera, que se estima que la concentración crítica ρ_c sea alcanzada aproximadamente el 2 de junio.



Cuarta medición: 16 de abril. Han pasado 25 días desde el inicio de la fase dos de epidemia. En este momento se registra en el país una ocupación $\rho = 0.242$. Equivalente a 596 ciudades infectadas. En este momento, el conjunto de datos ingresados arroja la siguiente ecuación:

$$\log_{10}\left(\frac{0,242}{1 - 0,242}\right) = -4,554 + 2,381 \cdot \log_{10}(t)$$

Sustituimos en la fórmula el valor crítico $\rho_c=0,5927$:

$$\log_{10}\left(\frac{0,5927}{1 - 0,5927}\right) = -4,554 + 2,381 \cdot \log_{10}(t)$$

Al despejar y resolver para τ , obtenemos:

$$\log(\tau) = 4.561$$

Lo que es lo mismo que $\tau \approx 95.73$ días (IC95%: 85,9-105,5. R^2 : 0,999). En este caso, la fecha estimada para

alcanzar la percolación sería el 1 de junio.

Última medición: 21 de abril 2020. 30 días desde iniciada la segunda fase de la epidemia. Se reportan 718 ciudades infectadas, equivalente a una concentración $\rho = 0.292$. El subconjunto de datos tiene por ecuación:

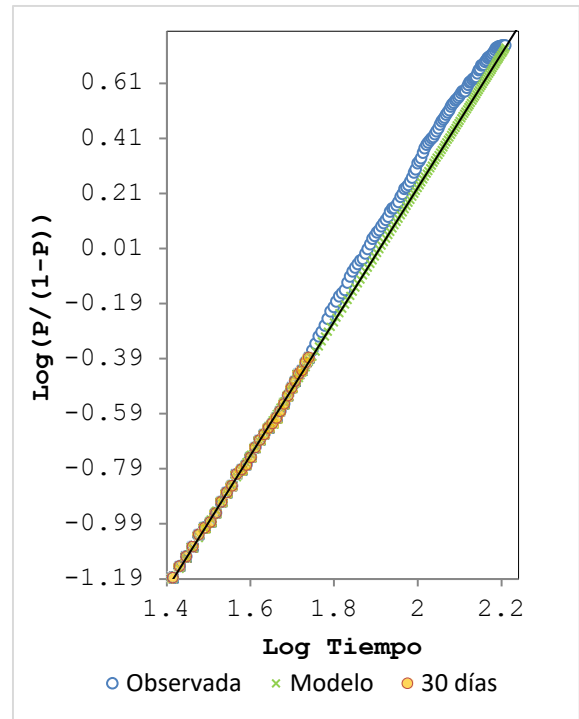
$$\log_{10}\left(\frac{0,292}{1 - 0,292}\right) = -4,635 + 2,434 \cdot \log_{10}(t)$$

Nuevamente sustituimos:

$$\log_{10}\left(\frac{0,5927}{1 - 0,5927}\right) = -4,635 + 2,434 \cdot \log_{10}(t)$$

Al despejar $\log(\tau) = 4.539$. Se obtiene una fecha estimada para la percolación para el 30 de mayo.

Finalmente, la concentración crítica $\rho_c=0,5927$ observada, se dio el día 89 de iniciada la epidemia, el día 25 de mayo.



Discusión

El presente trabajo busca encontrar los fundamentos que puedan demostrar que el desplazamiento entre ciudades de un país en el caso de una epidemia, no es enteramente aleatorio, sino que se ve influido por una serie de factores identificables. Más aun hemos encontrado que la teoría de percolación se adapta correctamente para describir este suceso.

Correlación con las investigaciones previas.

Las más notables referencias para la realización de este trabajo (39,54,55,57) se desarrollaron en el contexto de la pandemia por influenza del 2009. Encontramos correlación de manera global con lo reportado por los anteriores. Específicamente en la formación de un clúster único que se expanda desde una orilla a la otra de un plano, sin necesariamente haberlo afectado en su totalidad.

En ese aspecto, nuestro trabajo sienta un precedente en la cantidad de sitios disponibles con que cuenta la muestra, en este caso, las localidades municipales en México. En este sentido, en el pasado han sido utilizados como muestra los estados de la unión americana (39), los países insulares a nivel mundial (54) y la situación acaecida en la república argentina (55,57). En este sentido, nuestro trabajo ofrece un detalle en la formación de estas estructuras sin precedente, con una muestra de 2461 celdas individuales. Este nivel de detalle es el que nos permite realizar una disección de las características del fenómeno conforme se desarrolla.

