

## EVALUACIÓN CUANTITATIVA DE UN MODELO SEIR PARA PREDECIR CASOS DE COVID-19

GUSTAVO PEREYRA IRUJO<sup>1</sup>, LUCIANO VELÁZQUEZ<sup>2</sup>, ANDREA PERINETTI<sup>3</sup>

<sup>1</sup>CONICET – Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Balcarce, <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, <sup>3</sup>Escuela Superior de Medicina, Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Argentina

**Dirección postal:** Andrea Perinetti, Escuela Superior de Medicina, Universidad Nacional de Mar del Plata, Ayacucho 3537, 7600 Mar del Plata, Argentina

**E-mail:** perinettiandrea1@gmail.com

**Recibido:** 9-XI-2022

**Aceptado:** 15-III-2023

### Resumen

**Introducción:** Los modelos epidemiológicos han sido ampliamente utilizados durante la pandemia de COVID-19, aunque la evaluación de su desempeño ha sido limitada. El objetivo del presente trabajo fue evaluar de forma retrospectiva un modelo SEIR para la predicción de casos a corto plazo (1 a 3 semanas), cuantificando su desempeño real y potencial, mediante la optimización de los parámetros del modelo.

**Métodos:** Se realizaron proyecciones para cada día de la primera ola de casos (31 de julio de 2020 al 11 de marzo de 2021) en el municipio de General Pueyrredón (Argentina), cuantificando el desempeño del modelo en términos de incertidumbre, inexactitud e imprecisión. La evaluación se realizó con los parámetros originales del modelo (utilizados en proyecciones que fueron oportunamente publicadas), y luego variando distintos parámetros a fin de identificar valores óptimos.

**Resultados:** El análisis del desempeño del modelo mostró que valores alternativos de algunos parámetros, y la corrección de los valores de entrada utilizando un filtro de “media móvil” para eliminar las variaciones semanales en los reportes de casos, habrían otorgado mejores resultados. El modelo con los parámetros optimizados logró disminuir desde casi 40% a menos de 15% la incertidumbre, con valores similares de inexactitud, y con una imprecisión levemente mayor.

**Discusión:** Modelos epidemiológicos sencillos, sin grandes requerimientos para su implementación, pueden ser de utilidad para la toma de decisiones rápidas en localidades pequeñas o con recursos limitados, siempre y cuando se tenga en cuenta la importancia de su evaluación y la consideración de sus alcances y limitaciones.

**Palabras clave:** COVID-19, SARS-CoV-2, modelos epidemiológicos, predicción, incertidumbre, SEIR

### Abstract

*Quantitative evaluation of a SEIR model for forecasting COVID-19 cases*

**Introduction:** Epidemiological models have been widely used during the COVID-19 pandemic, although performance evaluation has been limited. The objective of this work was to thoroughly evaluate a SEIR model used for the short-term (1 to 3 weeks) prediction of cases, quantifying its actual past performance, and its potential performance by optimizing the model parameters.

**Methods:** Daily case forecasts were obtained for the first wave of cases (July 31, 2020 to March 11, 2021) in the district of General Pueyrredón (Argentina), quantifying

the model performance in terms of uncertainty, inaccuracy and imprecision. The evaluation was carried out with the original parameters of the model (used in the forecasts that were published), and also varying different parameters in order to identify optimal values.

**Results:** The analysis of the model performance showed that alternative values of some parameters, and the correction of the input values using a “moving average” filter to eliminate the weekly variations in the case reports, would have yielded better results. The model with the optimized parameters was able to reduce the uncertainty from almost 40% to less than 15%, with similar values of inaccuracy, and with slightly greater imprecision.

**Discussion:** Simple epidemiological models, without large requirements for their implementation, can be very useful for making quick decisions in small cities or cities with limited resources, as long as the importance of their evaluation is taken into account and their scope and limitations are considered.

**Key words:** COVID-19, SARS-CoV-2, epidemiological models, forecasting, uncertainty, SEIR

## PUNTOS CLAVE

### Conocimiento actual

- Muchos modelos se han desarrollado para describir y predecir la evolución de los casos de COVID-19, a fin de gestionar recursos y medidas de prevención y mitigación. Sin embargo, la evaluación exhaustiva del desempeño de estos modelos y la consideración de sus alcances y limitaciones no ha sido tan frecuente.

### Contribución del artículo al conocimiento actual

- Este artículo presenta una evaluación retrospectiva de un modelo que fuera aplicado en un municipio de Argentina durante 2020-2021, demostrando la utilidad de modelos epidemiológicos sencillos. La metodología y criterios de evaluación presentados son de potencial aplicabilidad también a otros modelos y a otras enfermedades de interés en salud pública.

Los modelos matemáticos han sido utilizados para describir y predecir la evolución de enfermedades humanas desde el siglo XVIII, siendo los más utilizados los modelos de compartimientos, tales como los de tipo SIR (Susceptibles-Infectados-Recuperados) o SEIR (Susceptibles-Expuestos-Infeciosos-Recuperados)<sup>1</sup>. Durante la pandemia desatada por la aparición del virus SARS-CoV-2 a fines de 2019, muchos gobiernos han hecho uso de modelos epidemiológicos para evaluar la dinámica y el comportamiento de la epidemia y proyectar el número de casos bajo distintos escenarios, a fin de gestionar los recursos disponibles y decidir sobre la implementación de medidas de prevención y mitigación<sup>2,3</sup>. Existe, sin embargo, preocupación acerca de la validez de estos modelos y de su capacidad de inducir a errores, lo cual pone de manifiesto la importancia de la evaluación de su desempeño y sus limitaciones<sup>3-5</sup>. Si bien es recomendable realizar una evaluación continua de los modelos durante su utilización<sup>6</sup>, una evaluación retrospectiva puede dar indicios acerca del desempeño futuro de los modelos<sup>7</sup>, y dar información que permita mejorarlos<sup>8,9</sup>, incluso cuando el análisis se realice una vez finalizado un brote o epidemia<sup>10</sup>.

