

## Modelación matemática de la propagación del SARS-COV-2 en la ciudad de Bogotá, mediante modelos de tipo SEIR

Felipe Segundo Abril <sup>1</sup>  
fsabril@saludcapital.gov.co

Zulma M. Cucunubá <sup>2</sup>,  
zulma.cucunuba@javeriana.edu.co

David Santiago Quevedo <sup>2</sup>,  
dsquevedo@saludcapital.gov.co

Juan David Serrano <sup>1</sup>,  
jdserrano@saludcapital.gov.co

Carlos Julio Pinto <sup>1</sup>,  
cjpinto@saludcapital.gov.co

Guido Camargo España <sup>3</sup>  
guido.espana@nd.edu

N. T. Domínguez <sup>1</sup>,  
ntorres@saludcapital.gov.co

Diana Sofía Ríos <sup>1</sup>  
dsrios@saludcapital.gov.co

8 de agosto de 2022

### 1. Resumen

En este artículo se presentan la metodología y los resultados obtenidos a partir de la implementación de un modelo estocástico tipo SEIR para la dinámica del virus SARS-COV-2 en la ciudad de Bogotá, el cual considera las

- 1 Secretaría Distrital de Salud de Bogotá – Subsecretaría de Salud Pública
- 2 Departamento de Epidemiología Clínica y Bioestadística, Pontificia Universidad Javeriana
- 3 Departamento de Ciencias Biológicas – Universidad de Notre Dame

características etarias y de contacto específicas de la población de la ciudad. A partir de las proyecciones del modelo fue posible estimar la capacidad hospitalaria y funeraria de la ciudad necesaria para atender la emergencia sanitaria, lo cual sirvió como herramienta técnica de alto nivel para los tomadores de decisiones.

**Palabras clave:** SARS-COV-2, Modelación matemática, Recursos sanitarios.

### 2. Introducción

En el contexto de la pandemia causada por el virus denominado SARS-CoV-2, el modelamiento del comportamiento de los contagios y su severidad puede ser de utilidad para estimar los recursos sanitarios instalados necesarios para atender la crisis sanitaria en una ciudad como Bogotá, donde la aparición del virus fue confirmada por primera vez en marzo de 2020. De acuerdo con Walker et al. (1), la mayor fuente de variación de la letalidad producida por este virus en países de medianos-altos y altos ingresos se debe a la capacidad hospitalaria, mientras que para países con bajos y medianos-bajos ingresos se estima que esta variación ocurriría en mayor medida gracias a la calidad de los servicios de salud. Esta tesis se soporta mediante simulaciones basadas en un modelo de tipo SEIR con una estructura etaria.

Con el fin de proveer a los tomadores de decisiones con una herramienta para comprender los efectos del distanciamiento social y brindar un estimado de la cantidad necesaria de recursos sanitarios en diversos escenarios, se decide, al interior de la Dirección de Epidemiología, Análisis y Gestión de Políticas de Salud Colectiva de la Secretaría Distrital de Salud de Bogotá, implementar un modelo dinámico compartimental estocástico de tipo SEIR (susceptible (S), expuesto (E), infeccioso (I), recuperado (R)) que clasifica a la población

en once categorías (2), las cuales se exponen con detalle en (3). Esto con el fin de brindar un aproximado de los requerimientos de recursos sanitarios, tales como la asignación de camas de hospitalización general y UCI (unidades de cuidado intensivo), en diversos escenarios en función del nivel de contacto entre distintos grupos etarios considerando las posibles restricciones de movilidad contempladas en el periodo de aplicación del modelo (3)..

En este documento se describe la implementación del modelo estructurado por grupos etarios tipo SEIR mediante el uso del paquete *squire* (2). Teniendo en cuenta las particularidades de la ciudad de Bogotá, se presentan los resultados obtenidos de su aplicación y un análisis descriptivo de su importancia como herramienta para la toma de decisiones respecto a la asignación de recursos sanitarios hasta mediados de junio de 2021. En la sección 1 se introduce el modelo y se explican sus supuestos y limitaciones. En la sección 2 se presentan los resultados obtenidos de la aplicación del modelo planteando algunos escenarios de diagnóstico. En la sección 3 se discuten los resultados obtenidos y su importancia como

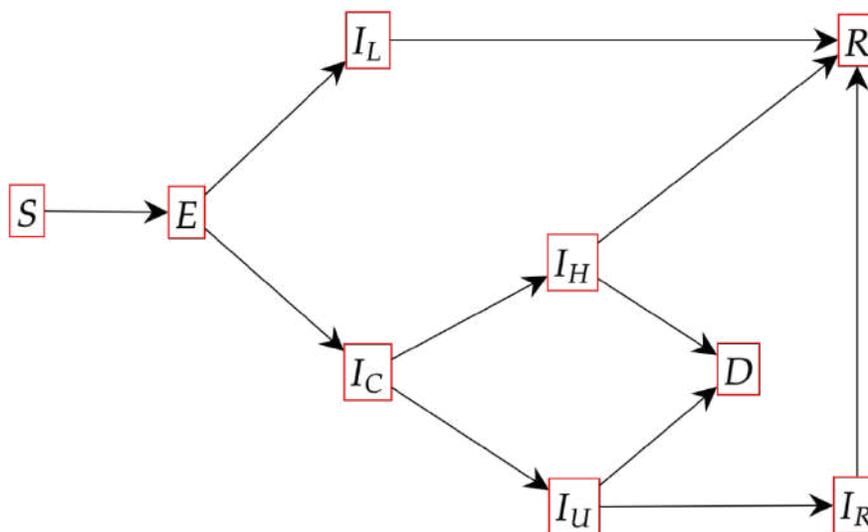
herramienta para la toma de decisiones en el momento de su implementación.

### 3. Materiales y métodos

#### Estructura del modelo

El modelo acá descrito corresponde a un modelo de tipo SEIR con estructura etaria que incorpora transiciones por las diferentes etapas del sistema de salud, el cual se encuentra implementado en el paquete *squire* presentado en (2,4). Este permite realizar simulaciones basadas en métodos propios de la teoría de procesos estocásticos y sistemas dinámicos. La figura 1 muestra en diagrama del modelo SEIHR (siglas determinadas por los posibles desenlaces de la enfermedad en inglés). Esta dinámica se divide además en 17 meta-poblaciones de edades, lo que significa que la población total  $N$  se distingue en grupos etarios comenzando de 0 a 4 años y continuando en intervalos de 5 años, i.e. , , , , , , , , , , , , , , , , y , correspondiente al grupo de mayores de 80 años.