Sobre la estructura de los clústeres.

Uno de los aspectos más característicos en la difusión de las epidemias de acuerdo a la teoría de percolación, es la formación de clústeres, esto es, la agrupación de sitios infectados con los que se hallan adyacentes a estos. En la progresión de la epidemia, entendemos que cualquier sitio infectado tiene potencial de formar un clúster nuevo por su expansión, al final, son estos clústeres los que forman la estructura visible de la expansión de la epidemia. Así como lo propuso Grassberger (54) se trata de un fenómeno que se expande en una población a la que no se le añaden nuevos componentes, lo cual es aplicable al 100% en nuestro trabajo. Se propone además que el fenómeno se esparciría en forma parecida a una ola si el plano en el que se desarrolla es bidimensional.

A pesar de que el objetivo principal de este trabajo no es desarrollar un análisis profundo sobre la estructura compleja de los clústeres, creemos importante mencionarles pues resulta sencillo detectar dichas formaciones. Más aún, ubicando estos en el contexto geográfico en que se desarrollan en el mundo real, deriva en una mayor intuición sobre la formación de estas estructuras, por ejemplo, lo relativo a las vías de comunicación.

Pronósticos matemáticos.

De manera general, usaremos el procedimiento propuesto por Canals en (4,6) i: obtener la proporción p de localidades infectadas en un tiempo t al inicio de la pandemia, ii: realizamos una regresión lineal simple entre P y el tiempo, y iii: a continuación, calcular el tiempo estimado para alcanzar la concentración crítica p_c . iv: repetir durante el curso de la epidemia.

En ese rubro, obtuvimos resultados no solo consistentes con los obtenidos en (4,6,47,48) si no que obtuvimos resultados estables aun con las muestras de los 5 días de contagios domésticos. Esto, lo mismo que en (4,6,47,48) se confirma que el modelo de percolación permite describir y predecir de manera sencilla la progresión espacial de la epidemia con respecto al tiempo.

Modelado de escenarios y predicción del comportamiento.

Uno de los hallazgos más notables de esta investigación fue que con base en lo registrado, a través de la regresión lineal, se permite extrapolar hacia el futuro la información. Esto es, dada la ecuación, esta se reproduce y nos permite estimar la cantidad de localidades afectadas en cualquier momento dado del futuro. El modelo genera escenarios futuros por cada medición, en ese sentido, por definición cada gráfico generado exhibe un comportamiento único. Esto abre la posibilidad para crear escenarios paralelos a los observados mediante la modificación de los parámetros calculados. Es así como se explica la variación en el tiempo de percolación, pues este se torna lejano o cercano dependiendo de la intensidad que exhibe la epidemia para difundir. Únicamente resta mencionar sobre el comportamiento de la epidemia, que ésta se difunde de manera desigual, únicamente logramos relacionarlo con el nivel de desarrollo humano, parece que los lugares de menor acceso o que se hallen bloqueados efectivamente presentan una mayor resistencia para la expansión de la epidemia, por lo que intuimos una relación entre la movilidad o la ausencia de la misma para la difusión de la enfermedad, a lo que también sugerimos que esta podría ser determinada para cada municipio en específico como la probabilidad f de ser infectada. Este parámetro pensamos que podría ser usado en el futuro como medida de mitigación, especialmente en las etapas primigenias de su formación.

