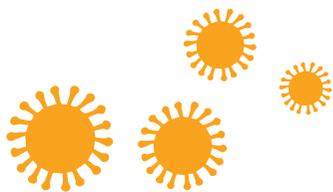
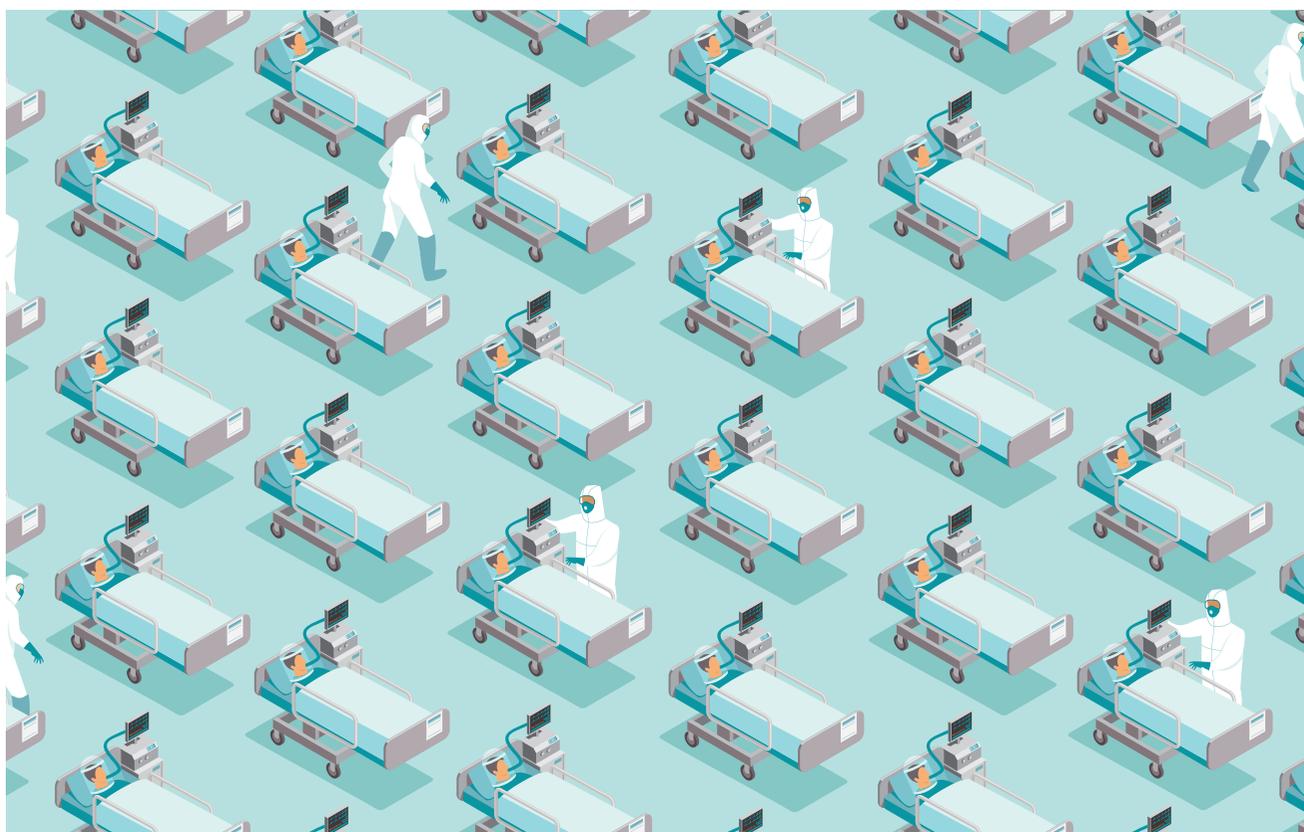


Marcos A. Capistrán, Antonio Capella y J. Andrés Christen



Modelos matemáticos predictivos y pronósticos de demanda hospitalaria por brotes epidémicos de COVID-19

El modelado de la pandemia de COVID-19 es un reto en distintas áreas: sanitarias y científicas. El desarrollo de modelos matemáticos debe estar basado en preguntas concretas que consideren explícitamente sus alcances, limitaciones y la incertidumbre asociada al fenómeno. Presentamos un modelo para hacer pronósticos probabilísticos de la presión hospitalaria con base en casos detectados y decesos.