**Figura 1. Diagrama del modelo SEIHR.**



Fuente: elaboración propia a partir de revisión bibliográfica (2,4)

Susceptibles.  $E$ : Expuestos.  $I_L I_L$ : Infecciosos moderados.  $I_C I_C$ : Infecciosos prehospitalarios.  $I_H I_H$ : Pacientes que requerirían una cama de hospitalización  $S$ : general.  $I_U I_U$ : Pacientes que requerirían una cama de hospitalización en UCI.  $I_R I_R$ : Pacientes en cama de recuperación post-UCI.  $RR$ : Recuperados.  $DD$ : Individuos que no superan la infección y fallecen.

De acuerdo con la estructura presentada en la figura 1, una persona solo puede ser infectada por alguno de los individuos en los compartimentos de individuos infecciosos  $(I)(I)$ . Al ser inoculado por el patógeno, el individuo pasa al grupo de expuestos  $(E)(E)$ . Pasado un tiempo, conocido como periodo de incubación, una persona en el estado de expuestos tiene dos posibilidades:

1. Ingresar al compartimento  $I_L I_L$ , que corresponde a individuos que se recuperan sin requerir ningún tipo de cuidado hospitalario.
2. Ingresar al compartimento  $I_C I_C$ , correspondiente a aquellos individuos que requieren hospitalización.

Una vez termina el periodo infeccioso de un individuo en el compartimento  $I_L I_L$ , hay una transición al compartimento de recuperados  $RR$  independientemente de si aún presenta algunos síntomas leves. Por otro lado, después de un tiempo en el compartimento  $I_C I_C$ , los individuos prehospitalarios seguirán uno de los siguientes caminos:

1. Ingresar al compartimento  $I_H I_H$ , correspondiente a individuos que requieren una cama de hospitalización general.

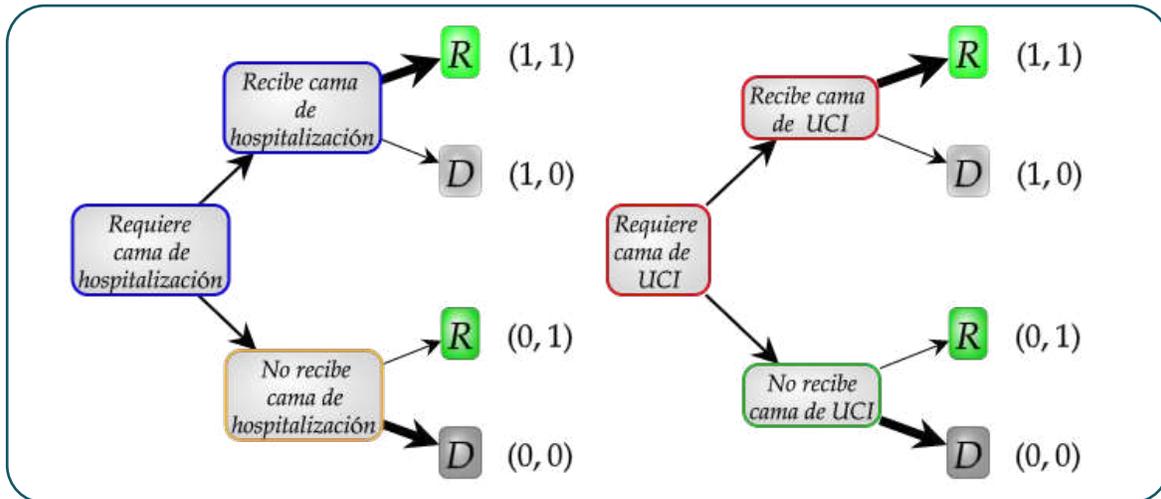
2. Ingresar al compartimento  $I_U I_U$ , correspondiente a individuos que requieren hospitalización en una Unidad de Cuidados Intensivos (UCI).

Vale la pena mencionar que los estados de tipo  $II$  son latentes, esto es, en la práctica no es posible determinar en qué compartimento se encuentra cada individuo dado que no se puede conocer de antemano el desenlace de cada infección. Una forma adecuada de entender la cantidad de individuos en cada compartimento es en términos de valores esperados.

Una vez un individuo en el compartimento  $I_H I_H$  es dado de alta, este se mueve al compartimento  $RR$ . Para los individuos en el compartimento  $I_U I_U$  se considera un paso intermedio antes de entrar al compartimento de recuperados, correspondiente a la asignación de una cama de recuperación post-UCI (compartimento  $I_R I_R$ ). Los individuos en los compartimentos  $I_H I_H$  e  $I_U I_U$  pueden pasar al compartimento  $D$ , es decir individuos que lamentablemente fallecen después de un periodo de estancia en cada uno de estos compartimentos.

Con el fin de simular computacionalmente la disponibilidad y capacidad de camas de hospitalización general y UCI, disponible en la ciudad para atender la emergencia sanitaria, se utiliza el árbol de decisión aleatorio mostrado en la figura 2. Con este árbol se divide la población de infectados que requieren hospitalización general o UCI en cuatro compartimentos adicionales por cada tipo de infectado. Consecuentemente, la posibilidad de un infectado de recibir atención médica en una cama hospitalaria disminuye su probabilidad de mortalidad. Sin embargo, si la capacidad de camas es superada, es claro que la probabilidad de que se le asigne una cama de hospitalización general o UCI será nula.

**Figura 2. Árbol de decisión para asignar una cama de hospitalización o UCI**



Fuente: elaboración propia a partir de revisión bibliográfica (2,4)

El grosor de las flechas indica que la posibilidad de recibir una cama decremента la probabilidad de mortalidad sobre un infectado. R corresponde a casos recuperados y D a fallecidos (por sus iniciales en inglés). Se asignan las parejas de combinaciones de 1 y 0 para establecer un código binario que permite la implementación computacional del modelo.

