

Modelo SIR de la pandemia de COVID-19 en Colombia

SIR model of the COVID-19 pandemic in Colombia

Fred G. Manrique-Abril, Carlos A. Agudelo-Calderon,
Víctor M. González-Chordá, Oscar Gutiérrez-Lesmes,
Cristian F. Téllez-Piñerez y Giomar Herrera-Amaya

Recibido 25 marzo 2020 / Enviado para modificación 26 marzo 2020 / Aceptado 31 marzo 2020

RESUMEN

FM: RN. AB. Ph. D. Salud Pública; Ph.D. Investigación Clínica. Investigador, Instituto de Salud Pública. Profesor Titular, Facultad de Enfermería. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. fmanriquea@unal.edu.co
CA: MD. Periodista. M. Sc. Salud Pública. M. Sc. Ciencias. Instituto de Salud Pública. Facultad de Medicina. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. caagudoloc@unal.edu.co
VG: RN. M. Sc. Enfermería. Ph.D. Ciencias de la Salud. Profesor ayudante doctor. Departamento de Enfermería. Universitat Jaume I. España. vchorda@uji.es
OG: RN. Esp. Epidemiología. M. Sc. Gestión Ambiental Sostenible. Ph. D(c). Epidemiología. Profesor Asociado, Escuela de Salud Pública. Universidad de los Llanos. Villavicencio, Colombia. oagutierrez@unillanos.edu.co
CT: Estadístico. M. Sc. Ciencias Estadística. Ph.D(c). Ciencias. Estadística. Profesor, Universidad Santo Tomas. Bogotá, Colombia. cristiantellez@usantotomas.edu.co
GH: RN. M. Sc. Investigación en APD. Ph.D(c). Ciencias Enfermería. Profesora Asistente. Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia. Grupo de Salud pública. giomar.herrera@uptc.edu.co

Objetivo Desarrollar un modelo SIR pronóstico de la pandemia de COVID-19 en el territorio colombiano

Métodos Se utilizó un modelo SIR con enfoque determinístico para pronosticar el desarrollo de la pandemia de COVID-19 en Colombia. Los estados considerados fueron susceptibles (S), infecciosos (i) y recuperados o fallecidos (R). Los datos poblacionales se obtuvieron del Departamento Administrativo Nacional de estadística (Proyecciones de Población 2018-2020, difundida en enero de 2020) y los datos sobre casos diarios confirmados de COVID-19 del Instituto Nacional de Salud. Se plantearon diferentes modelos variando el número básico de reproducción (R_0).

Resultados A partir de los casos reportados por el Ministerio de Salud se crearon cuatro ambientes o escenarios simulados en un modelo SIR epidemiológico, se extendieron las series de tiempo hasta el 30 de mayo, fecha probable del 99% de infección poblacional. Un R_0 de 2 es la aproximación más cercana al comportamiento de la pandemia durante los primeros 15 días desde el reporte del caso 0, el peor escenario se daría en la primera semana de abril con un R_0 igual a 3.

Conclusiones Se hacen necesarias nuevas medidas de mitigación y supresión en las fases de contención y transmisión sostenida, como aumento de la capacidad diagnóstica por pruebas y desinfección de zonas pobladas y hogares de aislamiento.

Palabras Clave: Pandemia; Colombia; infecciones por coronavirus; transmisión; número básico de reproducción (*fuentes: DeCS, BIREME*).

ABSTRACT

Objective To develop a prognostic SIR model of the COVID-19 pandemic in Colombia.

Materials and Methods A SIR model with a deterministic approach was used to forecast the development of the COVID-19 pandemic in Colombia. The states considered were susceptible (S), infectious (i) and recovered or deceased (R). Population data were obtained from the National Administrative Department of Statistics (DANE) — Population Projections 2018-2020, released in January 2020—, and data on daily confirmed cases of COVID-19 from the National Institute of Health. Different models were proposed varying the basic reproduction number (R_0).

Results Based on the cases reported by the Ministry of Health, 4 simulated environments were created in an epidemiological SIR model. The time series was extended until May 30, the probable date when 99% of the population will be infected. $R_0=2$ is the basic reproduction number and the closest approximation to the behavior of the pandemic during the first 15 days since the first case report; the worst scenario would occur in the first week of April with $R_0=3$.

Conclusions Further mitigation and suppression measures are necessary in the containment and sustained transmission phases, such as increased diagnostic capacity through testing and disinfection of populated areas and homes in isolation.

Key Words: Pandemics; Colombia; coronavirus infections; transmission; basic reproduction number (*source: MeSH, NLM*).

A principios de diciembre de 2019, se identificaron los primeros casos de una neumonía de origen desconocido en Wuhan, la capital de la provincia de Hubei, en China (1). El patógeno era un nuevo betacoronavirus de ARN con envoltura (2) que actualmente se ha denominado coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-COV-2) y que tiene una similitud filogenética con el SARS-COV-1 (3-5).

A finales de enero, se reportaron cerca de 80 000 casos de COVID-19 y 2 800 muertes en toda China, identificándose los primeros casos en Alemania, Italia o España, por lo que la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró el brote de SARS-COV-2 como una Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional (ESPII). Entre el 2 y el 10 de marzo, se pasó de 88 913 a 113 672 casos confirmados distribuidos en más de 100 países. La rápida expansión del virus por países del continente asiático, Europa, África, América y Oceanía hizo que la OMS declarase la pandemia global el 11 de marzo de 2020 (6,7).

