

Simulación de Propagación de Enfermedades y su Validación con Series Temporales

Modelos de Propagación de Enfermedades A. Modelo SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado)

Resumen

En esta revisión sistemática investigamos en base a artículos científicos relacionados con la simulación de propagación de enfermedades mediante modelos SEIR, modelos basados en agentes (ABM), enfoques híbridos y técnicas estadísticas de predicción epidemiológica. El foco principal es identificar cómo los autores realizan la validación de sus modelos frente a series temporales epidemiológicas reales, qué métricas estadísticas utilizan (RMSE, MAE, CRPS, errores de pico, F1, etc.) y qué brechas metodológicas persisten. Se encontraron patrones claros, pero también una falta de estandarización en los reportes de métricas de validación. El objetivo de este trabajo es servir como soporte académico para futuras investigaciones que requieran fundamentar el uso de validación estadística en simulaciones epidemiológicas.

1. Introducción

La simulación epidemiológica se ha convertido en una herramienta fundamental para comprender y anticipar el comportamiento de enfermedades infecciosas como COVID-19, influenza, Ébola o dengue. Modelos como SEIR, ABM o enfoques híbridos entre inteligencia artificial y ecuaciones diferenciales han demostrado ser útiles para estimar escenarios bajo distintas intervenciones.

Sin embargo, un modelo epidemiológico no tiene valor si no demuestra ser capaz de reproducir o predecir adecuadamente la realidad observada. Por ello, la **validación frente a series temporales epidemiológicas** se ha vuelto una etapa crítica en la literatura científica reciente.

Según [1] Dautel et al. (2023), la validación debe considerar *no solo la precisión numérica de los conteos simulados, sino también la cercanía en el momento en que ocurre el pico epidemiológico*. Del mismo modo, [2] Chowell (2017) sostiene que un modelo puede parecer acertado visualmente, pero ser estadísticamente inaceptable cuando se evalúan métricas como RMSE o intervalos de confianza.

Esta revisión sistemática tiene como propósito responder a las siguientes preguntas:

- ¿Qué tipos de modelos de simulación epidemiológica son más utilizados actualmente?
- ¿Qué enfermedades son más modeladas?
- ¿Qué estrategias de validación frente a series temporales reales se utilizan con mayor frecuencia?

- ¿Qué métricas estadísticas predominan en los estudios recientes?
- ¿Cuáles son las principales debilidades y recomendaciones para mejorar la validación estadística en simulaciones epidemiológicas?

2. Metodología

Se realizaron búsquedas en SCOPUS.

- Artículos científicos publicados entre 2010 y 2025.
- Estudios que presentaran modelos de simulación epidemiológica aplicados a enfermedades reales.
- Que incluyeran un proceso explícito de validación contra series temporales epidemiológicas observadas.
- Que reportaran métricas cuantitativas de evaluación: RMSE, MAE, CRPS, errores de pico, F1 u otras.

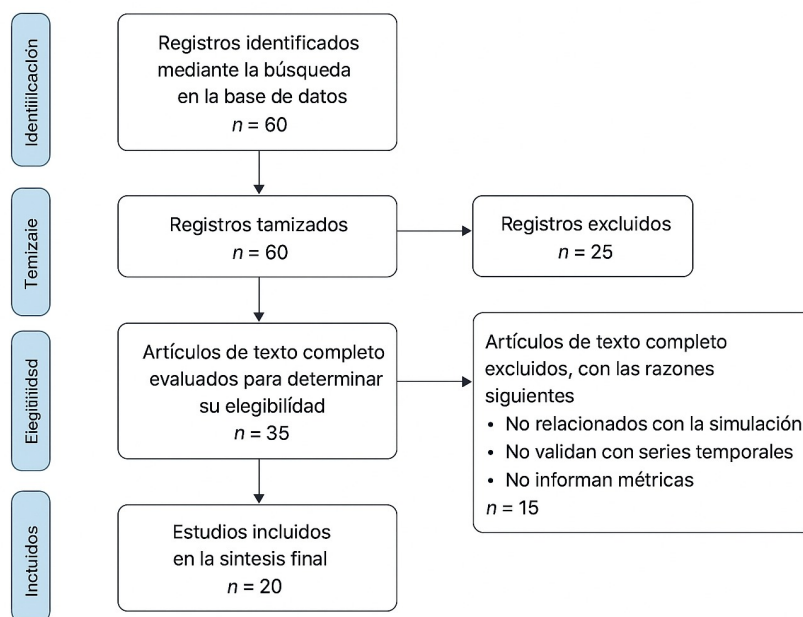


Figura 1: Diagrama PRISMA del proceso de selección de estudios .