Debido a la implementación del modelo mediante el uso de métodos numéricos estándar y la teoría de sistemas dinámicos en la librería *squire*, es necesario tener en cuenta los siguientes tres aspectos:

1. El comportamiento de los individuos de la población es uniforme. Es decir que se asume que los individuos adoptan hábitos similares.
2. Todos los individuos tienen la misma probabilidad de ser susceptibles a una enfermedad dada, independientemente de su edad.
3. Todos los individuos se relacionan entre sí de manera aleatoria. La interacción entre un caso índice de edad  $\alpha'\alpha'$  y un

individuo susceptible de edad  $\alpha\alpha$  está mediada por la matriz de contacto social  $c(\alpha, \alpha')c(\alpha, \alpha')$ .

Finalmente, vale la pena mencionar que la Figura 1 y Figura 2 permiten interpretar el funcionamiento de este modelo de una forma más sencilla. Sin embargo, realmente el modelo *Squire* (2) se compone de 26 compartimentos que diferencian el estado de latencia de los expuestos e infecciosos, así como el tipo de atención que se le da a cada caso infectado lo cual implica que por términos de claridad no se incluyen las 26 ecuaciones diferenciales que describen este modelo dentro de este manuscrito, aun así para mayor información puede remitirse a (2). Así, el modelo *Squire* es mucho más general que el presentado en (3).

### Parámetros del modelo

Para capturar los efectos de la enfermedad provocada por el virus SARS-CoV-2 con el modelo, es necesario especificar parámetros biológicos que caracterizan los tiempos característicos de la enfermedad y que se encuentran resumidos

en la tabla de parámetros del modelo de (4). De esta forma, se utilizan un tiempo promedio de latencia de 4.6 días (5), un tiempo promedio de infección para casos moderados de 2.1 días (6). Así mismo se especifica un tiempo promedio en hospitalización general antes de recuperarse de 9 días (7) y los tiempos promedios de duración en cuidado intensivo para supervivientes de 14.8 días y para casos fallecidos de 11.1 días (8,9); entre otros parámetros.

El modelo requiere definir las proporciones de severidad por grupo etario, las cuales fueron ajustadas a partir de las reportadas en (4) teniendo en cuenta la estructura etaria de Bogotá reportada por el DANE para el año 2019. En la tabla de parámetros específicos por edad de (4) se pueden observar los valores utilizados para las proporciones de: infectados hospitalizados, hospitalizados que requieren UCI, fallecimientos ocurridos en UCI, casos no-críticos fallecidos y casos críticos fallecidos.

Adicionalmente, se asumió una probabilidad de muerte del 50% para pacientes críticos independientemente del grupo etario. Además, para simular un cambio en el número de contactos diarios promedio y de la movilidad en la ciudad, se considera una matriz de contactos  $c(a, a')$   $c(a, a')$  dependiente del tiempo, la cual captura el nivel de contacto entre los distintos grupos etarios (10,11). De hecho la información de la Tabla 1 presenta los mismos parámetros utilizados en (3) con la diferencia que en este modelo estocástico tipo SEIIR se tiene la posibilidad de desagregar con más detalles los casos críticos que terminan en hospitalización de acuerdo a si reciben una cama de atención en hospitalización general o UCI y también agrega una componente estocástica en dicha probabilidad de asignación de una cama de atención por lo cual se hace necesario simular muchas veces la dinámica del sistema para obtener su comportamiento promedio.

**Tabla 1. Tamaño de los grupos etarios y probabilidades de severidad condicional**

Grupo Etario	Tamaño	Probabilidad de requerir hospitalización $\varphi(a)$	Probabilidad de Caso Crítico	Probabilidad de Morir Caso No Crítico
[0,5)	486341	0,000840764	0,181354223	0,012553468
[5,10)	477908	0,001182411	0,181354223	0,013979635
[10,15)	492552	0,001662887	0,181354223	0,015567823
[15,20)	562016	0,002338607	0,137454906	0,016454101
[20,25)	718131	0,003288907	0,121938236	0,017999605
[25,30)	724454	0,004625365	0,122775613	0,020063626
[30,35)	651833	0,006504897	0,136057441	0,022686491
[35,40)	599112	0,009148183	0,160922182	0,026012496
[40,45)	519983	0,012865577	0,196987378	0,030268714
[45,50)	470334	0,018093546	0,242011054	0,035709645
[50,55)	465196	0,025445917	0,289368845	0,042416637
[55,60)	423099	0,035785947	0,326537862	0,049842448
[60,65)	336100	0,050327683	0,337229819	0,056400332
[65,70)	246821	0,0707785	0,309082553	0,060249095
[70,75)	173019	0,099539573	0,243794865	0,122602446
[75,80)	112227	0,1399878	0,160480254	0,184472303
[80,•)	133745	0,233470395	0,057084366	0,340529746

Fuente: elaboración propia a partir de Censo DANE 2018, proyecciones de población año 2019.

Por último, es importante mencionar que el modelo estocástico tipo SEIR explicado anteriormente posee las siguientes limitaciones:

- » No admite exportaciones e importaciones en la población total, lo cual se sigue al notar que el sistema de ecuaciones diferenciales estocásticas se equilibra entre los distintos compartimentos.
- » No incluye estrategias de testeo, rastreo y aislamiento.
- » No considera explícitamente distintas variantes biológicas del virus.
- » No considera ninguna medida de tipo farmacológico, como la vacunación.

La calibración del modelo se puede realizar a partir de la serie de tiempos de muertes reportadas en la ciudad de Bogotá por medio de la función calibrada de la librería *squire*, la cual utiliza un filtro de partículas para obtener los ajustes correspondientes, como se explica en (2).