Hasta el 25 de marzo de 2020, 186 países habían confirmado 416 916 casos y 185 65 fallecimientos (8-11). Los datos de la OMS indican que los países con mayor cantidad de casos son China (81 869), Italia (69 176), Estados Unidos (51 914), España (39 673) y Alemania (31 554) (12). Los países con mayor mortalidad hasta esta fecha, son Italia (6 820), China (3 287) y España (2 696) (13).

En Colombia, para este mismo día se habían notificado 470 casos, de los cuales cuatro pacientes habían muerto (letalidad=0,8%) y ocho pacientes se habían recuperado (tasa de recuperación=1,7%). Respecto a la fuente de contagio, un total de 266 (56,6%) casos eran importados, 163 (34,7%) casos eran relacionados y 41 (8,7%) casos se encontraban en Estudio. El distrito de Bogotá concentraba el 36% de los casos, seguido de los distritos del Valle, Antioquia y Atlántico, contando a Cartagena como distrito turístico (14).

Acorde al comportamiento de la pandemia en los diversos países, en Colombia se han adelantado medidas para mitigar y frenar su impacto. En especial se busca frenar su velocidad de transmisión con el fin de preparar el sistema de salud para la atención de casos, evitando el colapso y disminuyendo el impacto social y económico de la pandemia.

Para poder predecir la magnitud de epidemias y su comportamiento se hace uso de herramientas matemáticas que permiten crear modelos epidemiológicos determinísticos o estocásticos. La diferencia básica entre ellos es que los modelos determinísticos consideran a los individuos pertenecientes a un estado del modelo

como un conjunto, mientras que en los modelos estocásticos los sujetos son considerados de manera individual. Así, los modelos determinísticos se pueden utilizar en poblaciones grandes y facilitan el estudio analítico de la epidemia.

El acrónimo de un modelo determinístico suele indicar los diversos estados por los que pasan los individuos. Por ejemplo, un modelo SIR representa que los individuos pueden pasar de ser susceptibles, a infecciosos y de ahí a resistentes. Si el modelo fuese cíclico, se acaba el acrónimo con la misma letra que se inicia. Por ejemplo, un modelo SIS indica que los individuos pueden pasar de ser susceptibles a ser infecciosos y de ahí a ser susceptibles de nuevo. El modelo para utilizar dependerá de los agentes infecciosos por los que se transmita la enfermedad a modelizar, ya que varían de una enfermedad a otra. Por ejemplo, las enfermedades cuyos agentes infecciosos son virus, provocan que aquellos individuos que se recuperan de la enfermedad pasen a un estado de resistencia en el que, en principio, no pueden volver a ser infectados. Por lo tanto, serían estudiados mediante modelos SIR, SEIR, MSIR o MSEIR, según el caso y la complejidad del modelo.

Los modelos SIR fueron desarrollados por Kermack y McKendrick en 1927 (15,16) y han sido aplicados en diversos escenarios de epidemias. Estos modelos estiman el número teórico de personas susceptibles de enfermar (susceptibles), el número de enfermos (infectados) y el número de personas que ya no pueden transmitir la enfermedad (Recuperados o fallecidos), en una población a lo largo del tiempo (17).

Los supuestos básicos de los modelos SIR son: a. La población es homogénea y de tamaño fijo; b. En un momento dado, cada individuo sólo puede pertenecer a uno de los siguientes conjuntos: infectados, susceptibles o resistentes; c. La interacción entre los individuos es aleatoria, y; d. No hay intervención externa que cambie la tasa de contacto de la población (17). En estos modelos se asume que la población por estado (N) es constante y que el número de individuos susceptibles $S(t)$, infectados $I(t)$ y fallecidos $R(t)$ son variables dependientes del tiempo, de manera que:

$$S(t) = \frac{S(t)}{N}; i(t) = \frac{I(t)}{N}; r(t) = \frac{R(t)}{N}$$

Dado que el tamaño de la población es fijo, se puede reducir el sistema de ecuaciones a otro con dos ecuaciones, definiendo $r(t) = 1 - s(t) - i(t)$.

Los modelos se pueden establecer con indicadores previamente elaborados a partir del comportamiento del

microorganismo estudiado y de sucesos previamente establecidos (brotes anteriores), en los cuales es clave precisar la patogenicidad, la duración media de la enfermedad, las tasas de interacción, la probabilidad de contagio, la tasa de recuperación, su letalidad y mortalidad en poblaciones definidas, así como un R_0 (número básico de reproducción) y R_t (número de reemplazamiento).

En el análisis de epidemias, uno de los factores más importantes es si la enfermedad perdurara en la población durante un largo periodo de tiempo o si desaparecerá paulatinamente. Para estudiar si una enfermedad pasará a ser endémica definiremos varios indicadores. El R_0 es el número básico de reproducción, definido como el número medio de infecciones secundarias que ocurre cuando un individuo infeccioso (el paciente cero) es introducido en una población “naive” (completamente susceptible). Es decir, cuantos individuos va a infectar directamente el paciente cero. En general si $R_0 < 1$ la epidemia desaparecerá y si $R_0 > 1$ puede que estemos en un caso de endemia. Por otra parte, R_t es el número de reemplazamiento definido como el número medio de infecciones secundarias producidas por un agente infeccioso, introducido o producido al tiempo t , durante su periodo de infecciosidad. En este caso, R_t depende del tiempo, por lo que tratamos de averiguar si $R_t < 1$ para todo $t > 0$ (la epidemia desaparece), o si $R_t > 1$ para todo $t > 0$ (posible caso endémico). El número de contactos adecuados que realiza un individuo infeccioso se representa como $\sigma(t)$, aunque sean contactos con individuos a los que no puede infectar, introducido o producido al tiempo t durante su periodo de infecciosidad y por tanto, se cumple $Rt = \sigma(t)S(t)$. Al inicio de la epidemia en una población “naive” tenemos $R_0 = \sigma(0) = R_0(0)$ y como, para una población constante, sabemos que $S(t) \leq S(0) = 1$, obtenemos $R_0 \geq R_t$. Por lo tanto, basta con fijarse en el valor de R_0 para estudiar si una epidemia es o no endémica.