En Argentina, el gobierno ha utilizado también proyecciones de casos de COVID-19 para el total del país a fin de evaluar la aplicación de diversas medidas de mitigación<sup>11</sup>, aunque no se han publicado detalles acerca de los modelos utilizados. Los modelos epidemiológicos estuvieron inicialmente enfocados en analizar los casos a nivel nacional o para la ciudad de Buenos Aires y su área metropolitana<sup>12-18</sup>, que nuclea a más del 30% de la población del país<sup>19</sup>, los cuales, sin embargo, podrían no ser aplicables a una ciudad o municipio de menor tamaño. Contar con herramientas adaptadas a las particularidades sociales, económicas y geográficas de cada localidad permite predecir con mayor precisión la probabilidad de ocurrencia de distintos escenarios, y así poder planificar mejor la asignación de recursos y anticipar el impacto epidemiológico de las distintas medidas de mitigación que se implementen a nivel local.

En este artículo se presenta una evaluación retrospectiva de la aplicación de un modelo epidemiológico SEIR para la predicción de casos

de COVID-19 en el municipio de General Pueyrredón (Provincia de Buenos Aires, Argentina), durante la primera ola de casos que tuvo lugar entre julio de 2020 y marzo de 2021. Este municipio tiene una población de 682 605 habitantes<sup>20</sup> y, al estar ubicado sobre la costa atlántica, recibe una importante afluencia de turistas durante los meses de verano. El modelo mencionado se utilizó para realizar proyecciones cuantitativas que fueron difundidas a autoridades municipales y sanitarias a través de informes de la Escuela Superior de Medicina de la Universidad Nacional de Mar del Plata y publicadas en diferentes medios de comunicación masiva<sup>21, 22</sup>. Para estas proyecciones se fijaron distintos parámetros en base a trabajos científicos publicados, en base al ajuste del modelo a los datos previos disponibles, y en base a opiniones expertas acerca de la situación epidemiológica. En el presente trabajo se buscó evaluar de forma exhaustiva el desempeño del modelo para la predicción a corto plazo (1 a 3 semanas) de los casos reportados de COVID-19, con los parámetros que fueron utilizados para las proyecciones publicadas. Asimismo, se evaluaron distintos valores de estos parámetros, a fin de identificar los valores óptimos y cuantificar el desempeño potencial del modelo.

## Materiales y métodos

### Descripción del modelo utilizado

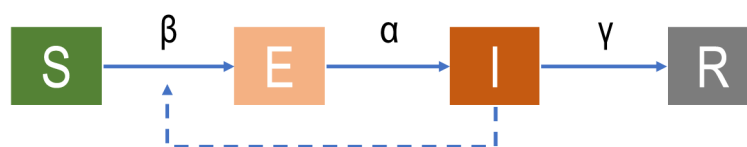
El modelo utilizado es un modelo epidemiológico discreto, de paso diario, y de 4 compartimientos (Fig. 1): susceptibles (S): individuos que aún no han contraído el virus y son vulnerables a ser infectados; expuestos (E): individuos que han contraído el virus y se encuentran en la fase de incubación, por lo que aún no son infecciosos; infecciosos (I): individuos que han contraído el virus y ya

se encuentran en la fase infecciosa; y removidos (R): individuos que ya no contagian ni pueden contraer nuevamente el virus, tanto por haber superado la enfermedad o por haber fallecido. No se consideraron aquellos individuos inmunizados mediante la aplicación de vacunas dado que al final del período estudiado sólo un 1% de la población se encontraba vacunada<sup>23</sup>.

El modelo inicia con un número de individuos para cada una de estos compartimientos, y diariamente se calculan los pasajes entre cada uno de ellos. Cada día, una fracción de los individuos susceptibles (S), proporcional a la cantidad de individuos infecciosos (I) y al valor del parámetro  $\beta$ , son expuestos al virus. Los individuos expuestos (E) se vuelven infecciosos a una tasa determinada por el parámetro  $\alpha$ . Los individuos infecciosos finalmente superan la enfermedad o fallecen a una tasa definida mediante el parámetro  $\gamma$ , pasando a ocupar el compartimiento de removidos (R). La tasa de transmisión ( $\beta$ ) se deriva del valor del número reproductivo básico ( $R_0$ ) y la duración media del período infeccioso. Las tasas  $\alpha$  y  $\gamma$  pueden ser expresadas también como la inversa de la duración media en días del período de latencia y del período infeccioso.

Los valores utilizados para los períodos de latencia e infeccioso fueron de 3 y 7 días, respectivamente, los cuales se basaron en estimaciones tempranas publicadas en los primeros meses de la pandemia. El valor de 3 días para el período de latencia ( $1/\alpha$ , días desde la exposición hasta el inicio de la infectividad) se estimó considerando valores reportados para la duración del período de incubación (días desde la exposición hasta el inicio de los síntomas) de alrededor de 5 días<sup>24, 25</sup>, y teniendo en cuenta que la infectividad comienza aproximadamente 2 días antes del inicio de síntomas<sup>26</sup>. Para el valor del período infeccioso ( $1/\gamma$ ) se tomó un valor intermedio entre el valor que se podía calcular en base a estimaciones tempranas del intervalo serial<sup>24</sup> (del cual surgía un valor de 4.5 días), o

**Figura 1** | Representación gráfica del modelo SEIR utilizado



*Nota:* Los recuadros representan los distintos compartimientos del modelo (S: susceptibles, E: expuestos, I: Infecciosos, R: Recuperados), las flechas continuas representan los pasajes de individuos entre los mismos, que son afectados por los parámetros del modelo ( $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ ) y la cantidad de individuos infecciosos (línea punteada).