### Método de cálculo del número reproductivo efectivo:

En (12) y (13), se resume el estado actual de una serie de modelos para calcular el número reproductivo efectivo  $R_t$ . Básicamente, la ecuación usada para estimar el  $R_t$  es:

$$R_c(t) = \sum_{\tau=1}^{\infty} i(t)R(t - \tau), (1)$$

en donde  $i(t)$  representa el intervalo serial de la enfermedad que se define como la densidad del número de personas que empiezan a ser infecciosas  $\tau$  unidades de tiempo después que la persona que la infectó se convirtió en infecciosa. Es importante aclarar que la Ecuación (1) se conoce como ecuación de renovación y se puede interpretar como el nuevo número de casos promedio que puede generar una

persona infectada de acuerdo con el número de unidades de tiempo transcurridas después que una persona se detecta como infectada y que usualmente se relaciona con el tipo de distribución de probabilidad que siga el número de infecciones  $i(t)$ . Además, no se identificaron estudios robustos que categoricen alguna de las metodologías como “mejor” para hacerle seguimiento a la velocidad instantánea del contagio en un lugar y tiempo determinados.

Las diferencias teóricas entre varios modelos se pueden revisar en (14) y (15). Estos modelos usan series de tiempo y evalúan el número de contagios en una ventana de tiempo definida o haciendo uso de parámetros estimados de distribuciones del tiempo en el que un individuo es infeccioso. Para el caso de este estudio se utilizó una ventana de tiempo de 14 días. En varios casos se puede hacer uso de estadística Bayesiana para hacer las estimaciones.

Teóricamente el cálculo del  $R_t$  se hace con el número de contagios en un lugar y tiempo determinados. Sin embargo, se sabe que por la cantidad importante de asintomáticos que caracteriza al SARS-Cov2, no es posible saber el número verdadero de contagios diarios que suceden en la ciudad de Bogotá. Por eso se evalúa el  $R_t$  tomando los casos reportados diariamente y haciendo un corrimiento de cinco días respecto a la fecha de inicio de síntomas o fecha de consulta (en caso de no estar determinada o no existir la fecha de inicio de síntomas), lo que da una ventaja para calcular la fecha estimada de contagio que es aproximadamente cinco días antes de la fecha de inicio de síntomas y así evaluar con la estimación del  $R_t$  la velocidad del contagio alrededor de ciertos periodos de tiempo de interés como inicio y fin de cuarentenas localizadas, días sin IVA, festividades decembrinas, etc.

Para el cálculo del  $R_t$  se usa un lenguaje de programación de uso libre con gran reputación en la comunidad estadística y científica llamado

R. La documentación de los paquetes y librerías usadas para su cálculo se pueden consultar en (16) y (12). Aquí vale la pena mencionar que el número reproductivo efectivo también permite corroborar la calibración hecha con el modelo Squire. Por consiguiente, es importante recordar que para la calibración del modelo se utiliza la función calibrate de la librería squire, la cual utiliza un filtro de partículas para obtener los ajustes correspondientes al número de fallecimientos diarios ocasionados por el SARSCov2 en Bogotá y que se obtuvieron con la información suministrada por la base de casos positivos de COVID-19 de la Secretaría Distrital de Salud. Así, la validación de la calibración hecha para el modelo Squire para Bogotá consiste en simular múltiples realizaciones del modelo estocástico Squire y corroborar que el número de fallecidos diarios estimados por la base de positivos se encuentren entre el percentil 2.5 % y 97.5 % de las simulaciones hechas con el modelo para cada día. Además, se tuvo en cuenta que dichas defunciones podían presentar un rezago en la información de alrededor de 14 días.

En las figuras 3 a 5 el color azul representa los resultados de la calibración del modelo, obtenida con datos anteriores al 28 de diciembre de 2020, mientras que el color naranja representa las proyecciones obtenidas a partir de dicha fecha. Las bandas sombreadas representan la incertidumbre luego de 1.000 simulaciones, de tal manera que el límite inferior representará el cuantil 2.5 % y el límite superior el cuantil 97.5 %, es decir, la banda de incertidumbre contiene el 95 % de las simulaciones realizadas para cada caso. La fecha de corte (2020-12-18) fue escogida para ejemplificar la implementación y uso del modelo; sin embargo, el proceso de calibración era realizado con una frecuencia de una a dos veces por semana en medio de la crisis sanitaria con el fin de estimar la capacidad hospitalaria y funeraria de la ciudad. Adicionalmente, debido a temas de confidencialidad para los cuales fueron tomados estos datos por diferentes tomadores de decisiones, se presentan las gráficas del estudio sin llegar a involucrar los datos diarios encontrados en las simulaciones.