Desde el inicio de la pandemia de COVID-19, se han publicado diferentes modelos epidemiológicos en China (18), Japón (19) o Italia (20), entre otros países. Sin embargo, en la literatura no se han identificado modelos epidemiológicos de la pandemia en Colombia. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue desarrollar un modelo SIR pronóstico del comportamiento de la pandemia de COVID-19 en el territorio colombiano.

MATERIALES Y METODOS

Se utilizó un modelo SIR con enfoque determinístico para pronosticar el desarrollo de la pandemia de COVID-19 en Colombia. Los estados considerados fueron susceptibles (S), infecciosos (I) y fallecidos (R).

Fuente de datos

Los datos poblacionales se obtuvieron del Departamento Administrativo Nacional de Estadística (DANE) de Colombia, con una población total de 48 258 494 habitantes (21). Se definieron como unidad de análisis los casos de COVID-19 confirmados por el laboratorio del Instituto Nacional de Salud (INS), citados en los reportes diarios de su web (14). Se definió como unidad de análisis de tiempo a los días naturales y la información fue desagregada para cada fecha reportada. Los cálculos se realizaron con los programas Excel® versión 2008.

Preparación del modelo

Dado que uno de los supuestos del modelo es que no existe intervención externa que afecte la tasa de contacto, y debido a que en Colombia se aplicaron medidas de intervención, se procuró elaborar un modelo diferente con cinco supuestos a partir de diferentes R_0 de entre los propuestos en la literatura para COVID-19 (22). Se consideró como primera etapa al período comprendido entre el inicio de la epidemia en Colombia con el primer caso reportado (06 de marzo de 2020) hasta el día 14 tras el caso o (20 de marzo).

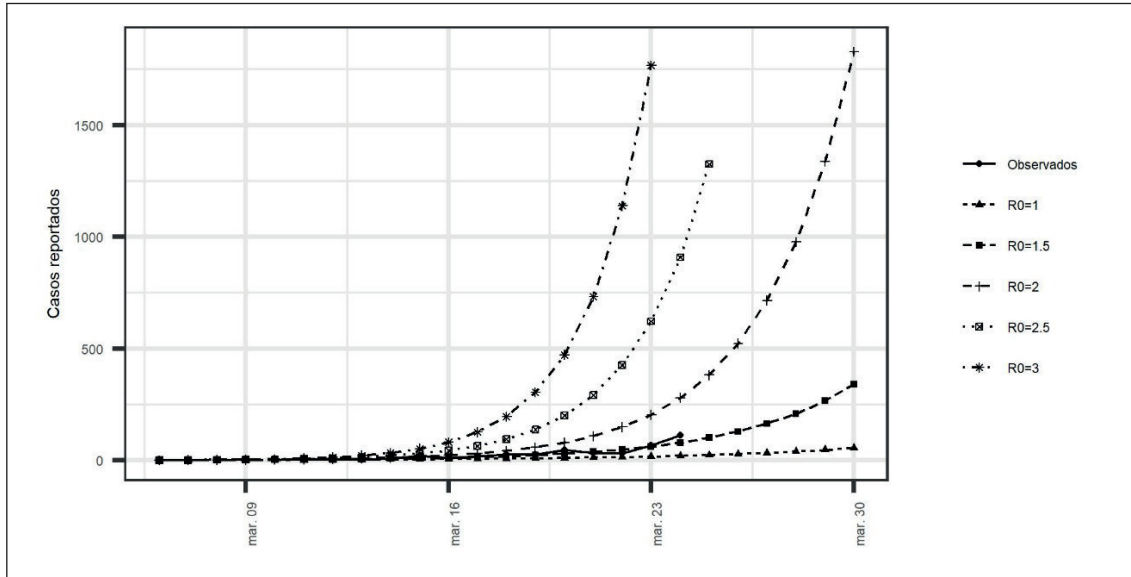
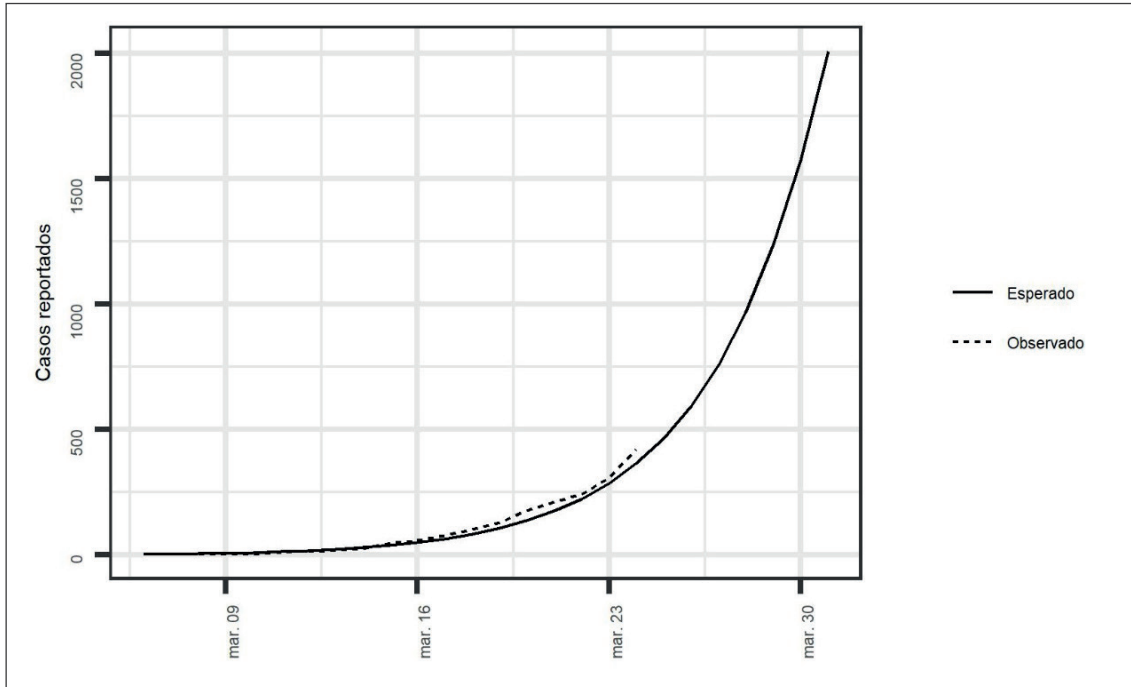
El comportamiento del número de infectados, al inicio, se estimó por medio de una función exponencial de la forma $f(t) = e^{\lambda t}$. El valor de λ , exponente de la función $I(t)$, se calculó para cada etapa y cada estado. Se numeraron los días de la epidemia, representados por la variable t , y se obtuvo el logaritmo natural del número de infectados confirmados correspondientes al número de día.