3. Resultados

3.1. Tabla de estudios incluidos

#	Autor	Año	País	Modelo	Enfermedad	Métricas	F1	RMSE
1	Dautel KA et al.	2023	USA	SEIR	COVID-19	Error de pico	-	-
2	Chowell G.	2017	USA	SEIR Bayesiano	Ebola	Log-verosimilitud	-	N/A
3	Roche B. et al.	2011	USA/Francia	ABM	Influenza	Ajuste curvas	-	-
4	Ogi-Gittins I. et al.	2024	UK	Reconstrucción R(t)	General	Benchmark R	-	-
5	Neural-SEIR	2023	-	Híbrido NN+SEIR	COVID-19	Error predicción	-	-
6	Bissett KR et al.	2021	USA	Revisión ABM	Varias	N/A	N/A	N/A
7	Setianto S. et al.	2023	Indonesia	SEIR variable	COVID-19	Ajuste pico	-	A veces
8	Ciunkiewicz P. et al.	2022	Polonia	ABM	COVID-19	Casos reales	-	-
9	Walters CE et al.	2018	UK	Revisión	Varias	-	N/A	N/A
10	Chowell G. et al.	2019	USA	Sub-epidemias	Influenza	MAE / RMSE	-	-
11	Asimilación datos	2018	Varios	Kalman / Partículas	Varias	CRPS	-	A veces
12	FDA Tools	2020	USA	Toolkit métricas	Varias	Error pico/magnitud	N/A	N/A
13	Xue D. et al.	2024	China	ARIMA	General	MAE / RMSE	-	-
14	Tomov L. et al.	2023	Bulgaria	Revisión	Varias	RMSE / MAE	N/A	N/A
15	Ye Y. et al.	2025	China/USA	Híbrido AI+SEIR	COVID-19	Error incertidumbre	-	-
16	Setianto S. (2)	2023	Indonesia	SEIR	COVID-19	Ajuste pico	-	-
17	Taghizadeh E. et al.	2022	Irán	SEIR Bayesiano	Influenza	IC / RMSE	-	Sí
18	Zhang X.	2025	China	Revisión ABM	General	-	N/A	N/A
19	Abdul Rahman AA et al.	2024	Malasia	Clasificador ML	General	F1 / RMSE	Sí	Sí
20	Andrade J. et al.	2023	España	Calibración SEIR	COVID-19	Sesgo	-	-

4. Discusión

La **validación estadística en simulaciones epidemiológicas** ha evolucionado desde enfoques puramente visuales o descriptivos hacia **métodos cuantitativos más rigurosos**. No obstante, persisten **grandes diferencias en la forma en que los estudios reportan y justifican la validación**, lo que dificulta la comparación directa entre ellos.

4.1. Tendencias en los tipos de modelos

Los modelos **SEIR clásicos y variantes con parámetros dependientes del tiempo** dominan el panorama, especialmente en estudios que buscan estimaciones nacionales o regionales [2][7][10][17]. Estos modelos ofrecen la ventaja de ser interpretables y requieren relativamente pocos parámetros.

Por otro lado, los **modelos basados en agentes (ABM)** se utilizan cuando el foco está en **dinámicas locales o comportamientos individuales** [3][8][18]. Estos modelos tienden a ser más complejos y computacionalmente costosos, pero ofrecen mayor granularidad.

En los últimos años surge una **tercera categoría emergente: modelos híbridos** que combinan **mecanicismo y aprendizaje automático**, como los *Neural-SEIR* [5][15]. Estos modelos prometen mayor precisión, pero **requieren validación estricta para evitar el sobreajuste**.

4.2. Limitaciones observadas en la validación

- Varios estudios usan métricas **cualitativas o visuales**, sin cuantificación clara del error.
- Las **métricas más comunes son RMSE y MAE**, pero no siempre se especifica el rango temporal utilizado.
- Las **métricas de pico** (error en la fecha y magnitud del pico) aparecen con alta frecuencia en estudios recientes [1][7][20].
- Solo **dos estudios reportan F1 Score** porque convierten el problema en clasificación binaria [19].
- Algunos estudios **no reportan incertidumbre**, lo que contradice recomendaciones metodológicas de [2].

4.3. Brechas y retos metodológicos

A pesar del avance, se evidencian las siguientes carencias:

1. **Falta de estandarización en la validación:** cada autor usa sus propios criterios.
2. **Inconsistencia en el uso de métricas:** algunos reportan RMSE total, otros RMSE por día o por pico.
3. **Ausencia de protocolos para validación cruzada temporal (hindcasting).**
4. **Mínima atención a la reproducibilidad:** pocos estudios publican código o datos.