Introducción

La COVID-19 es una infección zoonótica emergente que nos presenta un reto a largo plazo. En todo el mundo hay numerosos equipos de investigación que monitorean con cuidado el desarrollo de la respuesta inmune de los enfermos activos. No obstante, la comprensión de la comunidad científica especializada respecto a qué grupos de la población tienen un peor pronóstico en caso de contraer la COVID-19 cambia rápidamente.

Está bien establecido que hay un gran número de casos asintomáticos o con infección leve, mientras que el riesgo de padecer la forma grave de la enfermedad es más alto para las personas mayores y para aquellas con afecciones crónicas subyacentes (comorbilidades). La correlación del riesgo con la edad es una característica compartida con la epidemia del síndrome respiratorio agudo grave (SARS) de 2003 y podría deberse a que los jóvenes tienen una menor susceptibilidad a la infección, una menor probabilidad de presentar la enfermedad a pesar de estar infectados, o bien una combinación de ambas razones. Por otra parte, se sabe que, por su condición médica, las personas con hipertensión, obesidad o diabetes tienen un mayor riesgo de manifestar la forma grave de la COVID-19 y de fallecer. Todo lo anterior nos muestra que la pandemia causada por el virus SARS-CoV-2 es muy asimétrica; la carga viral, el grado de respuesta inmune y la duración de la inmunidad en los diversos tipos aparentes de infección han mostrado tener una alta complejidad y lo seguro sería decir que al respecto en este momento quedan más preguntas que respuestas.

Caracterizar al virus SARS-CoV-2, describir la dinámica y sintomatología de la enfermedad, encontrar tratamientos efectivos para minimizar la morbilidad, las secuelas o la mortalidad y, por supuesto, desarrollar una vacuna efectiva son retos científicos y médicos de enorme importancia, sin los cuales no se percibe una salida real de la crisis que estamos viviendo. En tanto, el aumento en la presión sobre los sistemas públicos de salud en la mayoría de los países, con el riesgo de saturación y desbordamiento de las instalaciones hospitalarias, puede acrecentar la mortalidad debido a la falta de una atención adecuada. Todo esto es un reto para los gobiernos y su capacidad logística, con enormes consecuencias sociales y humanas a corto plazo, en especial durante el primer brote de la pandemia. Asimismo, los demás actores de la sociedad tienen la responsabilidad de contribuir a atender este problema dentro de sus capacida-

des y ámbitos de acción. En este sentido, la comunidad científica tiene el ineludible compromiso de aportar su conocimiento y habilidades para proveer información nueva y herramientas útiles que permitan combatir la emergencia actual.

El desarrollo de modelos matemáticos para calcular algún parámetro relevante que permita caracterizar al virus SARS-CoV-2 o a la enfermedad COVID-19 y la generación de escenarios o predicciones con base científica respecto a la evolución del brote epidémico, representan dos de los aspectos para los cuales las ciencias, y en particular las matemáticas, disponen de herramientas adecuadas para contribuir a la atención del problema. El objetivo es hacer predicciones o **inferencias** científicamente sólidas de una realidad física que nos permitan tomar decisiones informadas. Por predicciones o inferencias científicamente sólidas debe entenderse el hacer pronósticos de algún fenómeno o cantidad de interés, con base en teorías científicas que describan los procesos generales subyacentes y las observaciones que representan el conocimiento adquirido por medio de mediciones. El desarrollo de los modelos matemáticos a usar debe estar guiado por preguntas que establezcan claramente sus alcances y limitaciones. Una vez cumplida su función, o ante la evidencia de pérdida de su efectividad, los modelos deben ser reconsiderados y superados.

Inferencia

El conjunto de métodos y técnicas que permiten inducir, a partir de la información empírica proporcionada por una muestra, cuál es el comportamiento de una determinada población con un riesgo de error medible en términos de probabilidad.



Los modelos matemáticos y los procesos de la ciencia predictiva

“Los modelos no deben ser presentados como una verdad científica [*per se*]” (Jewell y cols., 2020). En cambio, son herramientas que pretenden un propósito específico, como evaluar o pronosticar algún aspecto particular de un fenómeno bajo ciertas condiciones. Los modelos matemáticos son abstracciones de la realidad que representan el fenómeno físico de forma parcial. En la mayoría de los casos, los modelos matemáticos tienen parámetros que se deben calibrar para acercarlos al sistema concreto que se quiere describir; sin embargo, típicamente estos parámetros sólo se conocen de forma parcial, pueden variar en cada caso concreto y tienen asociada una incertidumbre inherente a los procesos de medición.