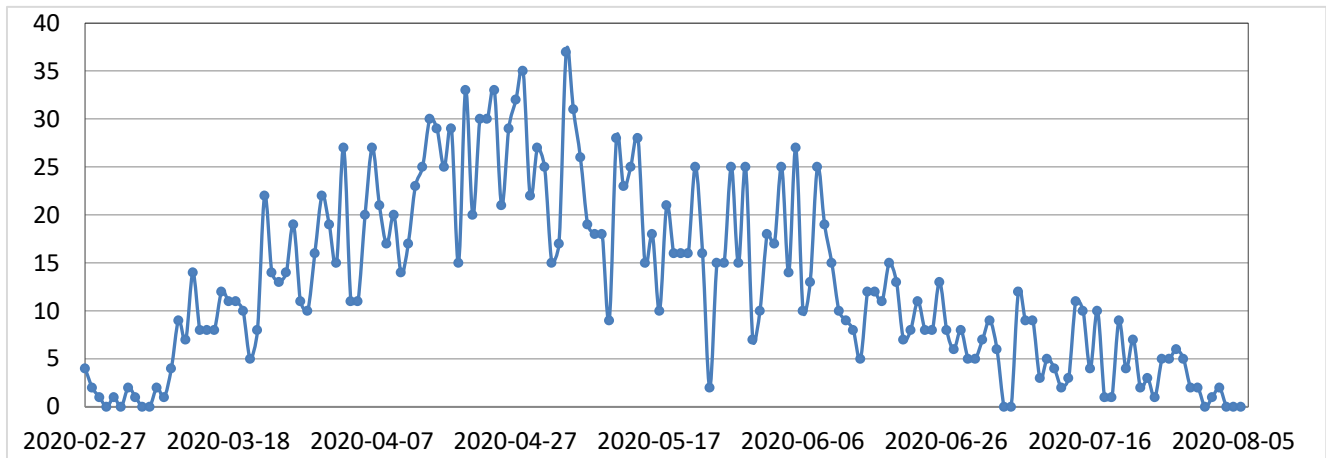
Aplicación en el contexto de la epidemia por COVID-19 en México.

En su trabajo de 1983 Grassberger proponía una evolución $n+1$, sin embargo, menciona que debería iniciarse con un número aleatorio de celdas infectadas en lugar de evolucionarla a partir de una sola celda infectada. Los hallazgos de nuestra investigación curiosamente exhiben este comportamiento, pues en el primer momento se inicia con reportes en 4 ciudades, opuesto al clásico inicio de una sola celda afectada. En este aspecto, creemos que, al buscar intencionadamente a los portadores de la enfermedad, se introdujo artificialmente esa medida, es decir, al observarla, fue modificada. En contraste con lo que sucedería naturalmente al detectar a enfermos que se presentaran espontáneamente a la atención. Esto es, al detectar con mayor cuidado el lugar de inicio, tendremos menor precisión sobre cuando realmente comenzaron los contagios, pues estaremos midiendo casos aislados. Probablemente si midiésemos hasta que se presentaran de manera abierta los contagios, podríamos determinar con mayor precisión cuando estos comenzaron, de acuerdo con su ritmo, sin embargo, tendremos mayor incertidumbre sobre donde comenzó. Esto explicaría por qué antes de la declaratoria de fase dos de la epidemia, los registros simplemente se hallan distorsionados, mientras que, al tomar la medida discreta de considerarles como contagios comunitarios, el registro en el gráfico simple y sencillamente se torna prácticamente lineal. Dicho lo anterior, decidimos realizar las regresiones lineales considerando únicamente los datos registrados en el periodo de contagios comunitarios, omitiendo por su parte los previos a este momento, puesto que estos se reconocen como importados. También es después de iniciada la fase de contagios sostenidos que las predicciones se tornan estables y en su mayoría más comprensibles, pues de hacerse con los datos

registrados como importados, el tiempo estimado para alcanzar p_c sencillamente no tienen sentido pues arroja resultados de miles de días.

Significado de los resultados matemáticos.

Uno de los aspectos que caracterizan a los eventos complejos es la sensibilidad a la modificación en los datos iniciales. Esto se refleja a su vez en la variación en los pronósticos del tiempo para alcanzar la percolación. De manera general, se da por entendido, que el ritmo de evolución del fenómeno afecta de manera proporcional a la intensidad de esta. Nuestra investigación encontró que, observando a mayor detalle, es decir, detallando las características de los gráficos formulados a partir de los contagios por día, se intuyen, fácilmente si sabe dónde buscarse, las variaciones en el ritmo de transmisión. Si observamos los momentos en que realizamos las mediciones, (23 de marzo-21 de



abril), encontramos profundos cambios en el ritmo, marcados por descensos bruscos al iniciar las medidas de restricción de movilidad, así como picos coincidiendo en fecha con los días del fin de semana. Es esta la manera más explícita en que se muestran dichas variaciones, ya en la transformación logarítmica, por consecuencia lógica las diferencias se desvanecen prácticamente del todo. Estableceremos, que, dada la sensibilidad en las etapas iniciales, de una manera casi determinista, lo que suceda en adelante, dependerá en gran medida de lo que sucede en estos momentos. Esto se debe a que las ciudades infectadas hoy, tendrán a su vez reproducción del proceso de contagio el cual habrá de dispersarse en las inmediaciones.

Influencia del medio geográfico en el desarrollo de la epidemia.