De esta manera, se realizó la linealización de la función exponencial y fue posible calcular la pendiente de la recta por medio de regresión lineal. Dicha pendiente corresponde al exponente λ y representa la tasa de crecimiento inicial del número de infectados.

Se construyó una propuesta de predicción de casos basados en inferencia a través de la ecuación logarítmica y de la regresión lineal, tomando como base los primeros 14 días de la pandemia en el territorio colombiano, los supuestos del modelo predictivo SIR (Tabla 1).

Tabla 1. Supuestos del modelo predictivo

Parámetros del modelo	Valores
Duración media de la enfermedad (días)	14
Tasa diaria de interacción	1,5
Probabilidad de contagio (%)	18,5
Tasa de recuperación (%)	2,2
Mortalidad (%)	1,32
Población total contagiada	34 709
Población total recuperada	197
Población total fallecida	118
Población no afectada	48 223 786

Figura 1. Casos diarios reportados y esperados según R_0 de la pandemia COVID-19 para Colombia**Figura 2.** Casos acumulados reportados y esperados de la pandemia COVID-19 en Colombia

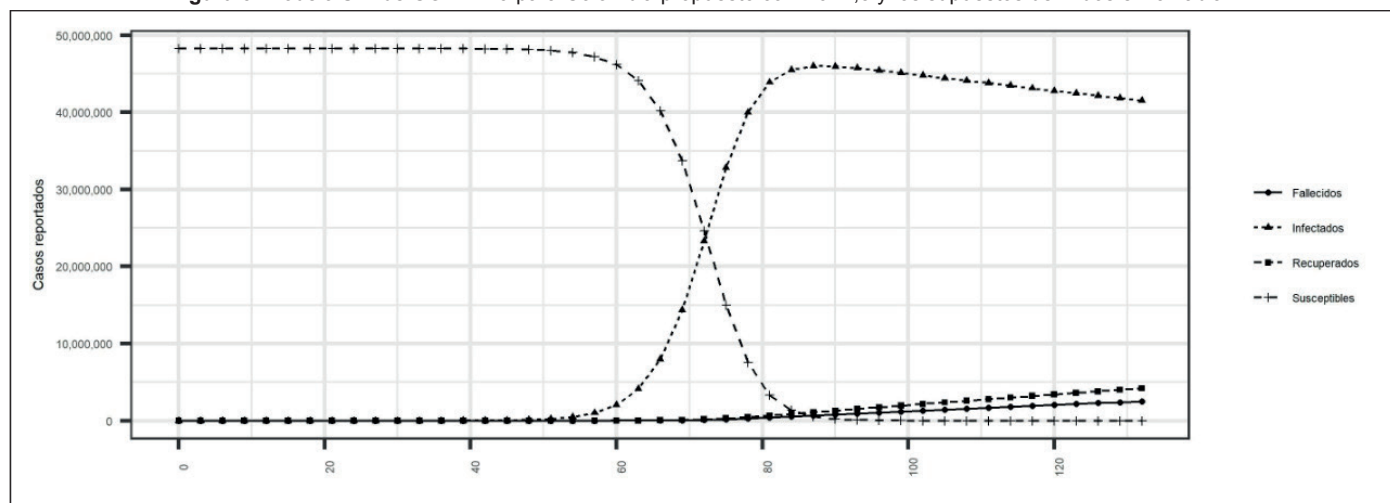
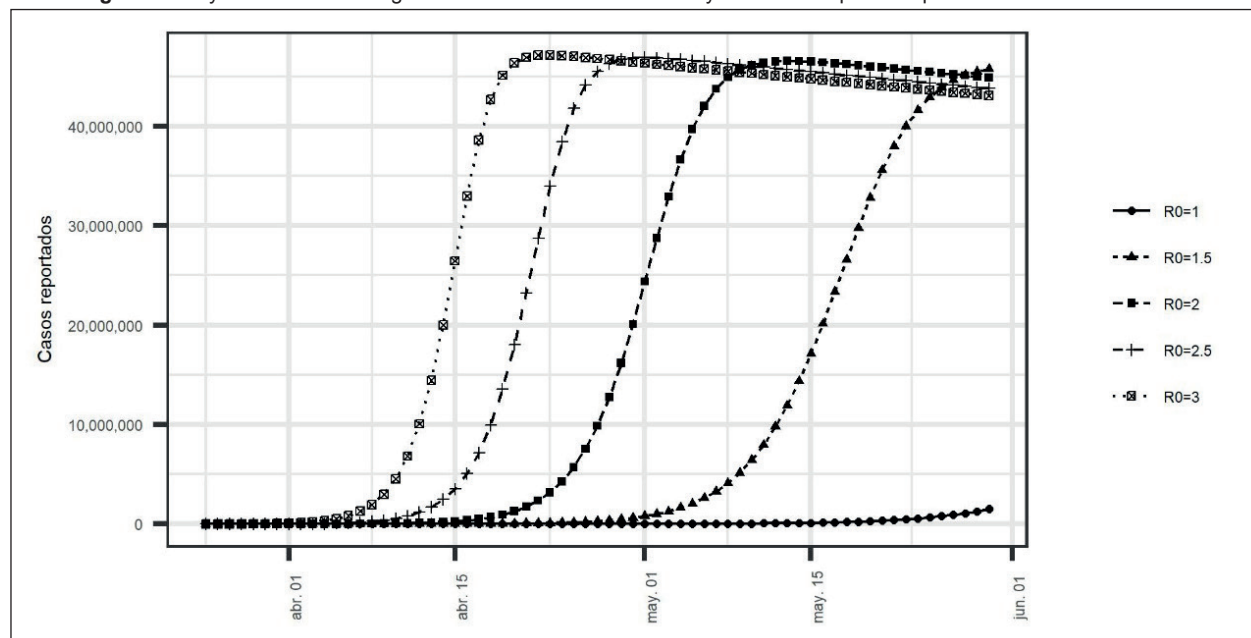
Diez días después, (24 de marzo), se probó el modelo previsto comparando los casos esperados versus los casos observados y se diseñó una serie de tiempo que permitía ver el modelo frente al comportamiento real de la epidemia en el territorio.