De manera ideal, los modelos deben desarrollarse de acuerdo con los procesos de la ciencia predictiva. Una vez definidas las preguntas con las cuales se genera un modelo, es necesario definir las cantidades de interés



para las cuales se construye el modelo. Especificar cuáles son las cantidades de interés es fundamental para la posterior verificación y validación del modelo. Cabe mencionar que un modelo puede ser perfectamente válido para simular algunos aspectos del fenómeno y al mismo tiempo puede ser inadecuado para otros. Antes de preguntarse sobre la validez de un modelo se debe especificar qué cantidades se desean pronosticar, predecir o inferir y bajo qué escenarios se planea hacer esa predicción. El desarrollo, la validación y la verificación de un modelo deben hacerse en torno a las cantidades de interés relevantes para responder a las preguntas planteadas.

Proceso de discretización

La aproximación de un objeto matemático definido en todo punto del tiempo o el espacio, por otro definido en un número finito de puntos.

Una vez desarrollado el modelo matemático, éste se implementará en algún sistema de cómputo. Esto añade a las aproximaciones del modelo matemático, las aproximaciones y los errores inherentes al **proceso de discretización** o aproximaciones matemáticas utilizadas. Sobre estas aproximaciones se debe llevar a cabo un proceso de verificación diseñado para detectar y controlar los errores que puedan poner en entredicho el cálculo de las cantidades de interés, además de identificar errores en la implementación del *software* creado para el modelo.

Después de la verificación teórica, se deben calibrar los parámetros del modelo. El objetivo es acercarse a la realidad física o al caso concreto que se desea simular. Algunos de estos parámetros se postulan a partir de la literatura existente o de experimentos independientes; otros deberán ser inferidos a partir de las mediciones hechas en el sistema concreto a modelar.

A este tipo de problemas se les conoce como problemas inversos; es decir, dadas ciertas mediciones del sistema se busca inferir los parámetros. Por lo general, los problemas inversos están “mal planteados” (en el sentido matemático del término), esto es, su solución no es única. Para resolverlos se deben hacer algunos supuestos a partir de contar con una mayor cantidad de datos del fenómeno o información de tipo metodológico, lo cual permita acercarse más al modelo a las observaciones. La teoría estadística de **inferencia bayesiana** ha demostrado ser muy útil y eficaz para resolver los problemas inversos y cuantificar la incertidumbre de las soluciones.

Por su parte, la validación es un proceso diseñado para construir confianza en las predicciones del modelo. Además, es necesario para verificar la legitimidad del modelo y la precisión de los pronósticos. Idealmente, se

deben considerar experimentos bien diseñados que permitan verificar la capacidad del modelo para reproducir los resultados del experimento. No obstante, por lo general, este proceso es complicado, ya que las cantidades de interés no siempre son accesibles a la observación directa. Para determinar si los experimentos invalidan la capacidad del modelo para predecir una cantidad en particular, el modelador debe tomar en cuenta tanto la tolerancia entre las predicciones y las observaciones como el impacto de éstas en las cantidades de interés y las preguntas que dieron lugar al desarrollo del modelo.

En todos los pasos anteriores el modelador tomó decisiones que deben examinarse a la luz de los procesos de verificación y validación. La revisión de los supuestos metodológicos y científicos con los que se validó el modelo, así como la verificación y validación, son fundamentales para evaluar sus alcances y limitaciones. Esto es uno de los productos básicos de los procesos de la ciencia predictiva que deben promoverse entre la comunidad científica. Sin embargo, es importante notar que un modelo no puede ser completamente verificado; únicamente se puede construir confianza sobre su capacidad predictiva o descartarse debido a su incapacidad de predecir las cantidades de interés o de contestar las preguntas planteadas.