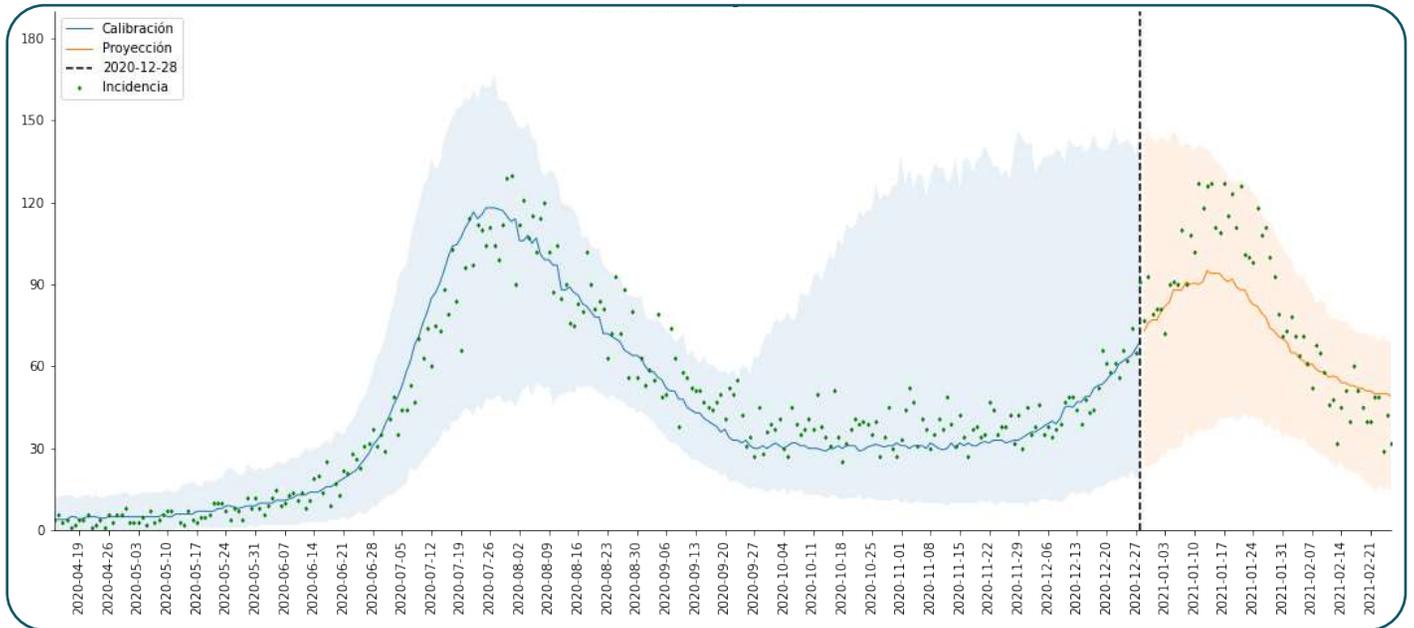
## 4. Resultados

En esta sección se presentan la calibración del modelo y las proyecciones obtenidas para el número reproductivo efectivo y la ocupación de UCI en contraste con los datos recolectados en fechas posteriores a la fecha de corte de las calibraciones. Las proyecciones de ocupación de UCI en particular fueron de vital importancia durante la crisis sanitaria provocada por el SARS-CoV-2 debido a la necesidad de estimar los recursos hospitalarios necesarios para atender la emergencia sanitaria. En efecto, dichas proyecciones se realizaron utilizando diferentes potenciales escenarios definidos de acuerdo con los comités epidemiológicos que se tuvieron entre el equipo de la Secretaría de Salud, expertos epidemiológicos y los tomadores de decisiones en la ciudad como la alcaldesa y el secretario de salud.

### 4.1 Fallecimientos y calibración del modelo

La figura 3 muestra el número de muertes diarias antes y después de la fecha de corte de la simulación. Se observa que la calibración del modelo, realizada con datos confiables hasta el 28 de diciembre de 2020, ajusta correctamente los datos disponibles hasta ese momento, los cuales en general se mantienen dentro de las bandas de incertidumbre del modelo. Se observa además que la proyección obtenida a partir de la calibración consiguió predecir, dentro del margen de incertidumbre del modelo, el comportamiento de los fallecimientos durante la segunda ola de SARS-CoV-2 en la ciudad.

**Figura 3. Número de fallecidos diarios (puntos verdes) comparados con la calibración y la proyección obtenida con el modelo. Las bandas indican la incertidumbre tras promediar 1000 simulaciones.**



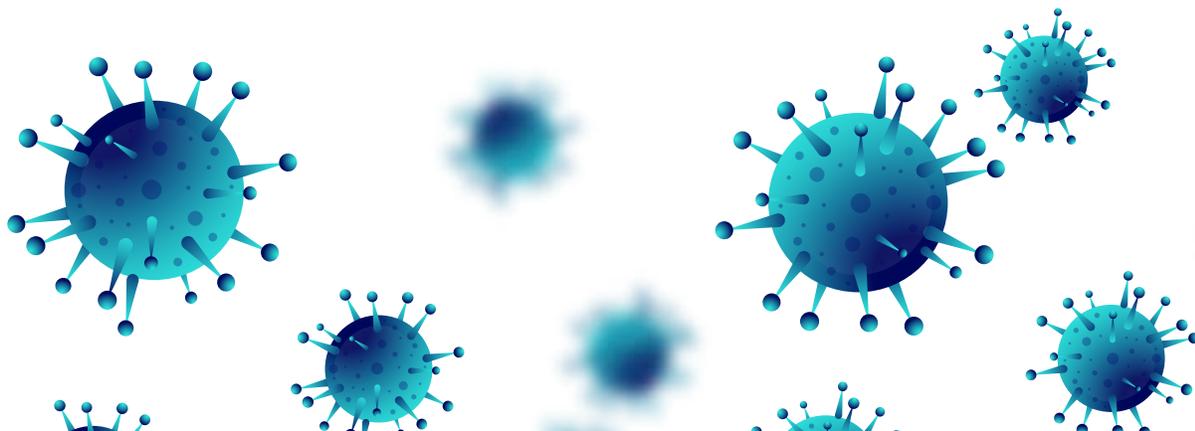
Fuente: elaboración propia a partir de Base de Positivos COVID-19, SDS datos preliminares corte Julio 2021.

## 4.2 Incidencia real de infecciones y número reproductivo efectivo

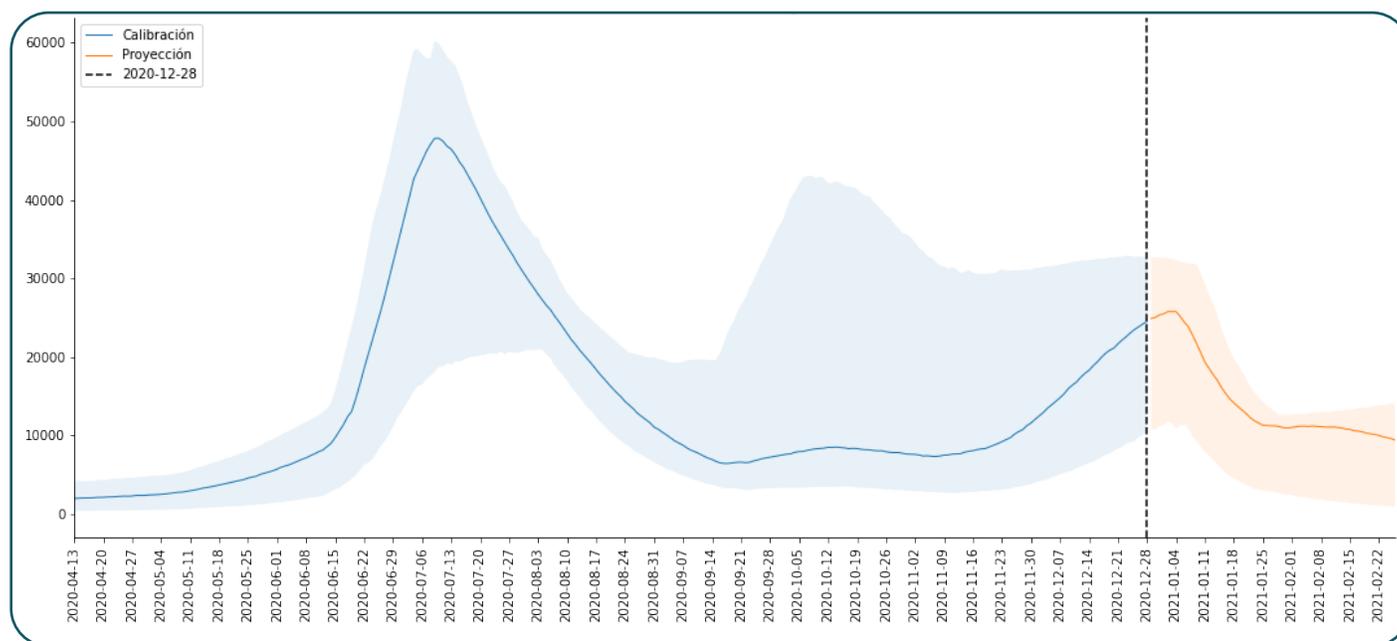
En la figura 4 se puede observar la estimación de infecciones totales para la ciudad de Bogotá obtenida a partir de la calibración del modelo. Esta estimación de infecciones no corresponde a la incidencia de casos positivos, ya que estos dependen de la capacidad de testeo de la ciudad. A partir de esta estimación del número de infecciones fue posible calcular el número reproductivo efectivo  $R(t)$ , el cual representa el número promedio de nuevas infecciones por cada individuo infectado en una