RESULTADOS

Se realizó un modelo SIR con cinco diferentes R_0 (1; 1,5; 2; 2,5 y 3). Como resultado, se observa que el mejor ajuste

de la presentación de casos en Colombia es para $R_0 = 1,5$ (Figura 1).

Cabe resaltar que esta conclusión no se puede comprobar de manera inferencial dado la poca información que hay, y los resultados que diera cualquier prueba de bondad de ajuste, como, por ejemplo, la Chi cuadrado entre otras, no generaría más información. En ese sentido, una vez definido que el modelo más ajustado al comportamiento de los casos al 24 de marzo de 2020 era la predicción para $R_0 = 1,5$. Se fijó el número de casos

Figura 3. Modelo SIR de COVID-19 para Colombia propuesto con $R_0=1,5$ y los supuestos definidos en la Tabla 1**Figura 4.** Proyecciones de contagios modelado hasta el 30 de mayo de 2020 esperados para COVID-19 en Colombia

esperado por día, y el acumulado, para las fechas 4, 18 y 30 de abril, y 30 de mayo, y se definió un pronóstico siguiendo la tendencia mostrada en la ecuación para un $R_0=1,5$ (Figuras 2, 3 y 4).

Ahora bien, si se mantiene las mismas condiciones del brote bajo los supuestos del modelo, podemos estimar en cuatro fechas los casos letales para Colombia (Tabla 2).

DISCUSIÓN

Los modelos predictivos de epidemias permiten a los gobiernos planificar y preparar acciones concretas de forma anticipada.

Pero el análisis de la dinámica de la pandemia no se reduce a los modelos de proyección. Es necesario considerar al menos tres aspectos: la estabilidad o mutación del virus, la susceptibilidad e inmunidad adquirida tras la infección y lo que se haga o se deje de hacer desde la sociedad (23). Se han detectado numerosas mutaciones del coronavirus desde su identificación, sin que se demuestre incremento en su virulencia. Se supone que la inmunidad de grupo adquirida tras la infección dura al menos un año y está en relación con la variabilidad del virus, como ocurre con la influenza (24).

En la experiencia mundial y en la pandemia actual, hay al menos tres tipos de respuestas o estrategias. La primera

Tabla 2. Estimativos del modelo para cuatro fechas futuras

Indicadores	Fechas			
	04/04	18/04	30/04	30/05
Días tras el inicio	31	45	57	87
Población total contagiada	8.804	696.664	20.287.994	48.258.347
Población total recuperada	37	2.977	107.523	2.115.109
Población total fallecida	22	1.786	64.514	1.269.065
Población no afectada	48.249.691	47.561.831	27.970.501	148
Máx. población infectada simultánea	8.744	691.901	20.115.957	46.555.821
Máx. contagios diarios	2.366	185.761	3.968.205	4.429.451
Máx. recuperaciones diarias	10	797	25.439	73.159
Máx. fallecimientos	6	478	15.263	43.895

es, no responder, la segunda es la estrategia de mitigación y la tercera es la estrategia de supresión. La estrategia de no hacer fue utilizada por países como Estados Unidos, Reino Unido, Suiza y Países Bajos. Esta estrategia se basa en la inmunidad de grupo: el brote epidémico se da sin ningún obstáculo y una parte significativa de la población adquiere inmunidad, pero los efectos negativos son enormes en morbilidad, mortalidad y en los aspectos sociales y culturales. Esta estrategia fue abandonada en pocos días y los países adoptaron la estrategia de mitigación sumándose a la experiencia de España y Francia.