El país mexicano se caracteriza por agrestes territorios, en ese mismo sentido no podríamos esperar que el desarrollo de una epidemia, lo mismo que en un plano bidimensional se desplazara aleatoriamente de sitio en sitio sin resistencia, noción que sin duda predomina (Grassberger postula en su trabajo de 1983 que de tratarse de un medio homogéneo, el fenómeno se esparciría en forma de ola); esto sin embargo se halla lejos de la realidad que observamos, pues a pesar del arreglo casi aleatorio que presentan los clústeres en los mapas, observamos que estos en realidad se desplaza en la misma dirección de las vías de comunicación, terrestres, o bien aéreas, lo que justifica el salto de la enfermedad entre ciudades no contiguas. Habiendo dicho esto, era de esperarse que encontrásemos condiciones distintas de desplazamiento, incluso dentro de las regiones o como en algunos casos que las entidades federativas también exhiben un comportamiento de grupo si se les observa de manera

aislada. Esto mismo nos lleva a concluir que el método de percolación, a pesar de no tener noción sobre estas condiciones locales, aun así, permanece válido ajustando la regresión, que es en sí misma un fenómeno emergente, que constantemente arroja una nueva predicción para alcanzar la percolación.

En este mismo aspecto, localidades situadas en las regiones áridas, como los desiertos de Zacatecas y San Luis, dada su condición de ambientes extremos, se encuentran entre las últimas en reportar un primer contagio. Misma situación observada en las cadenas de la Sierra Madre Oriental y Occidental, en donde los sitios que sirven para cruzarles se hallan también en esta categoría de últimos en registrar contagio, más aún, las localidades fuera de estos pases carreteros, permanecen en su mayoría todavía sin registro de infección para cuando terminó la recolecta de datos.

Ejemplo especial de lo observado, es el estado de Oaxaca, cuya capital se infectó en una etapa temprana, siguieron a esta las localidades adyacentes, extendiendo a su vez el alcance de la epidemia; sin embargo, estas ciudades infectadas en un segundo orden son pocas y la infección no se difunde más allá, mientras que las que se infectan en un tercer término se hallan en una disposición centrífuga con relación al centro del estado. Por último, los contagiados al final ocupan una gran superficie de la entidad, dejando a su vez, grandes parches de territorio no afectado, disperso a lo largo del estado, predominando en regiones de alta montaña.

El aumento de la proporción P de ciudades ocupadas

Conforme avanza la epidemia, extendiéndose por los interiores del país, la proporción P , descrita por la cantidad total de sitios ocupados dividida por el total de sitios disponibles, da por resultado valores entre 0 y 1, acusando la proporción relativa de localidades infectadas, a su vez, representa la probabilidad de que nuestro sistema percole. De esta manera, como ya hemos visto, conforme aumenta P , el tamaño de los clústeres aumenta, sin embargo este proceso de formación de clústeres y posterior aumento de tamaño no ha de perdurar, alcanzada una cierta concentración crítica, el sistema entero sufre un cambio abrupto, pasa de una fase donde hay n cantidad de clústeres por debajo de este umbral, cambiando por un estado en el que súbitamente la probabilidad de que todos los clústeres hayan convergido a uno único será cercana a la unidad. Por su parte, escapa a los alcances de este estudio la determinación de las características especiales que encontramos en los clústeres posterior a alcanzar la concentración crítica. Pues se establece que sobrepasado el umbral de percolación la probabilidad que un clúster cualquiera pertenezca al clúster percolante es prácticamente de 100%, mientras que los clústeres nuevos que se agreguen en adelante, con alta probabilidad aparecerán incrustados en la estructura del clúster percolante. Por ende, la probabilidad de que un clúster nuevo, se hallase aislado del resto debería acercarse de manera asintótica a 0; sin embargo, en esta investigación observamos formación de clústeres que permanecen aislados aun por encima de p_c . Sin embargo, es posible que se trate de un hallazgo debido a las condiciones de extrema resistencia al movimiento, entendiéndose lugares de difícil acceso, sin embargo, si consideráramos un evento de menor magnitud, cabe la posibilidad que este fenómeno resulte magnificado.

En su trabajo de 1983, Grassberger proponía usar modelos extremadamente simplificados con la intención de describir la propagación de fenómenos transmisibles mediante el enfoque propuesto por la teoría de percolación, que dice que un sistema de tamaño finito, la población, en este caso, los clústeres, solo pueden alcanzar un tamaño máximo también finito. Por su parte, también afirmaba que las aplicaciones probablemente se verían limitadas a escalas muy pequeñas. No obstante, en 2009

la epidemia de influenza fue adecuadamente descrita por este método, con la principal limitante de la escala, es decir, detalles más gruesos. Sin embargo, sentaron las bases para los interesantes descubrimientos que hallados en el presente trabajo.