*Fuente:* elaboración propia

de la duración entre el inicio y la resolución de los síntomas<sup>27</sup> (del cual surgía un valor de 9.9 días). El valor del número reproductivo básico utilizado fue variable, y fue el parámetro que se utilizó para ajustar el modelo a los datos observados, dado que éste representa no solo las características de transmisión propias de la enfermedad sino también el comportamiento de los individuos y la frecuencia de contactos que puede generar la exposición.

La necesidad de responder con rapidez a la demanda local motivó que las primeras proyecciones se realizaran utilizando un modelo SEIR desarrollado previamente<sup>28</sup>, disponible online. Posteriormente, se desarrolló en base a ese modelo una versión simplificada del mismo en lenguaje Python, de forma tal de poder facilitar su modificación y adaptación. El modelo desarrollado es de código abierto, y se encuentra disponible en <https://github.com/gpereyrairujo/SEIR-COVID19>. Como fuente de datos de entrada del modelo se utilizó la base de datos abiertos del Sistema Integrado de Información Sanitaria Argentino (SISA)<sup>29</sup>.

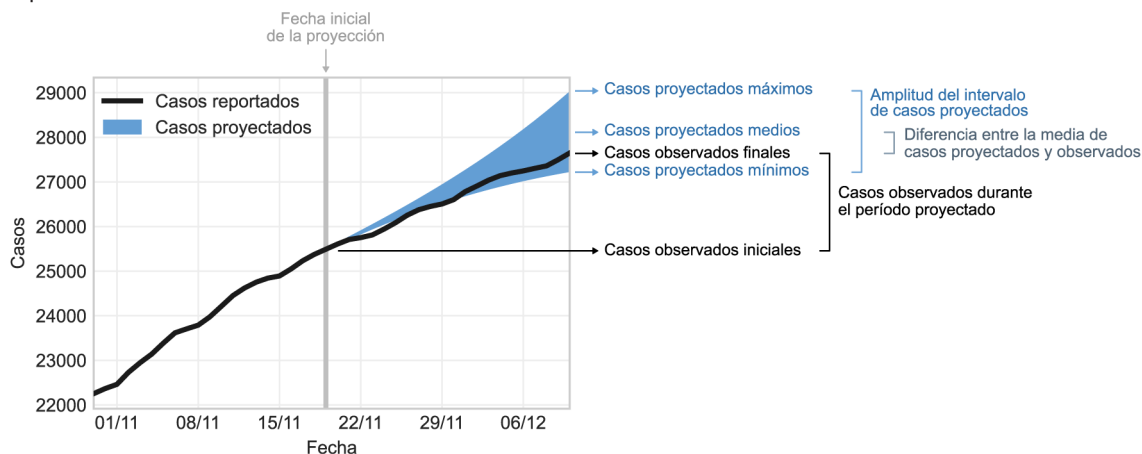
### Proyecciones

Para realizar las proyecciones se utilizaron los valores de los parámetros indicados previamente, realizando un ajuste iterativo del modelo a los datos de casos observados variando el valor del parámetro  $R_0$ . A fin de tener en cuenta las distintas tendencias en el valor de este parámetro en las semanas previas, se realizaron 3 ajustes del modelo para cada proyección, teniendo en cuenta los casos de las últimas 1, 2 o 3 semanas. Esta estrategia permitió contar con 3 proyecciones que representaron distintas

posibles tendencias (e.g., que continúe de forma relativamente estable la tendencia observada en las últimas semanas, o que la tendencia refleje lo observado en los últimos días). Aún así, dado que existía la posibilidad de que el valor de  $R_0$  futuro no estuviera dentro del rango observado en las semanas previas, se realizaron dos proyecciones adicionales: una representando el escenario más “optimista”, en el cual el valor de  $R_0$  de la proyección con menor número esperado de casos disminuía diariamente un cierto porcentaje; y otra representando el escenario más “pesimista”, en el cual la proyección con mayor número esperado de casos aumentaba diariamente su  $R_0$ . De esta forma, cada proyección no otorgaba un número exacto de casos previstos, sino un intervalo entre un mínimo y un máximo, el cual se iba ampliando con los días desde el inicio de la proyección. En la Figura 2 se presenta un ejemplo de una proyección realizada con el modelo, donde se muestra el intervalo de casos proyectados en comparación con los casos reales observados.

Durante la primera ola de casos en el municipio de General Pueyrredón se publicaron 8 proyecciones realizadas utilizando esta metodología, en momentos que surgían de las demandas de los distintos actores locales. Estas proyecciones se realizaron con una previsión de alrededor de 15 días, debido al error creciente en las estimaciones a medida que se aumentaba el plazo de proyección. El valor porcentual que se utilizó para aumentar o disminuir diariamente el  $R_0$  para los dos escenarios extremos fue de entre 1 y 2% en las distintas proyecciones realizadas, dado que se intentaba ir ajustando el valor de este parámetro en base al grado de coincidencia con los datos

**Figura 2** | Ejemplo de las proyecciones realizadas y cuantificación de variables para la construcción de los indicadores de desempeño del modelo



Fuente: elaboración propia a partir de casos reportados por el Sistema Integrado de Información Sanitaria Argentino (SISA) y resultados del presente trabajo

observados que se había logrado en las proyecciones previas. Las proyecciones que fueron publicadas o utilizadas por actores del sistema de salud se realizaron en diferentes días de la semana.