La estrategia de mitigación parte de que el coronavirus puede ser prevenido sólo parcialmente. Por tanto, apunta a reducir el pico de infecciones (aplanar la curva), la hospitalización y la mortalidad. Incluye un conjunto diverso de medidas que son aplicadas por los países según sus capacidades y conveniencias: declaración de estado de emergencia o alarma, aislamiento obligatorio de personas de 60 años o más, pruebas diagnósticas a sintomáticos o casos probables, filtros sanitarios de viajeros nacionales o del exterior, cuarentena de sintomáticos y positivos, cierre parcial o total de fronteras, cierre de colegios y universidades, cierre de bares, bibliotecas, cines, teatros, estadios y similares, suspensión de eventos deportivos y similares, control de bodas y funerales, aislamiento y distanciamiento social obligatorio con excepciones que incluyen ir a trabajar, medidas diversas de alivio económico y el transporte público sigue funcionando. En esta estrategia se intenta equilibrar o encontrar un punto entre la vida y la salud individual y colectiva, la capacidad de respuesta del sistema de salud, y la afectación de la economía y la vida social.

La estrategia de supresión parte de que es posible controlar la epidemia y utiliza todos los aspectos mencionados en la estrategia de mitigación de manera dura o extrema, en especial el diagnóstico masivo y el seguimiento efectivo, el aislamiento social, la suspensión del transporte público y privado, y la clausura de la producción y los mercados. Esta estrategia conduce a un cierre o bloqueo económico y social de varios meses, que requiere una sólida economía, un Estado fuerte y una sociedad sin

grandes fisuras políticas. Los mejores ejemplos de esta estrategia han sido China (25), Corea del Sur y Singapur (26). Pero en Corea se puso el énfasis en la detección masiva, el seguimiento y aislamiento de los casos positivos, sin apelar a la cuarentena social.

Hasta ahora se ha encontrado que esta estrategia es muy efectiva a corto plazo y por ello la población puede recuperar progresivamente su vida económica y social. Pero a mediano y largo plazo, a medida que se reduce el distanciamiento social, se retorna a altas tasas de contagio, hospitalización y mortalidad. En realidad, esta estrategia pospone los efectos más dañinos de la epidemia.

Ambas estrategias tienen como supuesto que en 12 a 18 meses se encontrará un tratamiento efectivo o una vacuna.

La OMS ha definido que la pandemia de COVID-19 tiene 4 fases: i. Fase de importación de casos; ii. Fase de contención de la pandemia; iii. Fase de contagio comunitario; y; iv. Fase de transmisión sostenida. Colombia se encuentra en la fase de importación de casos, pero al mismo tiempo ha abordado de forma temprana la contención con políticas como cierres de puertos, universidades y colegios, cuarentena para migrantes y aislamiento social, dirigidas a reducir las tasas de contacto en la población y por lo tanto reducir la transmisión del virus (23). Según el modelo planteado atrás, la fase de contagio comunitario podría ocurrir entre la primera y segunda semana de abril. La fase de transmisión sostenida podría darse en los meses de abril y mayo del 2020. Es claro que la respuesta en Colombia corresponde a la estrategia de mitigación.

Basados en estos supuestos, se debería continuar con las medidas de mitigación comentadas, pero es indispensable fortalecer el diagnóstico y seguimiento para evaluar de manera adecuada la primera etapa de aislamiento social y determinar si es posible retornar progresivamente a algunas condiciones de normalidad de la vida social. Esto no excluye las medidas de cuarentena de positivos y el aislamiento social selectivo, entre otras medidas.

Por otro lado, las medidas de mitigación tienen como fin disminuir la velocidad de la propagación de la infección mediante un diagnóstico temprano a través de ta-

mización de pruebas rápidas o montaje de laboratorios regionales que permitan aproximar tempranamente el número de casos y anticiparse a la transmisión sostenida hasta tener una vacuna o medicamento efectivo para erradicar el virus.

Un modelo reciente realizado con datos de la pandemia en China, encontró que por cada caso confirmado de coronavirus hubo 12 casos no detectados (25), es posible que el reporte de casos confirmados por el INS no sea tan fiable y que el modelo deba ajustarse a estos supuestos. Sin embargo, la estrategia de anticiparse al diagnóstico con pruebas rápidas y masivas puede llevar a reorganizar los datos y proponer una mejor alternativa, como ha ocurrido en otros países (27).

Tomar medidas como restringir la migración de la población en Colombia y fortalecer las medidas de cuarentena para los inmigrantes puede reducir en gran medida el riesgo de una propagación continua de la epidemia (28). Mantener la mortalidad lo más baja posible será la máxima prioridad para las personas. Además, los gobiernos deben establecer medidas para mejorar la inevitable recesión económica (29).

En la presente investigación, el comportamiento en la velocidad de propagación observada mediante $R_0 = 1,5$ podría estar relacionado con la fase en la que se encuentra el brote en el país. El 56,6% de los casos son importados, 34,7% son contactos de estos, y hasta la fecha no se ha reportado transmisión comunitaria. Los casos notificados fueron contenidos y vigilados por las autoridades colombianas, limitando el número de contactos estrechos y disminuyendo la tasa de contagio. Las medidas de prevención y control de epidemias adoptadas en Colombia se basan en las experiencias previas en otros países (30) y han mostrado efectos muy significativos, frenando efectivamente la propagación de la epidemia de COVID-19, pero deben seguir realizándose esfuerzos para contener la expansión de la pandemia.