Conclusiones

Derivado de los resultados obtenidos presentamos las siguientes conclusiones:

- La teoría de percolación predice adecuadamente el comportamiento de una epidemia.
- Las formaciones predichas por la teoría de percolación, clústeres, así como su estructura y comportamiento efectivamente fueron observados en la epidemia por SARS-CoV-2 en México.
- El tiempo estimado para alcanzar la concentración crítica p_c fue consistente usando el método propuesto por Canals desde los primeros días de iniciada la epidemia, además que proponemos que con una muestra suficientemente grande podría alcanzarse incluso una precisión mayor.
- En la epidemia de COVID-19 en México, en concreto, diremos que no se desplaza de manera aleatoria si no que existen patrones identificables.
- Sobre el método para realizar las predicciones, sugerimos fuertemente se use el modelo logístico, se trata de un procedimiento más estable que el modelo lineal, sin embargo, el arreglo lineal puede servir para dar una visión complementaria más consistente con la experiencia humana, mientras que la transformación logarítmica permite observar los datos abstraídos por lo que las distancias entre ellos se dirimen.

Perspectivas

El presente estudio abre las puertas a la posibilidad de generar escenarios alternos, es decir, en un futuro será posible ingresar una determinada proporción P , y en consecuencia un mapa será generado con un escenario que corresponda a dicha ocupación.

Sugerimos realizar simulaciones a distintas proporciones P de ocupación a fin de determinar el umbral exacto para la nación mexicana, dado que se trata de un espacio finito, el umbral puede tener un valor exacto.

El evento al que hoy nos enfrentamos, sin duda marcará un antes y un después para la humanidad y la manera en que reaccionamos ante una emergencia sanitaria, buscamos que el presente sienta un punto de comparación para ponderar la intensidad en futuras epidemias.

Fortalezas y debilidades del estudio

Una fortaleza clara del estudio consiste en que, a pesar que se establece en la teoría que no es necesario que exista una conexión en la realidad entre dos celdas, el haber realizado un acercamiento a nivel individual de las municipalidades, permite vencer este obstáculo, observando que en los lugares donde, por ejemplo, hay unión entre sitios a ambos lados de las sierras madres en efecto se hallan unidos por caminos existentes en la vida real, lo que permite enlazar el marco teórico en el que se desarrolla la investigación con el contexto físico de los pueblos. Por otra parte, una debilidad inherente al estudio, es que al inicio de la epidemia se realizó una búsqueda intencionada de casos, lo que probablemente introdujo distorsión sobre la medida en que en realidad se reprodujo el fenómeno de dispersión.