### Evaluación del modelo

A fin de evaluar el desempeño del modelo se realizó un análisis retrospectivo, realizando proyecciones para cada uno de los días correspondientes a la primera ola de casos, comenzando el 31 de julio de 2020 y terminando el 11 de marzo de 2021, y comparando los casos proyectados con los efectivamente reportados. Los indicadores utilizados para evaluar el modelo fueron: incertidumbre, definida como el porcentaje de proyecciones en las cuales el valor de casos observados al final de la proyección se encontró fuera del intervalo proyectado; inexactitud, definida como el promedio de las diferencias entre los casos observados al final de la proyección y el valor medio del intervalo de casos proyectados (expresada como porcentaje de los casos nuevos reportados durante el período proyectado); e imprecisión, definida como el promedio de las diferencias entre el valor máximo/mínimo y el valor medio de los intervalos proyectados ( $\frac{1}{2}$  de la amplitud, expresada como porcentaje de los casos nuevos estimados durante el período proyectado).

La utilidad del modelo será mayor cuanto más alta sea la proporción de los datos reportados que se encuentren dentro de los intervalos predichos (menor incertidumbre), cuanto más cercano esté el valor real reportado al centro del intervalo (menor inexactitud), y cuando la amplitud de los intervalos sea lo menor posible (menor imprecisión).

Esta evaluación se realizó en primer lugar con los parámetros del modelo utilizados en las proyecciones que fueron oportunamente publicadas. Luego, se realizó el mismo análisis, pero variando el valor de distintos parámetros. Los parámetros estudiados fueron: el día de la semana en que se inicia la proyección (realizando proyecciones en distintos días de la semana, tanto con los datos originales o aplicando a los datos de entrada una "media móvil" de 7 días, tomando para cada día el promedio de casos de la última semana para mitigar un posible efecto de las fluctuaciones en el reporte de casos<sup>30</sup>); la duración del período de latencia ( $1/\alpha$ , el cual se ha reportado que podría variar entre 2 y 6 días<sup>31</sup>); la duración del período infectivo ( $1/\gamma$ , el cual se ha reportado que podría variar entre 3 y 18 días<sup>31</sup>); el porcentaje de aumento o disminución diarios del  $R_0$  durante el período proyectado (entre 0 y 5% diario); y la duración de la proyección (de 7, 14 o 21 días).

En cada uno de los casos, se utilizaron los indicadores de incertidumbre, inexactitud e imprecisión a fin de

identificar si los valores utilizados originalmente fueron los óptimos, o si otros valores hubieran otorgado mejores resultados. Cuando los valores de estos indicadores variaron en sentidos opuestos, se consideró de más utilidad una menor incertidumbre, luego una menor inexactitud, y por último una menor imprecisión.

## Resultados

### Situación epidemiológica

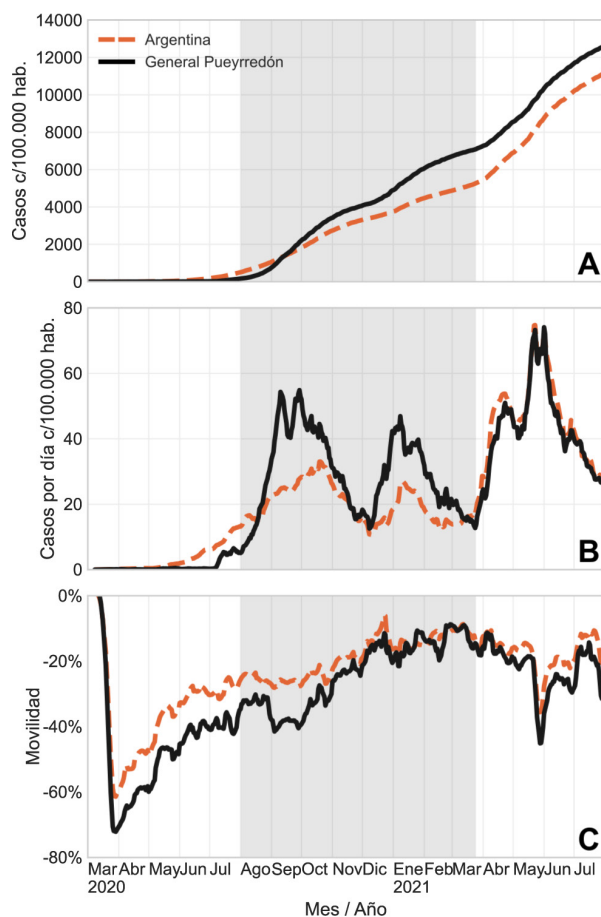
La situación epidemiológica inicial en el municipio de General Pueyrredón fue de muy pocos casos activos hasta mediados del 2020, sin transmisión comunitaria, seguido de un gran crecimiento de los casos activos, el cual se estabilizó a través de medidas de distanciamiento social y restricción de actividades. En la Figura 3 se muestra cómo la curva de casos (acumulados o diarios) del municipio analizado siguió una tendencia similar a la del promedio del país, aunque con algunas diferencias en los valores máximos de casos observados durante la primera ola. Asimismo, los datos de reducción porcentual de la movilidad de la población (estimados a través de datos de dispositivos móviles) muestran la intensidad de las medidas de restricción impuestas al inicio de la pandemia, y la posterior tendencia a su flexibilización, con algunas diferencias entre lo observado en el municipio y los datos promedio del país.