La calibración de un modelo como problema inverso y la cuantificación de incertidumbre

Las herramientas computacionales que en la actualidad tenemos disponibles han dado un enorme empuje al paradigma bayesiano para resolver los problemas inversos. Una de las principales ventajas de este paradigma de inferencia consiste en su capacidad de entender y tomar en cuenta la incertidumbre, tanto en las mediciones como en las predicciones y otros resultados. Las cantidades que se desean inferir se modelan como variables aleatorias, las cuales se caracterizan por **distribuciones de probabilidad**. Estas últimas reflejan la incertidumbre sobre los parámetros, la cual proviene de distintas fuentes: lo que conocemos *a priori* de los parámetros que se quieren inferir, el ruido en las observaciones que se usan para la inferencia, los errores de modelación del modelo teórico y sus aproximaciones numéricas, entre otras. Las inferencias son siempre condicionales, tanto a los datos que tenemos como a los diferentes supuestos del modelo.

Inferencia bayesiana

Método de inferencia estadística basado en actualizar la probabilidad de una hipótesis usando nueva evidencia mediante el teorema de Bayes.

Distribuciones de probabilidad

Es la función matemática que asigna una probabilidad de ocurrencia a los diferentes posibles resultados de un experimento.



El modelo de alguna epidemia, como el que presentamos aquí, basado en la **ley de acción de masas** y a **tiempo continuo** mediante el empleo de ecuaciones diferenciales, tiene una diversidad de aspectos teóricos idealizados que, en el ejercicio de modelación, quedan como parámetros. Para algunos de estos parámetros contamos con suficiente información para dejarlos fijos en un valor (por ejemplo, el tiempo promedio de residencia para los individuos convalecientes fuera de la unidad de terapia intensiva). Sin embargo, para otros parámetros tal vez no contamos con información para fijarlos, o bien dependen en sí mismos de los datos específicos con los que en ese momento se cuenta. Es entonces cuando debemos inferir dichos parámetros con algún procedimiento estadístico.

La estadística bayesiana, como explicamos arriba, asume a los parámetros desconocidos como variables aleatorias y basa la inferencia en la distribución de probabilidad condicionada a los datos observados; esto se conoce como la distribución posterior. Comúnmente, el cálculo de dicha distribución posterior se hace mediante el teorema de Bayes. Sin embargo, para poder calcular las probabilidades de interés para obtener predicciones, es necesario implementar métodos de Montecarlo (en este caso, Markov Chain Monte Carlo o MCMC) para obtener una simulación **estocástica** de dicha distribución posterior y, a partir de ésta, establecer proyecciones del modelo. Las proyecciones del modelo son probabilísticas y esto es lo que cuantifica la incertidumbre en nuestra inferencia.

Para poder entender y cuantificar de manera creíble la incertidumbre en un proceso complejo de inferencia, es necesario construir un modelo matemático de la dinámica involucrada con componentes por primeros principios, fenomenológicos, etcétera. Construir confianza en el modelo, en el ámbito teórico, es fundamental pero no suficiente para hacer pronósticos en situaciones específicas. Para esto, se debe ir más allá y hacer un esfuerzo para entender y modelar el ambiente estocástico del fenómeno considerando la incertidumbre inherente y epistemológica (puede ser, por ejemplo, por falta de información) para hacer inferencias y predicciones de las cantidades de interés en cuestión. La estadística bayesiana provee una teoría para hacer inferencias en este escenario de fenómenos y modelos complejos. Sin manejar la incertidumbre de manera metodológicamente coherente no es posible hacer pronósticos creíbles y, en última instancia, entender el entorno.

La cuantificación de incertidumbre (UQ, por sus siglas en inglés), entendida en este sentido como la inferencia probabilística en los modelos complejos, vive necesariamente en la intersección de la teoría y la práctica de la modelación matemática, el análisis numérico, la estadística bayesiana y la simulación estocástica. Sin la unión consistente y experta de estas disciplinas, no es posible usar los modelos complejos en presencia de datos para producir predicciones (probabilísticas) confiables.