Bibliografía

1. Aburto-Morales JS, Romero-Méndez J, Ayerim Lucio-García C, Madrigal-Bustamante JA. México ante la epidemia de COVID-19 (SARS-CoV-2) y las recomendaciones al Subsistema Nacional de Donación y Trasplante Mexico's response to COVID-19 epidemic (SARS-CoV-2) and the recommendations to the National Donation and Transplant Subsystem. [cited 2020 Nov 30]; Available from: www.medigraphic.com/trasplanteswww.medigraphic.org.mx
2. Suárez V, Suarez Quezada M, Oros Ruiz S, Ronquillo De Jesús E. Epidemiología de COVID-19 en México: del 27 de febrero al 30 de abril de 2020. *Revista Clínica Española* [Internet]. 2020 Nov 1 [cited 2020 Nov 28];220(8):463–71. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0014256520301442>
3. Córdova Villalobos JA. La epidemia de influenza A/H1N1 en México. Editorial Médica Panamericana; 2010. 363 p.
4. Canals L M, Canals C A. Percolación de la epidemia de influenza AH1N1 en el mundo: Utilidad de los modelos predictivos basados en conectividad especial. *Revista Medica de Chile*. 2010;138(5):573–80.
5. Havlin S, Bunde A, Strelinker YM. Fractals and Percolation. In: *Encyclopedia of Complexity and Systems Science*. 1st ed. Springer; 2009.
6. Canals M, Torres R, Canals A, Fuentes M, Alvarado S, Caceres D. From epidemic outbreaks to pandemics: the critical time of percolation. *Revista Parasitología Latinoamericana*. 2016;65(3):62–70.
7. Domínguez-Cherit G, Ñamendys-Silva SA, de La Torre A, Macias AE, Cordova-Villalobos JA. H1N1 influenza pandemic of 2009 compared with other influenza pandemics: Epidemiology, diagnosis, management, pulmonary complications, and outcomes. *Current Infectious Disease Reports*. 2010;12(3):204–10.
8. Eduardo Sánchez-Núñez J, Antonio Reyes-Vallejo L, Emmanuel Rosas-Nava J, Eduardo Sánchez Núñez Balmis J. COVID-19 (SARS-CoV-2): el legado de la enfermedad a la urología. *Revista Mexicana de Urología*. 2020;80(3):1–7.
9. Moreno-Sánchez F, Fernanda M, Rovirosa C, Teresa M, de León A, Elizondo Ochoa Á. Historia y filosofía de la medicina Las grandes epidemias que cambiaron al mundo. *Anales Médicos* [Internet]. 2018 [cited 2020 Jun 19];63(2):151–6. Available from: <http://www.medigraphic.com/analesmedicos>
10. Hui DSC, Zumla A. Severe Acute Respiratory Syndrome: Historical, Epidemiologic, and Clinical Features [Internet]. Vol. 33, *Infectious Disease Clinics of North America*. W.B. Saunders; 2019 [cited 2020 Jun 22]. p. 869–89. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0891552019300571>
11. World Health Organization. WHO guidelines for the global surveillance of severe acute respiratory syndrome (SARS). 2004 Aug.
12. Guan Y, Zheng BJ, He YQ, Liu XL, Zhuang ZX, Cheung CL, et al. Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in Southern China. *Science* (1979) [Internet]. 2003 Oct 10 [cited 2020 Jun 23];302(5643):276–8. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12958366/>
13. Rota PA, Oberste MS, Monroe SS, Nix WA, Campagnoli R, Icenogle JP, et al. Characterization of a novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome. *Science* (1979) [Internet]. 2003 May 30 [cited 2020 Jun 23];300(5624):1394–9. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12730500/>
14. Dawood FS, Iuliano AD, Reed C, Meltzer MI, Shay DK, Cheng PY, et al. Estimated global mortality associated with the first 12 months of 2009 pandemic influenza A H1N1 virus circulation: A modelling study. *The Lancet Infectious Diseases* [Internet]. 2012 Sep 1 [cited 2020 Jun

23];12(9):687–95. Available from:

<http://www.thelancet.com/article/S1473309912701214/fulltext>

15. Simonsen L, Spreeuwenberg P, Lustig R, Taylor RJ, Fleming DM, Kroneman M, et al. Global Mortality Estimates for the 2009 Influenza Pandemic from the GLaMOR Project: A Modeling Study. *PLoS Medicine* [Internet]. 2013 Nov [cited 2020 Jun 23];10(11). Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24302890/>
16. Huang R, Xia J, Chen Y, Shan C, Wu C. A family cluster of SARS-CoV-2 infection involving 11 patients in Nanjing, China [Internet]. Vol. 20, *The Lancet Infectious Diseases*. Lancet Publishing Group; 2020 [cited 2020 Nov 30]. p. 534–5. Available from: <https://www.who.int/china/news/>
17. Dirección General de Epidemiología. BOLETÍN INFORMATIVO 22/01/2020 Información Epidemiológica de casos probables de 2019-nCoV.
18. Guo YR, Cao QD, Hong ZS, Tan YY, Chen SD, Jin HJ, et al. The origin, transmission and clinical therapies on coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak- A n update on the status. *Mil Med Res* [Internet]. 2020 Mar 13 [cited 2020 Jun 19];7(1):1–10. Available from: <https://mmrjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40779-020-00240-0>
19. CDC Weekly C. The Epidemiological Characteristics of an Outbreak of 2019 Novel Coronavirus Diseases (COVID-19) — China, 2020. *China CDC Weekly* [Internet]. 2020 Feb 1 [cited 2020 Jun 22];2(8):113–22. Available from: <http://weekly.chinacdc.cn/en/article/doi/10.46234/ccdcw2020.032>
20. Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DKW, et al. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *Eurosurveillance*. 2020 Jan 23;25(3).
21. Khan S, Siddique R, Shereen MA, Ali A, Liu J, Bai Q, et al. Emergence of a novel coronavirus, severe acute respiratory syndrome coronavirus 2: Biology and therapeutic options [Internet]. Vol. 58, *Journal of Clinical Microbiology*. American Society for Microbiology; 2020 [cited 2020 Jun 19]. Available from: <https://jcm.asm.org/content/58/5/e00187-20>
22. Zhao N, Zhou ZL, Wu L, Zhang XD, Han SB, Bao HJ, et al. An update on the status of COVID-19: a comprehensive review. Vol. 24, *European review for medical and pharmacological sciences*. NLM (Medline); 2020. p. 4597–606.
23. Yu P, Zhu J, Zhang Z, Han Y. A Familial Cluster of Infection Associated With the 2019 Novel Coronavirus Indicating Possible Person-to-Person Transmission During the Incubation Period. *The Journal of Infectious Diseases* ®. 2020 Feb 18;18:1–5.
24. Zhou P, Yang X lou, Wang XG, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 2020 Mar 12;579(7798):270–3.
25. Yang C-L, Qiu X, Zeng Y-K, Jiang M, Fan H-R, Zhang Z-M. Coronavirus disease 2019: a clinical review. *European Review for Medical and Pharmacological Sciences*. 2020;(24):4585–96.
26. Andersen KG, Rambaut A, Lipkin WI, Holmes EC, Garry RF. The proximal origin of SARS-CoV-2 [Internet]. Vol. 26, *Nature Medicine*. Nature Research; 2020 [cited 2020 Jun 21]. p. 450–2. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41591-020-0820-9>
27. Woo PCY, Lau SKP, Lam CSF, Lau CCY, Tsang AKL, Lau JHN, et al. Discovery of Seven Novel Mammalian and Avian Coronaviruses in the Genus Deltacoronavirus Supports Bat Coronaviruses as the Gene Source of Alphacoronavirus and Betacoronavirus and Avian Coronaviruses as the Gene Source of Gammacoronavirus and Deltacoronavi. *Journal of Virology* [Internet]. 2012 Apr 1 [cited 2020 Jun 25];86(7):3995–4008. Available from: <https://jvi.asm.org/content/86/7/3995>
28. Lu R, Zhao X, Li J, Niu P, Yang B, Wu H, et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *The Lancet* [Internet]. 2020 Feb 22 [cited 2020 Jun 24];395(10224):565–74. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0140673620302518>
29. Yu F, Du L, Ojcius DM, Pan C, Jiang S. Measures for diagnosing and treating infections by a novel coronavirus responsible for a pneumonia outbreak originating in Wuhan, China. *Microbes and*

- Infection [Internet]. 2020 Mar 1 [cited 2020 Jun 29];22(2):74–9. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1286457920300253>
30. Wu A, Peng Y, Huang B, Ding X, Wang X, Niu P, et al. Genome Composition and Divergence of the Novel Coronavirus (2019-nCoV) Originating in China. *Cell Host and Microbe* [Internet]. 2020 Mar 11 [cited 2020 Jun 24];27(3):325–8. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S193131282030072X>
 31. Jin YH, Cai L, Cheng ZS, Cheng H, Deng T, Fan YP, et al. A rapid advice guideline for the diagnosis and treatment of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) infected pneumonia (standard version). *Mil Med Res* [Internet]. 2020 Feb 6 [cited 2020 Jun 30];7(1). Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32029004/>
 32. Guan W, Ni Z, Hu Y, Liang W, Ou C, He J, et al. Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China. *New England Journal of Medicine* [Internet]. 2020 [cited 2020 Jun 19];382(18):1708–20. Available from: <http://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa2002032>
 33. Wu Z, McGoogan JM. Characteristics of and Important Lessons from the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Outbreak in China: Summary of a Report of 72314 Cases from the Chinese Center for Disease Control and Prevention. Vol. 323, *JAMA - Journal of the American Medical Association*. American Medical Association; 2020. p. 1239–42.
 34. Martínez Soria MC, Torres Ramírez ED, Orozco Rivera J. Características, medidas de política pública y riesgos de la pandemia del Covid-19 [Internet]. 2020 Mar [cited 2020 Dec 4]. Available from: <http://bibliodigitalibd.senado.gob.mx/handle/123456789/4816>
 35. Consejo de Salubridad General, Secretaría de Salud, Gobierno. Consejo de Salubridad General declara emergencia sanitaria nacional a epidemia por coronavirus COVID-19 [Internet]. CDMX; 2020 Mar [cited 2020 Nov 30]. Available from: <https://www.gob.mx/salud/prensa/consejo-de-salubridad-general-declara-emergencia-sanitaria-nacional-a-epidemia-por-coronavirus-covid-19-239301?idiom=es>
 36. Xu B, Kraemer MUG, Gutierrez B, Mekar S, Sewalk K, Loskill A, et al. Open access epidemiological data from the COVID-19 outbreak [Internet]. Vol. 20, *The Lancet Infectious Diseases*. Lancet Publishing Group; 2020 [cited 2020 Nov 30]. p. 534. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32087115/>
 37. Dirección General de Epidemiología. Comunicado Técnico Diario 28/2/2020 [Internet]. 2020 Feb [cited 2020 Nov 30]. Available from: https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/571278/Comunicado_Tecnico_Diario_COVID-19_2020.02.28.pdf
 38. Dirección General de Epidemiología. Comunicado Técnico Diario 29/2/2020 [Internet]. 2020 Feb [cited 2020 Nov 30]. Available from: https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/571248/Comunicado_Tecnico_Diario_COVID-19_2020.02.29.pdf
 39. Secretaría de Salud. Datos Abiertos Dirección General de Epidemiología. Dirección General de Epidemiología. 2022.
 40. Secretaría de Salud. Coronavirus COVID19 Comunicados Técnicos Diarios Históricos 2020 [Internet]. Gobierno | gob.mx. 2020 [cited 2021 Feb 10]. Available from: <https://www.gob.mx/salud/acciones-y-programas/coronavirus-covid-19-comunicados-tecnicos-diarios-historicos-2020>
 41. Secretaría de Salud. Informes Epidemiológicos de la situación de COVID19 en México [Internet]. Gobierno | gob.mx. 2021 [cited 2021 Feb 10]. Available from: <https://www.gob.mx/salud/documentos/informes-epidemiologicos-de-la-situacion-de-covid-19-en-mexico>
 42. Medición de Movilidad usando Facebook, Google y Twitter [Internet]. [cited 2021 Jan 21]. Available from: <https://www.google.com/covid19/mobility/>