### Evaluación del modelo

El análisis del desempeño del modelo mostró que, para ciertos parámetros, los valores utilizados no fueron los óptimos, y que valores alternativos podrían haber otorgado mejores resultados. La Figura 4 muestra un ejemplo de cuáles fueron los valores de los indicadores de desempeño del modelo (incertidumbre, inexactitud e imprecisión) obtenidos con los parámetros originales, y cómo variaron éstos cuando los parámetros fueron modificados. Cuando las proyecciones se iniciaron en distintos días de la semana, se observó una gran dispersión en los valores de incertidumbre, inexactitud e imprecisión, la cual pudo ser revertida aplicando un filtro de media móvil a los datos de entrada (Fig. 4 A-C). La modificación de la duración del período de latencia ( $1/\alpha$ ) entre 2 y 6 días no afectó en gran medida el desempeño del modelo. La modificación del período infectivo ( $1/\gamma$ ) mostró que, a valores mayores de este parámetro, se veían le-



**Figura 3** | Casos acumulados (A) y casos diarios (B) cada 100 000 habitantes, y disminución porcentual en la movilidad respecto de los valores de febrero 2020 (C), para Argentina y el partido de General Pueyrredón

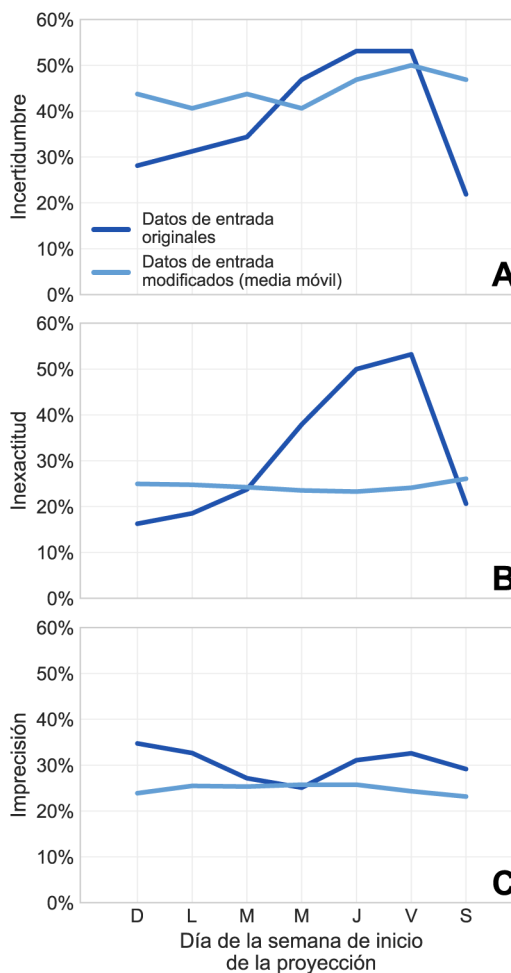


Nota: el área sombreada representa el periodo analizado en el presente trabajo.

Fuente: elaboración propia a partir de casos reportados por el Sistema Integrado de Información Sanitaria Argentino (SISA) y datos de movilidad provistos por la Oficina de Coordinación de Asuntos Humanitarios de las Naciones Unidas (OCHA)

vemente disminuidas la inexactitud y la imprecisión, pero a expensas de una incertidumbre levemente mayor. El parámetro que determina la variación diaria del  $R_0$  fue el que más impacto tuvo en los resultados del modelo: aumentar el valor de este parámetro redujo notablemente la incertidumbre en los resultados (indicador considerado como prioritario), obteniéndose los mejores resultados con el mayor valor evaluado (5%), aunque a expensas de un aumento en la imprecisión (debido a que se obtienen intervalos más amplios), y un leve aumento en la

**Figura 4** | Efecto de la modificación de los datos de entrada y los parámetros sobre el desempeño del modelo (incertidumbre, inexactitud e imprecisión)



Fuente: elaboración propia a partir de resultados del presente trabajo

inexactitud. La duración de la proyección mostró efectos con una tendencia similar, aunque en este caso proyecciones a más largo plazo mostraron especialmente un aumento notable en la inexactitud.

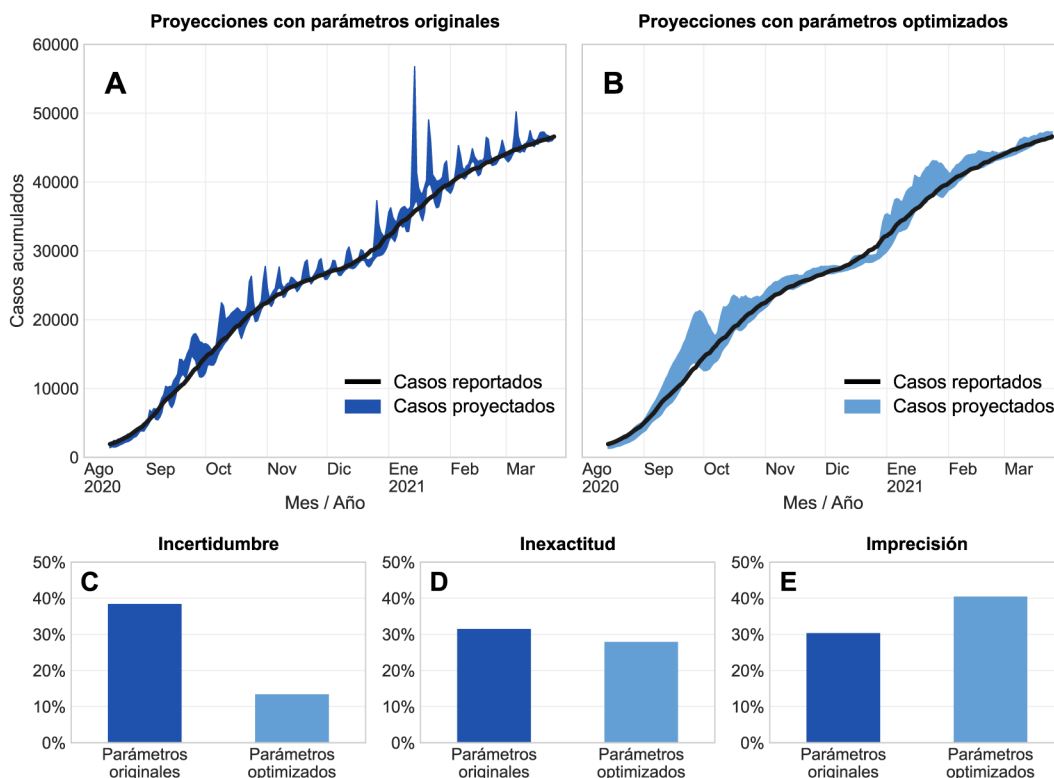
En base a este análisis y a los criterios establecidos, se determinó que el mejor desempeño del modelo se obtendría con el siguiente conjunto de “parámetros optimizados”: valores de entrada con filtro de media móvil, período de latencia de 3 días, período de infectividad de 7 días, variación diaria del  $R_0$  durante el período

proyectado de 5%, y 14 días de duración de la proyección.