Un modelo para pronosticar la demanda hospitalaria

El modelo ama-1 se construyó con el objetivo de proveer pronósticos probabilísticos a mediano plazo (varias semanas) de la presión hospitalaria debida a la COVID-19. Esta presión hospitalaria se aterriza en la demanda de camas de hospital y de unidades de terapia intensiva (UTI) para soporte respiratorio o ventilación mecánica. Adicionalmente, el modelo es capaz de estimar la fecha del primer pico de mayor intensidad de la curva epidémica (acmé), siempre y cuando se mantengan constantes la tasa de contagio y la población efectiva que participa en la epidemia. Durante un brote epidémico como el de COVID-19, el seguimiento de las medidas de distanciamiento es desigual; una parte de la población reduce a tal grado sus contactos que la probabilidad de infectarse es esencialmente cero y, por lo tanto, no participa de forma

Ley de acción de masas

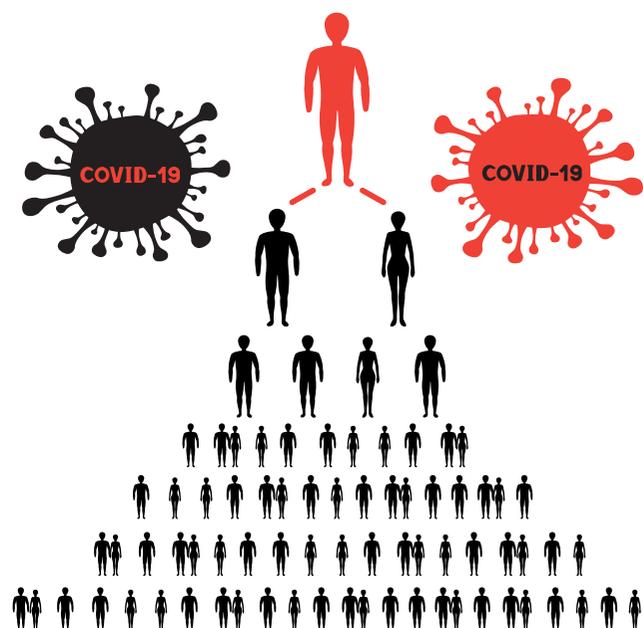
Base de los modelos epidemiológicos de cajas. Dice que la tasa a la cual una enfermedad se propaga es proporcional al número de individuos susceptibles por el número de individuos infecciosos. Esta misma idea es usada en los modelos de reacciones químicas.

Tiempo continuo

Que tiene un valor en cualquier instante de tiempo. Métodos de Montecarlo: método computacional para la solución aproximada de problemas matemáticos, basado en la simulación en computadora de procesos aleatorios.

Estocástica

Que está determinado aleatoriamente.



efectiva en el brote epidémico. La otra parte de la población que no está en dicha situación es la que corresponde a la población efectiva que participa en la epidemia.

Para hacer nuestros pronósticos utilizamos los registros de casos confirmados de ingreso hospitalario y decesos. En el modelo empleamos el enfoque bayesiano para los problemas inversos como una herramienta matemática natural para investigar la evolución de la pandemia y proporcionar pronósticos útiles para la toma de decisiones en los sistemas de salud. No obstante, el modelo tiene limitaciones. Dado que la infección asintomática no se ha caracterizado completamente, es imposible pronosticar la fracción de la población que habrá estado en contacto con el virus al final del brote actual. El modelo tampoco considera los efectos de **granularidad**, percepción de riesgo de los individuos o eventos de superdispersión en la fuerza de infección. Estos efectos son más notorios después de alcanzar el acmé y, por lo tanto, la capacidad predictiva en este periodo disminuye. Asimismo, en su versión actual, el modelo no es capaz de estimar la presión hospitalaria ante rebotes o cambios en la tasa de ataque.

El modelo ama-1 se compone de tres elementos fundamentales: 1) un **modelo dinámico compartimental de tipo susceptible, expuesto, infectado, recuperado y deceso (SEIRD)**, como los que típicamente se emplean en epidemiología; 2) la elección de parámetros postulados e inferidos, y 3) un modelo de inferencia bayesiana. Tomados por separado, estos tres elementos no son suficientes para hacer pronósticos del brote epidémico, pero en conjunto sí.

El modelo dinámico

Como **proxy** de la presión hospitalaria, las cantidades de interés en nuestro modelo son: la evolución de la demanda de camas de hospital no UTI y de camas UTI/soporte respiratorio. En distintos lugares se han propuesto modelos dinámicos similares. Para estimar las cantidades de interés desarrollamos un modelo SEIRD de compartimentos que describe con detalle la dinámica hospitalaria en varios compartimentos específicos (véase la Figura 1). Dado que las distribuciones reales de tiempos de espera en cada caja no son exponencialmente decrecientes, dividimos cada compartimento en subcompartimentos que nos permiten describir explícitamente los tiempos de espera con distribuciones de probabilidad Erlang.