ventana de tiempo determinada posterior al tiempo cero. De esta forma, un valor menor que la unidad del número reproductivo efectivo ( $R(t) < 1$ ) sugiere que la epidemia va en descenso y viceversa [16].

La figura 5 compara  $R_{casos}(t)$  obtenido a partir de los casos reportados con el  $R_{infecciones}(t)$  obtenido a partir de las infecciones estimadas por el modelo. Se observa que ambas estimaciones siguen una tendencia similar, lo cual permite hacer una validación extrínseca del modelo.

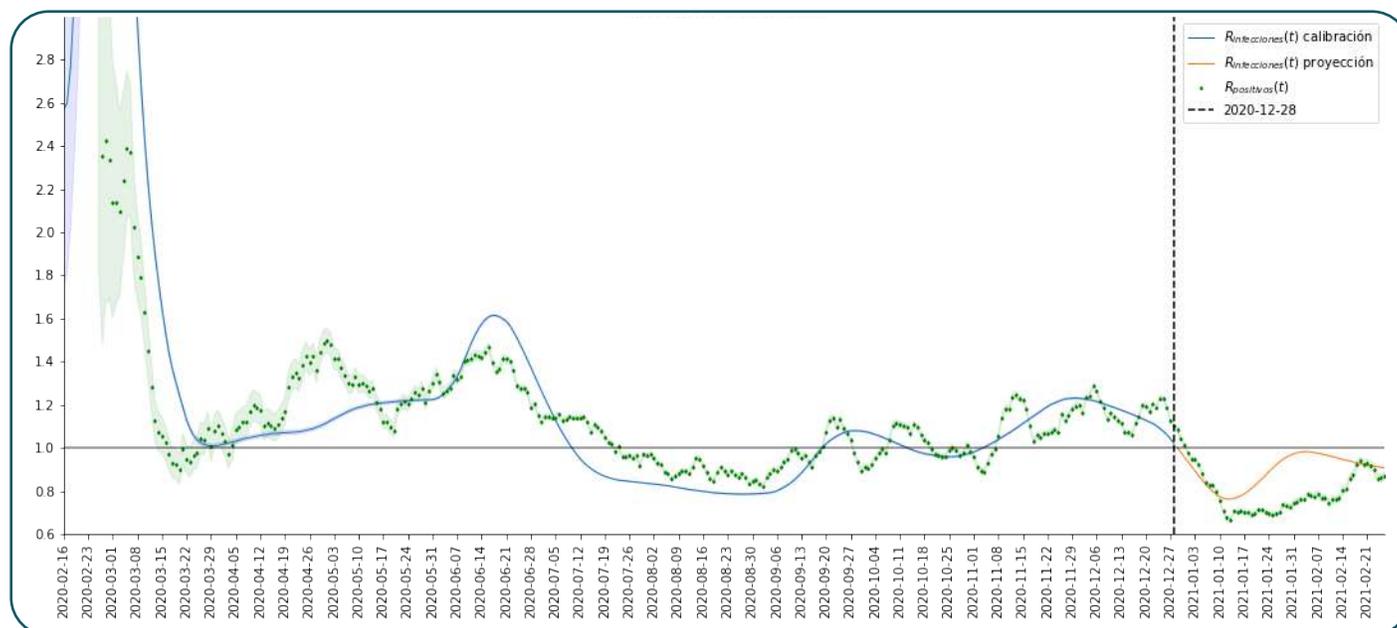


**Figura 4. Estimación de infecciones totales obtenida a partir de la calibración del modelo**



Fuente: elaboración propia a partir de Base de Positivos COVID-19, SDS datos preliminares corte Julio 2021.

**Figura 5. Número reproductivo efectivo**



Fuente: elaboración propia a partir de Base de Positivos COVID-19, SDS datos preliminares corte Julio 2021.

Las curvas azul y naranja corresponden al número reproductivo efectivo calculado a

partir de la estimación de infecciones totales mostrados en la figura 4, mientras que los pun-

tos verdes corresponden al calculado a partir de la incidencia de casos positivos reportados en Bogotá con una ventana de 14 días.