La Figura 5 A muestra, para el modelo con los parámetros originales, el intervalo de valores estimados al final del período proyectado para cada uno de los días del período analizado. En el gráfico pueden apreciarse claramente las fluctuaciones semanales, que resultan en una alta proporción de proyecciones en las que el valor real observado se encuentra fuera del intervalo predicho (alta incertidumbre). La Figura 5 B muestra los intervalos proyectados mediante el modelo con los parámetros optimizados, en la que se aprecia que las fluctuaciones semanales se ven notablemente reducidas, y la

proporción de las proyecciones que incluyen el valor de casos reales observados es mayor. Los mayores desvíos se observan en dos períodos: a fines de septiembre y a fines de diciembre de 2020. En promedio, el modelo con los parámetros optimizados logró disminuir desde casi 40% a menos de 15% la incertidumbre (Fig. 5 C), con valores similares de inexactitud (Figura 5 D), y con una imprecisión levemente mayor (Fig. 5 E). En términos prácticos implica que el modelo brindará intervalos de casos levemente más amplios (predicciones menos precisas), pero con mucha mayor seguridad de que el número real de casos se encontrará dentro de ese rango.

**Figura 5** | Comparación entre los valores proyectados por el modelo y los casos reales reportados, cuando las estimaciones fueron realizadas con los parámetros originales (A) o con los parámetros optimizados (B). Desempeño promedio del modelo como resultado de la optimización de los parámetros, en términos de incertidumbre (C), inexactitud (D) e imprecisión (E)



Fuente: elaboración propia a partir de casos reportados por el Sistema Integrado de Información Sanitaria Argentino (SISA) y resultados del presente trabajo

## Discusión

El presente trabajo fue realizado en el contexto de un proyecto local cuyo objetivo fue aportar información para planificar acciones, asignar recursos y monitorear el impacto de las distintas medidas aplicadas por las autoridades sanitarias, en función de posibles escenarios epidemiológicos. La estrategia adoptada en este trabajo fue utilizar un modelo parsimonioso, que permitiera ser adaptado rápidamente a particularidades locales cambiantes. Independientemente de su grado de complejidad, todos los modelos son una representación simplificada de la realidad, por lo que usualmente se dice que “todos los modelos son incorrectos, pero algunos modelos son útiles”<sup>32</sup>. El objetivo de esta aproximación fue que las proyecciones realizadas con el modelo tuvieran una utilidad práctica para los tomadores de decisiones: tanto las autoridades políticas o sanitarias, como también los ciudadanos que, basados en la información disponible, tomaron decisiones a diario sobre las actividades que realizaban y las medidas de prevención que aplicaban. El modelo aquí descrito permitió alcanzar este objetivo, permitiendo generar de forma ágil proyecciones de casos a demanda de las autoridades sanitarias locales, a pesar del contexto cambiante, difundiendo a través de informes periódicos y de forma masiva a través de medios de comunicación.

Las proyecciones de los modelos sirven también retrospectivamente para evaluar si hubo desviaciones de las tendencias esperadas y, en caso de producirse, plantear hipótesis sobre las causas. Los resultados del presente trabajo mostraron que, incluso utilizando valores optimizados de los parámetros, el modelo no fue capaz de predecir adecuadamente los casos en dos momentos puntuales del período analizado (a fines de septiembre y a fines de diciembre de 2020). En ambos casos, la discrepancia ocurrió con posterioridad a un cambio drástico en la tendencia de casos: a principios de septiembre de 2020 se tuvo el crecimiento exponencial de casos que se había observado desde el mes de julio, mientras que a principios de diciembre ocurrió lo contrario, observándose un rápido crecimiento de casos luego de varios meses de descenso de los casos diarios (Fig. 3 B). Estos cambios de tendencia ocurrieron aproximadamente 10 días después

de implementados cambios en las medidas de restricción a la circulación de personas en el municipio analizado: el 29 de agosto se decretó un cambio de “fase de aislamiento” que implicó una mayor restricción a la circulación, mientras que al inicio de diciembre se autorizó la actividad turística, lo que se puede ver reflejado en los datos de movilidad de la población (Fig. 3 C). La discrepancia entre los valores predichos por el modelo (que no tiene en cuenta los valores de movilidad de la población) permite estimar qué hubiera sucedido en caso de no haber aplicado estas medidas. Esto sirvió, especialmente en el primero de los casos, como argumento para defender ante las autoridades locales y la población en general la efectividad de las medidas de cuidado implementadas (las cuales enfrentaron grandes resistencias debido a su impacto económico negativo). Estos resultados demuestran también la importancia de tener en cuenta las limitaciones de modelos sencillos cuando son aplicadas fuertes intervenciones<sup>33</sup>.

Si bien es posible construir modelos que tengan en cuenta la multiplicidad de factores que pueden impactar en la evolución de una epidemia, cada uno de estos factores que se incorporan al modelo requiere la estimación y el ajuste de los parámetros que determinan su efecto. Esto por un lado requiere la disponibilidad de mayor cantidad de datos, los cuales no siempre están disponibles, y por otro lado multiplica las posibles fuentes de errores. Otro aspecto a tener en cuenta es que modelos complejos son más difíciles de interpretar, y que pueden crear una “ilusión de realismo” que hace difícil identificar posibles omisiones<sup>34</sup>. En el marco del mismo proyecto se desarrolló de forma paralela otro modelo que incorporó la estructura de grupos etarios de la ciudad, matrices de contactos, compartimientos según gravedad de la enfermedad, y datos de los recursos sanitarios locales<sup>35</sup>. Mediante este modelo se realizaron simulaciones de distintas estrategias de mitigación (cuarentenas alternadas de distinta duración), pero la complejidad del modelo no permitió utilizarlo en tiempo real para la publicación de proyecciones periódicas, lo cual sí pudo ser logrado mediante el modelo presentado en el presente trabajo.