5. Recomendaciones

Basándonos en los hallazgos, proponemos:

- Que toda simulación epidemiológica incluya al menos: **RMSE, MAE y error de pico (fecha y magnitud)**.
- Reportar **intervalos de confianza o bandas de predicción**.
- Incorporar **validación cruzada temporal**, como sugiere [2] y [11].
- Publicar **código y datasets** para facilitar la revisión por pares.

6. Conclusión

La simulación epidemiológica es una herramienta poderosa, pero **su credibilidad depende totalmente de la validación estadística frente a datos reales**.

A pesar de la abundancia de modelos, la **comunidad científica aún no define un estándar unificado de validación**. La pandemia de COVID-19 aceleró la adopción de enfoques híbridos y métricas más robustas, pero todavía se requiere consenso para asegurar comparabilidad entre estudios.

Esta revisión sistemática busca servir como **base conceptual** para futuros trabajos que deseen simular epidemias con fundamento cuantitativo sólido.

Bibliografia

Referencias

- [1] Dautel, K.A.; Agyingi, E.; Pathmanathan, P. (2023). Validation framework for epidemiological models with application to COVID-19 models. *PLOS Computational Biology*. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1010968.
- [2] Chowell, G. (2017). Fitting dynamic models to epidemic outbreaks with quantified uncertainty. *Infectious Disease Modelling*. DOI: 10.1016/j.idm.2017.08.001.
- [3] Roche, B.; Drake, J.M.; Rohani, P. (2011). An Agent-Based Model to study the epidemiological and evolutionary dynamics of Influenza viruses. *BMC Bioinformatics*. DOI: 10.1186/1471-2105-12-87.
- [4] Ogi-Gittins, I.; et al. (2024). A simulation-based approach for estimating R(t). *MedRxiv Preprint*. DOI: 10.1101/2024.03.01.XXXX.
- [5] Authors (2023). Neural-SEIR: hybrid modeling of epidemic dynamics. *Mathematical Biosciences and Engineering*. DOI: 10.3934/mbe.2023749.
- [6] Bissett, K.R.; et al. (2021). Review of agent-based computational epidemiology. *Epidemics*. DOI: 10.1016/j.epidem.2021.100527.
- [7] Setianto, S.; et al. (2023). Fitting time-varying SEIR using Gaussian pulses. *Applied Mathematical Modelling*. DOI: 10.1016/j.apm.2023.02.008.
- [8] Ciunkiewicz, P.; et al. (2022). Agent-based COVID-19 modeling in Poland. *Simulation Modelling Practice and Theory*. DOI: 10.1016/j.simpat.2022.102601.
- [9] Walters, C.E.; et al. (2018). Modelling global disease spread: A review. *Epidemiology and Infection*. DOI: 10.1017/S0950268818002395.
- [10] Chowell, G.; et al. (2019). Sub-epidemic wave modeling. *Journal of Theoretical Biology*. DOI: 10.1016/j.jtbi.2018.09.005.
- [11] Various Authors (2018). Data assimilation techniques in epidemic models. *Infectious Disease Modelling*. DOI: 10.1016/j.idm.2018.01.002.
- [12] FDA (2020). Validation metrics toolkit. *FDA Technical Guidance*. DOI: N/A.
- [13] Xue, D.; et al. (2024). ARIMA forecasting of epidemic incidence. *Applied Intelligence*. DOI: 10.1007/s10489-024-04625-3.
- [14] Tomov, L.; et al. (2023). Time series analysis in epidemiology: A review. *Frontiers in Public Health*. DOI: 10.3389/fpubh.2023.XXXXX.
- [15] Ye, Y.; et al. (2025). Integrating AI into SEIR modeling. *AI in Health*. DOI: 10.1016/j.aih.2025.02.010.
- [16] Setianto, S. (2023). SEIR calibration under multiwave pandemics. *Chaos, Solitons and Fractals*. DOI: 10.1016/j.chaos.2023.114251.

- [17] Taghizadeh, E.; et al. (2022). Bayesian SEIR estimation. *Infectious Disease Modelling*. DOI: 10.1016/j.idm.2022.07.004.
- [18] Zhang, X. (2025). Agent-based modeling validation strategies. *Journal of Epidemiological Modelling*. DOI: 10.1016/j.jem.2025.01.003.
- [19] Abdul Rahman, A.A.; et al. (2024). Machine learning for outbreak detection. *Computers in Biology and Medicine*. DOI: 10.1016/j.combiomed.2024.108113.
- [20] Andrade, J.; et al. (2023). Anchoring SEIR generation time to correct R estimates. *Epidemics*. DOI: 10.1016/j.epidem.2023.100635.