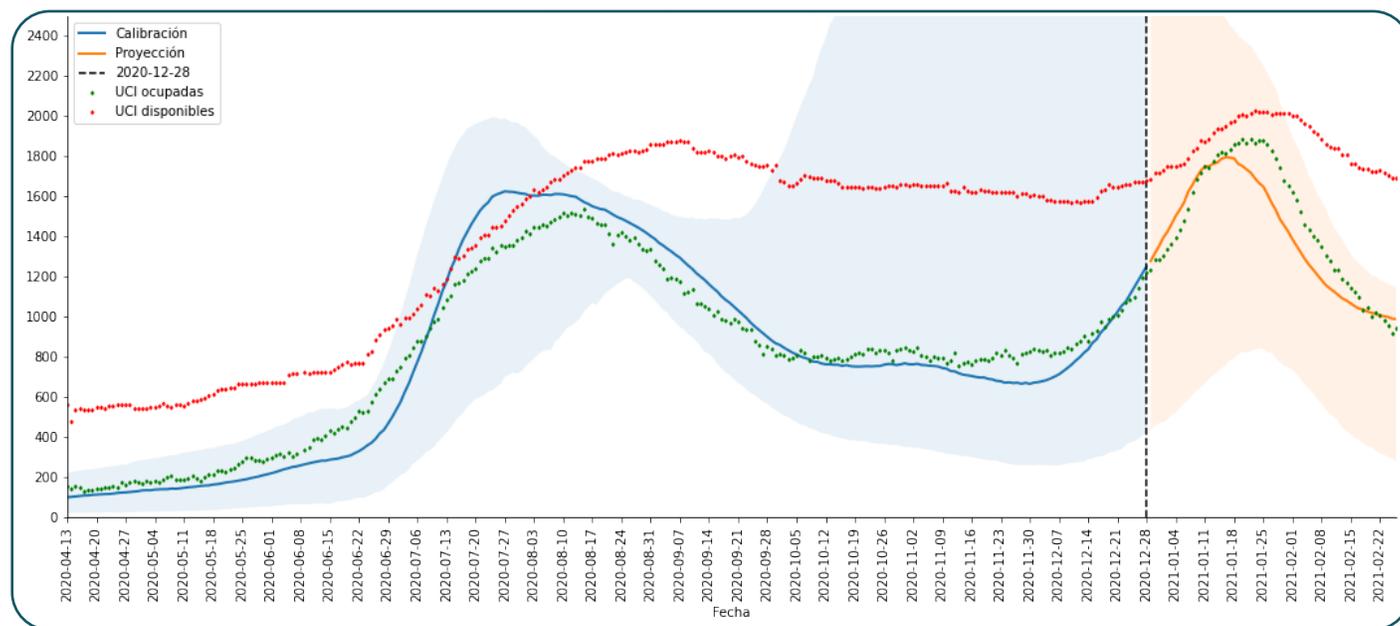
### 4.3 Ocupación de UCI y estimación de recursos sanitarios

Durante la emergencia sanitaria provocada por el SARS-CoV-2 en la ciudad de Bogotá era de vital importancia estimar las necesidades hospitalarias con el fin de evitar que la ocupación superara la disponibilidad de camas, tanto de hospitalización general, cómo de UCI. En la figura 6 se comparan la curva de ocupación de UCI obtenida a partir de la calibración del modelo vs los datos de ocupación y disponibilidad de UCI para la ciudad de Bogotá entre

el 13 abril de 2020 y el 26 de febrero de 2021. Se puede observar que, en el periodo seleccionado, los datos de ocupación de UCI nunca superaron la disponibilidad y que los datos de ocupación se mantuvieron dentro del margen de incertidumbre de la calibración.

Una de las funcionalidades de la aplicación del modelo aquí presentado fue la de proyectar la capacidad hospitalaria necesaria para atender la emergencia sanitaria sin que la demanda de camas de hospitalización general y UCI fuese superada, de tal forma que se pudiesen salvar la mayor cantidad de vidas posibles asignando óptimamente los recursos hospitalarios disponibles tanto para COVID-19 como para otras enfermedades.

**Figura 6. Disponibilidad y ocupación de UCI**



Fuente: elaboración propia a partir de Base de Positivos COVID-19, SDS datos preliminares corte Julio 2021. Cruce de información con SIRC - Sistema de referencia y contrareferencia corte Julio 2021.

Las curvas a azul y naranja corresponden a la calibración y proyecciones de ocupación obtenidas mediante la implementación del modelo. Los puntos rojos corresponden a la

disponibilidad de UCI de la ciudad y los puntos verdes a la ocupación de UCI para cada fecha. Se observa una concordancia, dentro del margen de incertidumbre del modelo, entre la

ocupación proyectada y los datos reportados posteriormente a la fecha de corte.

## 5. Discusión

El modelo compartimental estocástico de tipo SEIR es una herramienta robusta de análisis epidemiológico dependiente de parámetros concernientes a la información etaria, de movilidad y epidémica; el cual permitió entender y proyectar la propagación del virus SARS-CoV-2 en la ciudad de Bogotá. Se pudo comprobar que la calibración obtenida mediante la curva de fallecimientos reportada en Bogotá entre marzo y diciembre de 2020 permite proyectar, dentro del margen de incertidumbre del modelo, la curva de ocupación futura de UCI y recupera la tendencia del número reproductivo efectivo.

Fue posible utilizar estas proyecciones como una herramienta técnica de alto nivel, en tiempo real, útil en la toma de decisiones durante la emergencia sanitaria. Este modelo permitió a los tomadores de decisiones en la ciudad comprender las dinámicas de la epidemia, sus limitaciones e incertidumbres. Las proyecciones del modelo compartimental estocástico de tipo SEIR fueron una herramienta complementaria para el análisis de la situación en la ciudad, que permitió proyectar de manera ágil las recomendaciones sobre intervenciones no farmacológicas a la ciudadanía, proporcionando información soportada en la mejor evidencia posible a la fecha, parte de esta información se consolida (3) para la ciudad de Bogotá.

De igual forma, frente a la necesidad proyectada por el modelo de camas hospitalarias y de UCI, este permitió a la ciudad controlar la demanda de dichos recursos sanitarios en aras de evitar un colapso hospitalario. Con base en las proyecciones del modelo se realizaba de manera constante el diálogo con las IPS y EPS

con el fin de planear, reorganizar e implementar nuevas estrategias de cuidado hospitalario, lo cual permitió garantizar la atención oportuna a cada persona que lo requirió; también aportó en la planeación de insumos médicos requeridos para la atención.