Si bien la evaluación del presente modelo ha sido retrospectiva, los resultados obtenidos sugieren que una evaluación “en tiempo real” hubiera permitido ir mejorando los resultados obtenidos durante el transcurso de la ola de casos analizada. Una evaluación de los modelos publicados al inicio de la pandemia (hasta noviembre de 2020) mostró una incertidumbre promedio de un 25%<sup>36</sup>, mientras que el presente modelo con parámetros optimizados pudo lograr mejores resultados. Si bien se encuentra fuera de los objetivos del presente trabajo, una metodología similar a la aplicada podría utilizarse para evaluar si el presente modelo sería adecuado para ser aplicado a olas de casos ocurridas con posterioridad. En este caso, sería necesario evaluar la incorporación de otros factores que no fue necesario tener en cuenta en el período estudiado en el presente trabajo, a saber: el efecto de la inmunización de la población mediante vacunas, la disminución de la inmunidad en los pacientes recuperados, y la aparición de variantes del virus con mayor transmisibilidad o que evadan la respuesta inmune de pacientes recuperados o inmunizados<sup>37</sup>.

Los resultados del presente trabajo proporcionan evidencia de que modelos epidemiológicos sencillos que no requieren grandes cantidades

de datos o infraestructura de cálculo para su implementación pueden ser de utilidad para la toma de decisiones, especialmente en localidades pequeñas con recursos limitados, y cuando se requiere de proyecciones de manera urgente para la toma de decisiones<sup>38</sup>. Los resultados también ponen de manifiesto la importancia de la evaluación exhaustiva de los modelos epidemiológicos y la consideración de sus alcances y limitaciones, especialmente para la aplicación de los mismos en el contexto de una pandemia como la del COVID-19<sup>3-6</sup>, siendo la metodología y criterios de evaluación presentados en este trabajo de potencial aplicabilidad también a otros modelos y a otras enfermedades de interés en salud pública.

---

**Agradecimientos:** El presente trabajo se realizó en el marco del Comité de Contingencias Sanitarias COVID-19 de la Escuela Superior de Medicina de la Universidad Nacional de Mar del Plata, y contó con financiamiento del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de la República Argentina a través del “Programa de Articulación y Fortalecimiento Federal de las Capacidades en Ciencia y Tecnología COVID-19”, y de la Fundación Bunge y Born a través de la convocatoria “COVID-19 y vulnerabilidad social: proyectos de investigación e intervención comunitaria”.

---

**Conflicto de intereses:** Ninguno para declarar

## Bibliografía

1. Hasdeu S, Lamfre L, Caro P, Horne F. Revisión narrativa: modelos predictivos sobre la evolución de la pandemia por COVID-19. *Rev Argent Salud Pública* 2020; 12 Supl COVID-19: e3
2. Enserink M, Kupferschmidt K. With COVID-19, modeling takes on life and death importance. *Science* 2020; 367: 1415-1415.
3. Eker S. Validity and usefulness of COVID-19 models. *Humanit Soc Sci Commun* 2020; 7: 1-5.
4. James LP, Salomon JA, Buckee CO, Menzies NA. The Use and Misuse of Mathematical Modeling for Infectious Disease Policymaking: Lessons for the COVID-19 Pandemic. *Med Decis Making* 2021; 41: 379-85.
5. Chin V, Samia NI, Marchant R, Rosen O, Ioannidis JPA, Tanner MA, et al. A case study in model failure? COVID-19 daily deaths and ICU bed utilisation predictions in New York state. *Eur J Epidemiol* 2020; 35: 733-42.
6. Ioannidis JPA, Cripps S, Tanner MA. Forecasting for COVID-19 has failed. *Int J Forecast* 2022; 38: 423-38.
7. Friedman J, Liu P, Troeger CE, Carter A, Reiner Jr RC, Barber RM, et al. Predictive performance of international COVID-19 mortality forecasting models. *Nature communications* 2020; 12: 2609.
8. Bracher J, Ray EL, Gneiting T, Reich NG. Evaluating epidemic forecasts in an interval format. *PLoS computational biology*, 2021; 17: e1008618.
9. Bosse NI, Abbott S, Cori A, van Leeuwen E, Bracher J, Funk S. Transformation of forecasts for evaluating predictive performance in an epidemiological context. *medRxiv* 2023; 2023.01.23.23284722.
10. Funk S, Camacho A, Kucharski AJ, Lowe R, Eggo RM, Edmunds WJ. Assessing the performance of real-