Además, es importante mencionar que los casos reportados fueron contenidos y vigilados por las autoridades colombianas, limitando el número de contactos estrechos, disminuyendo la tasa de contagio por consiguiente se ha retrasado el inicio de la transmisión comunitaria, donde la velocidad de contagio aumenta (31). En la misma vía de limitar la población susceptible dentro de la cadena de transmisión, el país tomó decisiones tempranas al momento del diagnóstico del primer caso importado como: el cierre de centros educativos nueve días después, el confinamiento voluntario, el confinamiento obligatorio 14 días y 18 días después del respectivamente.

Otro aspecto que puede estar afectando la detección de casos es la subestimación de casos, derivada de sesgos al-

rededor del proceso diagnóstico y de vigilancia epidemiológica, debido a los criterios de selección de sujetos para la prueba diagnóstica. El criterio de selección para el diagnóstico se encuentra limitado a personas que llegaron de países con brote y a sus contactos estrechos, lo que puede ocasionar sesgos en la detección o de acceso a la atención sanitaria (acceso a la prueba diagnóstica), por no cumplir el criterio de vigilancia. El criterio de selección para la prueba puede hacer que los casos diagnosticados no representen a la población que reside en el territorio, sino a la procedente del exterior. En la misma vía de estos sesgos por criterios de selección para la prueba, se encuentra el requerimiento de la presencia de síntomas en el sujeto, dejando por fuera a los infectados en periodo de latencia y a los que cursan con cuadro clínico asintomático.

El párrafo anterior pone en evidencia que los posibles casos comunitarios y los casos asintomáticos de COVID-19, no tuvieron el chance de ser diagnosticados, por ende, esta población no ha sido tomada en cuenta en el R_0 observado. Finalmente, es posible también la ocurrencia del sesgo de clasificación errónea, derivada de falsos negativos en la prueba diagnóstica, causando subestimación de casos.

No hay otros modelos publicados en Colombia, pero se podría comparar con los modelos citados en la introducción realizados en China (18), Japón (19) (modelos estocásticos) o Italia (20) (predicción espacio-temporal) que además utilizan métodos distintos. Inclusive, se puede pensar en utilizar modelos dinámicos de tipo Poisson, los cuales son modelos bayesianos y tienen la ventaja que no están limitados por el número de datos (32).

Por ejemplo, en un estudio que comparaba la curva epidemiológica en Italia y China (20) se concluyó que el R_0 para COVID-19 era 4,10 (IC 95%: 2,15 a 6,77) en Italia y 3,15 (IC 95%: 1,71 a 5,21) en Hunan, muy elevados para el establecido en este estudio en Colombia ($R_0 = 2$). Por otra parte, se debe mencionar que, debido a que inicialmente existen pocos individuos infectados en Colombia, el efecto de la fracción de recuperados en un día (a) al inicio no es notorio y por eso $f(t) = e^{-\lambda t}$ aproxima bien el número de infectados en ese momento.

A pesar de las limitaciones anteriores, los resultados de este estudio son relevantes y de interés, ya que los modelos logísticos y SIR realizados a medida que avanza la epidemia son claves para evaluar la efectividad de las políticas y medidas adoptadas para contener el contagio de la enfermedad y garantizar una atención hospitalaria adecuada, de tal manera que, a medida que los pronósticos diarios del tamaño de la epidemia comienzan a converger, puede considerarse que el brote está bajo control. Sin embargo, cualquier desviación sistemática de la curva de pronóstico puede indicar que la epidemia está escapando al control (33) ■

Agradecimientos: A Fred G. Manrique Abril, Víctor M. González Chordá y Oscar Gutiérrez-Lesmes, que diseñaron el estudio y tuvieron acceso a todos los datos del estudio y asumieron la responsabilidad de la integridad y a la precisión del análisis de datos. Carlos Agudelo, Cristian Téllez y Giomar Herrera contribuyeron a la redacción del informe. Carlos Agudelo aportó a la revisión crítica del informe. Fred Manrique Abril, Oscar Gutiérrez, Cristian Téllez aportaron al análisis estadístico. Todos los autores contribuyeron a la adquisición de datos, análisis de datos e interpretación de datos, de igual manera revisaron la aprobación de la versión final.