43. Broadbent SR, Hammersley JM. Percolation processes: I. Crystals and mazes. *Mathematical Proceedings of the Cambridge Philosophical Society*. 1957;53(3):629–41.
44. Efros Alexei L. Física y geometría del desorden [Internet]. Rodríguez R, Barros P, editors. Moscú: MIR Publishers; 1994 [cited 2020 Jul 6]. Available from: <http://www.librosmaravillosos.com/fisicaygeometriadeldesorden/index.html#respuestas>
45. Geoffrey R G. Chapter 1 What is Percolation? In: *Percolation*. 2nd ed. Berlin: Springer-Verlag ; 1999. p. 1–31.
46. Efros Alexei L. *Physics and Geometry of Disorder Percolation Theory*. 1st ed. Moscú: MIR Publishers; 1986. 259 p.
47. Cuestas EJ. Predictibilidad de la Propagación Espacial y Temporal de la Epidemia de Influenza H1N1 en Argentina. [Córdoba]; 2013.
48. Cuestas E, Serra P. Predictibilidad de la propagación espacial y temporal de la epidemia de influenza A H1N1 en la Argentina por el método de percolación. *Revista Argentina de Microbiología* [Internet]. 2011 Sep;43:186–90. Available from: <https://www.researchgate.net/publication/262587716>
49. Bacaër N. A short history of mathematical population dynamics. *A Short History of Mathematical Population Dynamics*. Londres: Springer ; 2011. 121–126 p.
50. Departamento de Electromagnetismo y Física de la Materia G. Percolación: un cambio de fase geométrico [Internet]. 2014 [cited 2020 Jun 10]. Available from: <https://ergodic.ugr.es/cphys/lecciones/percolacion/percolacion.html>
51. Saslaw WC. Percolation. In: *The Distribution of the Galaxies* [Internet]. Cambridge University Press; 1999 [cited 2020 Jun 9]. p. 69–79. Available from: https://www.cambridge.org/core/product/identifier/CBO9780511549526A016/type/book_part
52. Rahul V. Percolation Theory. In: *Random Wireless Networks* [Internet]. Cambridge: Cambridge University Press; 2018. p. 146–75. Available from: https://www.cambridge.org/core/product/identifier/CBO9781316182581A056/type/book_part
53. Taya M. Percolation model. In: *Electronic Composites*. Cambridge: Cambridge University Press; 2011. p. 173–207.
54. Grassberger P. On the Critical Behavior of the General Epidemic Process and Dynamical Percolation. *Mathematical Biosciences*. 1983;63:157–72.

Never give up