- time epidemic forecasts: A case study of Ebola in the Western Area region of Sierra Leone, 2014-15. *PLoS Computational Biology* 2019; 15: e1006785.
11. Ministerio de Salud. República Argentina. Sala de Situación. COVID-2019. Novel Coronavirus 2019. Novedades al 19/03 - SE 12. 2020. En: <https://doi.org/10.5281/zenodo.7629033>; consultado febrero 2023.
  12. Borracci RA, Giglio ND. Forecasting the effect of social distancing on COVID-19 autumn-winter outbreak in the metropolitan area of Buenos Aires. *Medicina (B Aires)* 2020; 80 Suppl 3: 7-15.
  13. Marconi A, Zamora R, Márquez M. Propuesta de un modelo SYIR modificado para predecir la cinemática de la epidemia por COVID-19. *Salud Ciencia* 2020; 24: 24-31.
  14. Santos JE, Carcione JM, Savioli GB, Gauzellino PM, Ravecca A, Moras A. A numerical simulation of the COVID-19 epidemic in Argentina using the SEIR model. *arXiv preprint* 2020. doi: 10.48550/arXiv.2005.06297
  15. Jiménez Romero C, Tisnés A, Linares S. Modelo de simulación del COVID-19 basado en agentes. Aplicación al caso argentino. *Posición* 2020; 3. En: <http://ri.unlu.edu.ar/xmlui/handle/rediunlu/687>; consultado octubre 2022.
  16. Tagliazucchi E, Balenzuela P, Travizano M, Mindlin GB, Mininni PD. Lessons from being challenged by COVID-19. *Chaos Solitons Fractals* 2020; 137: 109923.
  17. Bizet NGC, Peña DKM. Time-dependent and time-independent SIR models applied to the COVID-19 outbreak in Argentina, Brazil, Colombia, Mexico and South Africa. *arXiv preprint* 2020. doi: 10.48550/arXiv.2006.12479.
  18. Ahumada H, Espina S, Navajas FH. COVID-19 with Uncertain Phases: Estimation Issues with An Illustration for Argentina. *SSRN preprint* 2020. doi: 10.2139/ssrn.3633500.
  19. INDEC Argentina. Censo Nacional de Población, Hogares y Viviendas 2010. 2010. En: <https://www.indec.gob.ar/indec/web/Nivel4-CensoNacional-3-6-Censo-2010>; consultado octubre 2022.
  20. INDEC. Censo 2022. Resultados provisionales Provincia de Buenos Aires. En: <https://www.indec.gob.ar/indec/web/Nivel3-Tema-2-41>; consultado febrero 2023.
  21. Diario La Capital. Proyectan hasta 1000 casos de coronavirus en las próximas dos semanas en Mar del Plata. En: <https://www.lacapitalmdp.com/proyectan-hasta-1000-casos-de-coronavirus-en-las-proximas-dos-semanas-en-mar-del-plata/>; consultado julio 2020.
  22. Diario Página 12. Primeras dudas en la temporada de Mar del Plata. En: <https://www.pagina12.com.ar/313769-primeras-dudas-en-la-temporada-de-mar-del-plata>; consultado diciembre 2020.
  23. Ritchie H, Mathieu E, Rodés-Guirao L, Appel C, Giattino C, Ortiz-Ospina E, et al. Coronavirus pandemic (COVID-19). 2020. En: <https://ourworldindata.org/coronavirus>; consultado octubre 2022.
  24. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia. *N Engl J Med* 2020; 382: 1199-207.
  25. Lauer SA, Grantz KH, Bi Q, Jones FK, Zheng Q, Meredith HR, et al. The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application. *Ann Intern Med* 2020; 172: 577-82.
  26. He X, Lau EHY, Wu P, Deng X, Wang J, Hao X, et al. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. *Nat Med* 2020; 26: 672-5.
  27. Yoshimura Y, Sasaki H, Horiuchi H, Miyata N, Tachikawa N. Clinical characteristics of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak on a cruise ship. *J Infect Chemother* 2020; 26: 1177-80.
  28. Noll NB, Aksamentov I, Druelle V, Badenhorst A, Ronzani B, Jefferies G, et al. COVID-19 Scenarios: an interactive tool to explore the spread and associated morbidity and mortality of SARS-CoV-2. *medRxiv preprint* 2020. doi: 10.1101/2020.05.05.20091363.
  29. Ministerio de Salud. República Argentina. COVID-19. Casos registrados en la República Argentina. 2021. En: <http://datos.salud.gob.ar/dataset/covid-19-casos-registrados-en-la-republica-argentina>; consultado octubre 2021.
  30. Buckingham-Jeffery E, Morbey R, House T, Elliot AJ, Harcourt S, Smith GE. Correcting for day of the week and public holiday effects: improving a national daily syndromic surveillance service for detecting public health threats. *BMC Public Health* 2017; 17: 477.
  31. Linka K, Peirlinck M, Kuhl E. The reproduction number of COVID-19 and its correlation with public health interventions. *Comput Mech* 2020; 66: 1035-50.
  32. Box GEP. Robustness in the Strategy of Scientific Model Building. En: Launer RL, Wilkinson GN. *Robustness in Statistics*. Academic Press, 1979, p. 201-36. doi: 10.1016/B978-0-12-438150-6.50018-2
  33. Lutz CB, Giabbanelli PJ. When Do We Need Massive Computations to Perform Detailed COVID-19 Simulations? *Adv Theory Simul* 2022; 5: 2100343.

34. Jewell NP, Lewnard JA, Jewell BL. Predictive Mathematical Models of the COVID-19 Pandemic: Underlying Principles and Value of Projections. *JAMA* 2020; 323: 1893-4.
35. Vassallo L, Perez IA, Alvarez-Zuzek LG, Amaya J, Torres MF, Valdez LD, et al. An epidemic model for COVID-19 transmission in Argentina: Exploration of the alternating quarantine and massive testing strategies. *Math Biosci* 2022; 346: 108664.
36. Gnanvi JE, Salako KV, Kotanmi GB, Glèlè Kakaï R. On the reliability of predictions on Covid-19 dynamics: A systematic and critical review of modelling techniques. *Infect Dis Model* 2021; 6: 258-72.
37. Caldwell JM, Le X, McIntosh L, Meehan MT, Ogunlade S, Ragonnet R, et al. Vaccines and variants: Modelling insights into emerging issues in COVID-19 epidemiology. *Paediatr Respir Rev* 2021; 39: 32.
38. Postnikov EB. Estimation of COVID-19 dynamics «on a back-of-envelope»: Does the simplest SIR model provide quantitative parameters and predictions? *Chaos Solitons Fractals* 2020; 135: 109841.