REFERENCIAS

- Li Q, Guan X, Wu P, et al. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected pneumonia. *N Engl J Med*. [Internet] 2020; Citado 25 de marzo de 2020; 382:1199-1207. Disponible en: <https://bit.ly/39spYE3>.
- Lu R, Zhao X, Li J, et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *Lancet* [Internet]; 2020; Citado el 25 de marzo de 2020; 395:565-574. Disponible en: <https://bit.ly/3bNqTAL>.
- Zhu N, Zhang D, Wang W, et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* [Internet] 2020; Citado el 25 de marzo de 2020; 382:727-733. Disponible en: <https://bit.ly/39uR9yc>.
- GUAN, Wei-jie, et al. Clinical characteristics of coronavirus disease 2019 in China. *N Engl J Med*. [Internet] 2020. Citado el 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2JpRuHI>.
- Wu, JT, Leung, K., Bushman, M. et al. Estimating clinical severity of COVID-19 from the transmission dynamics in Wuhan, China. *Nat Med* [Internet]. 2020. Citado el 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2R0IQoB>.
- Coronavirus (COVID-19) events as they happen [Internet]. World Health Organization. Citado el 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/3bECmCn>.
- Surveillances, Vital. The Epidemiological Characteristics of an Outbreak of 2019 Novel Coronavirus Diseases (COVID-19)—China. *China CDC Weekly* [Internet]. 2020. Citado el 25 de marzo de 2020. 2,8,113-122. Disponible: <https://bit.ly/2WV3JUA>.
- Rothe C, Schunk M, Sothmann P, et al. Transmission of 2019-nCoV infection from an asymptomatic contact in Germany. *N Engl J Med* [Internet]. 2020. Citado el 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2WUmZBy>.
- Phan LT, Nguyen TV, Luong QC, et al. Importation and human-to-human transmission of a novel coronavirus in Vietnam. *N Engl J Med* [Internet]. 2020. Citado el 25 de marzo de 2020. 382,9,872-874. Disponible en: <https://bit.ly/39tmlxJ>.
- Coronavirus disease (COVID-19) outbreak [Internet] World Health Organization. Citado el 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://www.who.int>.
- National Health Commission of the People's Republic of China [Internet] home page. Citado el 25 de marzo de 2020. Disponible en: <http://en.nhc.gov.cn/>.
- COVID-19 Situation [Internet]. World Health Organization. Citado el 25 de marzo de 2020. Disponible en <https://bit.ly/39un8i3>.
- Coronavirus disease 2019 (COVID-19). Situation Report – 65 [Internet]. World Health Organization. Citado el 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/3auTava>.
- Instituto Nacional de Salud de Colombia [Internet] Coronavirus (COVID-19) en Colombia. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2UNnOtI>.
- Mikler AR, Venkatachalam S, Abbas K. Modeling infectious diseases using global stochastic cellular automata. *J Biol Syst*. [Internet]. 2005. Citado 25 de marzo de 2020; 13(4):421–39. Disponible en: <https://bit.ly/2wFIETE>.
- Velasco-Hernandez JX, Leite MC. A model for the A(H1N1) epidemic in Mexico, including social isolation. *Salud Pública Mex* [Internet]. 2011. Citado 25 de marzo de 2020; 53(1):40–7. Disponible en: <https://bit.ly/2Jngbo3>.
- Heesterbeek JA. A brief history of R_0 and a recipe for its calculation. *Acta Biotheor* [Internet]. 2002. Citado 25 de marzo; 50(3):189–204. Disponible en: <https://bit.ly/2QYw4Wt>.
- Peng L, Yang W, Zhang D, et al. Epidemic analysis of COVID-19 in China by dynamical modeling. *arXiv preprint arXiv* [Internet]. 2002. Citado 25 de marzo de 2020. 06563. Disponible en: <https://arxiv.org/abs/2002.06563>.
- Giuliani D, Dickson MM, Espa G, et al. Modelling and predicting the spread of Coronavirus (COVID-19) infection in NUTS-3 Italian regions. *arXiv preprint arXiv* [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. 2003.06664. Disponible en: <https://arxiv.org/abs/2003.06664>.
- Jia W, Han K, Song Y, et al. Extended SIR prediction of the epidemics trend of COVID-19 in Italy and compared with Hunan, China. *medRxiv* [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2ycRHeW>.
- Departamento Administrativo Nacional de Estadística de Colombia [Internet] Citado 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2w3uFqm>.
- Liu Y, Gayle AA, Wilder-Smith A, et al. The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus. *Journal of travel medicine* [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/jtm/taaa021>.
- Ferguson NM, Laydon D, Nedjati-Gilani G, et al. Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand. London: Imperial College COVID-19 Response Team [Internet]. 2020. Citado el 25 de marzo de 2020. Vol. 16. Disponible en: <https://bit.ly/2vZooMI>.
- Hubert T. Coronavirus: El Martillo y la Danza. *Medium* [Internet] 2020. Acceso 29 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2Jp62Y3>.
- Li R, Pei S, Chen B, Song Y, Zhang T, Yang W, et al. Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV2). *Science* [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2vXQirV>.
- Vernon V, Calvin J, Chiew C, et al. Interrupting transmission of COVID-19: lessons from containment efforts in Singapore. *Journal of Travel Medicine*. [Internet]. 2020. Acceso 29 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2vXQirV>.
- BBC. Coronavirus: la exitosa estrategia de Corea del Sur para salvar vidas en medio de la pandemia del covid-19. [Internet] Citado 25 de Marzo de 2020. Disponible en: <https://bbc.in/39qzeIN>.
- Hu JX, He GH, Liu T, et al. Risk assessment of exported risk of novel coronavirus pneumonia from Hubei Province. *Chinese journal of preventive medicine*. [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. 54, E017. Disponible en: <https://bit.ly/33WrRrk>.
- Anderson RM, Heesterbeek H, Klinkenberg D. How will country-based mitigation measures influence the course of the COVID-19 epidemic?. *The Lancet* [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. 395,10228, 931-4. Disponible en: <https://bit.ly/3dzG4iB30>.
- Zhu ZB, Zhong CK, Zhang KX, et al. Epidemic trend of corona virus disease 2019 (COVID-19) in mainland China. *Chinese journal of preventive medicine* [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. 54, E022. Disponible en: <https://bit.ly/3bA14E0>.
- Shim E, Tariq A, Choi W, et al. Transmission potential and severity of COVID-19 in South Korea. *International Journal of Infectious Diseases* [Internet]. 2020. Consultado 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/3bu2yj8>.

32. Kucharski AJ, Russell TW, Diamond C. Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study. *The Lancet Infectious Diseases* [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2wNlv1w>.
33. Batista M. Estimation of the final size of the second phase of coronavirus epidemic by the logistic model. *MedRxiv*. [Internet]. 2020. Citado 25 de marzo de 2020. Consultado en: <https://bit.ly/2JonTOV>.