Por último, las proyecciones generadas por el modelo permitieron la reorganización anticipada de servicios funerarios. En este aspecto las proyecciones permitieron ajustar los protocolos de transporte y almacenamiento de cadáveres, con el fin de garantizar la entrega de manera oportuna a sus familiares; además, permitieron proyectar los insumos requeridos suficientes para el proceso de embalaje y disposición final de los cuerpos sin que se generara colapso o necesidad de zonas de almacenamiento que podrían haber sido traumáticas para la comunidad en general.

Por último, vale la pena enfatizar en que los resultados presentados en este trabajo poseen limitaciones como no haber podido incluir los efectos de vacunación en la ciudad ni los efectos de variantes biológicas los cuales no fueron necesarios sino hasta mitades de abril del 2021 para la tercera ola de la pandemia de COVID-19 en la ciudad, lo cual implica que los resultados aquí presentados sigan teniendo validez en las primeras dos olas de la pandemia.

Este artículo permite profundizar en el desarrollo y uso del modelo estocástico para orientar la toma de decisiones en la ciudad que como se mostró permitió a diferentes dependencias contar con información que les favoreciera direccionar su accionar frente a los posibles escenarios, también es importante mencionar que frente a las limitaciones del mismo, las cuales se consignan en este documento, la ciudad avanzó en la construcción de modelos matemáticos más dinámicos los cuales serán objeto de próximas publicaciones.

## Referencias

1. Walker PGT, Whittaker C, Watson OJ, Baguelin M, Winskill P, Hamlet A, et al. The impact of COVID-19 and strategies for mitigation and suppression in low- and middle-income countries. *Science*. 24 de julio de 2020;369(6502):413-22.
2. Watson O, Walker P, Whittaker C, Winskill P, Charles G. mrc-ide/squire [Internet]. Squire. 2021. Disponible en: <https://github.com/mrc-ide/squire>
3. Quevedo DS, Salas L, Serrano JD. Modelación matemática de la propagación del SARS-CoV-2 en la ciudad de Bogotá. *Bol Epidemiológico Dist* [Internet]. 2021;18(5). Disponible en: [http://www.saludcapital.gov.co/DSP/Boletines%20epidemiologicos/2019/BED\\_VOL\\_18\\_No\\_5.pdf](http://www.saludcapital.gov.co/DSP/Boletines%20epidemiologicos/2019/BED_VOL_18_No_5.pdf)
4. Watson O, Walker P, Whittaker C, Winskill P, Charles G. Model parameters [Internet]. Squire 0.6.7. 2021. Disponible en: <https://mrc-ide.github.io/squire/articles/parameters.html>
5. 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*. 5 de mayo de 2020;172(9):577-82.
6. Bi Q, Wu Y, Mei S, Ye C, Zou X, Zhang Z, et al. Epidemiology and transmission of COVID-19 in 391 cases and 1286 of their close contacts in Shenzhen, China: a retrospective cohort study. *Lancet Infect Dis*. agosto de 2020;20(8):911-9.
7. Sreevalsan-Nair J, Vangimalla RR, Ghogale PR. Analysis and Estimation of Length of In-Hospital Stay Using Demographic Data of COVID-19 Recovered Patients in Singapore [Internet]. *Epidemiology*; 2020 abr [citado 27 de diciembre de 2022]. Disponible en: <http://medrxiv.org/lookup/doi/10.1101/2020.04.17.20069724>
8. ISARIC Clinical Characterisation Group, Baillie JK, Baruch J, Beane A, Blumberg L, Bozza FA, et al. ISARIC COVID-19 Clinical Data Report issued: 04 oct 2020 [Internet]. *Infectious Diseases (except HIV/AIDS)*; 2020 jul [citado 27 de diciembre de 2022]. Disponible en: <http://medrxiv.org/lookup/doi/10.1101/2020.07.17.20155218>
9. Richards-Belle A, Orzechowska I, Gould DW, Thomas K, Doidge JC, Mouncey PR, et al. COVID-19 in critical care: epidemiology of the first epidemic wave across England, Wales and Northern Ireland. *Intensive Care Med*. noviembre de 2020;46(11):2035-47.
10. Prem K, Cook AR, Jit M. Projecting social contact matrices in 152 countries using contact surveys and demographic data. Halloran B, editor. *PLOS Comput Biol*. 12 de septiembre de 2017;13(9):e1005697.
11. Prem K, Zandvoort K van, Klepac P, Eggo RM, Davies NG, Centre for the Mathematical Modelling of Infectious Diseases COVID-19 Working Group, et al. Projecting contact matrices in 177 geographical regions: An update and comparison with empirical data for the COVID-19 era. Ferrari M (Matt), editor. *PLOS Comput Biol*. 26 de julio de 2021;17(7):e1009098.
12. Cori A, Ferguson NM, Fraser C, Cauchemez S. A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics. *Am J Epidemiol*. 1 de noviembre de 2013;178(9):1505-12.
13. Thompson RN, Stockwin JE, van Gaalen RD, Polonsky JA, Kamvar ZN, Demarsh PA,

- et al. Improved inference of time-varying reproduction numbers during infectious disease outbreaks. *Epidemics*. diciembre de 2019;29:100356.
14. Wallinga J. Different Epidemic Curves for Severe Acute Respiratory Syndrome Reveal Similar Impacts of Control Measures. *Am J Epidemiol*. 15 de septiembre de 2004;160(6):509-16.
  15. Fraser C. Estimating Individual and Household Reproduction Numbers in an Emerging Epidemic. Galvani A, editor. *PLoS ONE*. 22 de agosto de 2007;2(8):e758.
  16. Cori A, Zhan N, Kamvar, Stockwin J, Jombart T, Dahlgvist E, FitzJohn R, et al. *mrcide/EpiEstim: 2.2-3* [Internet]. Zenodo; 2020 [citado 4 de enero de 2023]. Disponible en: <https://zenodo.org/record/3871387>
  17. Cao Z, Zhang Q, Lu X, Pfeiffer D, Jia Z, Song H, et al. Estimating the effective reproduction number of the 2019-nCoV in China [Internet]. *Infectious Diseases (except HIV/AIDS)*; 2020 ene [citado 4 de enero de 2023]. Disponible en: <http://medrxiv.org/lookup/doi/10.1101/2020.01.27.20018952>