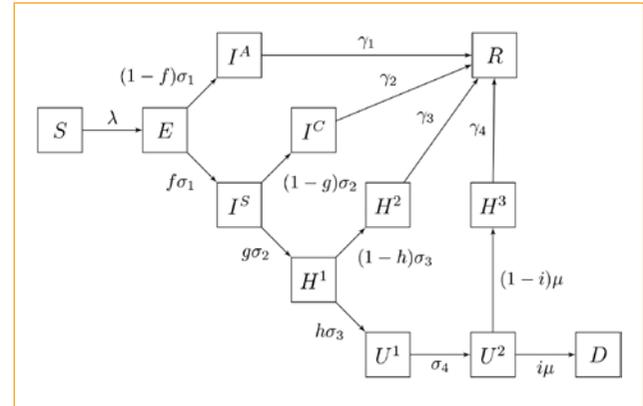


Figura 1. Modelo compartimental tipo SEIRD.

El modelado correcto de estos tiempos de espera es fundamental para la simulación del fenómeno.

Nuestro modelo dinámico es el que se muestra en la Figura 1. Una vez que los individuos susceptibles (S) se infectan, permanecen en el compartimento de incubación (E) durante un tiempo medio de $1/\sigma_1$ días (es decir, con una tasa de residencia de σ_1). En este caso y más adelante, la tasa de residencia se refiere a la velocidad con la que cada individuo transita el compartimento correspondiente. Después del periodo de incubación, los individuos expuestos se vuelven infecciosos y una proporción de éstos (f) se vuelven sintomáticos (I^S), con síntomas lo suficientemente graves como para ir a un hospital; en tanto que los casos restantes presentan síntomas leves o son asintomáticos (I^A). Estos últimos permanecen infecciosos y con capacidad de transmitir la enfermedad un tiempo medio de $1/\gamma_1$ días y finalmente se recuperan. Por otro lado, para los casos sintomáticos suponemos que después de un tiempo promedio de $1/\sigma_2$ días, una proporción (g) de individuos infectados necesitará hospitalización (H^1), mientras que el resto (I^C) recibirá atención ambulatoria y se recuperará después de un tiempo de convalecencia promedio de $1/\gamma_2$ días en cuarentena.

Los pacientes hospitalizados permanecen en promedio $1/\sigma_3$ días hasta que una fracción (h) necesita medidas respiratorias asistidas o atención en la UTI, por ejemplo, con ventilación mecánica (U^1). La fracción restante ($1-h$) de pacientes hospitalizados (H^2) se recupera después de un promedio de $1/\gamma_3$ días. Los pacientes con asistencia respiratoria o en UTI permanecen en ese estado un promedio de $1/\sigma_4$ días, hasta que se alcanza un día crítico, cuando una proporción de ellos (i) morirá (D) y

Granularidad

Escala o nivel de detalle presente en un conjunto de datos o fenómeno. Modelo dinámico compartimental tipo SEIRD: modelo epidemiológico en el que se asume que un individuo puede estar en un único estado o compartimento y transitan a lo largo del tiempo entre estos estados de acuerdo con la evolución de la enfermedad. En términos generales, los estados del modelo son: susceptible (S), expuesto (E), infectado (I), recuperado (R) y deceso (D); sin embargo, se pueden incluir otras cajas para modelar aspectos específicos de la enfermedad.

Proxy

Una aproximación, sustitución o valor de referencia de trabajo de una cantidad durante un cálculo.

la proporción restante $(1-i)$ se recuperará (H^3) después de un periodo promedio de $1/\gamma_4$ días.

Para finalizar, la fuerza de infección (λ) depende únicamente de los individuos con síntomas leves o asintomáticos (I^A) y de los sintomáticos (I^S), ambos responsables de la propagación de la infección; es decir:

$$\lambda = \frac{\beta_A I^A + \beta_S I^S}{N_{\text{eff}}}$$

donde β_A y β_S son las tasas de contacto de individuos con síntomas leves o asintomáticos y sintomáticos, respectivamente. El modelo dinámico se puede escribir con un sistema de 38 ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales; para su solución, además de fijar los valores de los parámetros, se deben definir las condiciones iniciales del sistema.

Elección de los parámetros

El modelo que presentamos tiene dos tipos de parámetros que deben ser calibrados o inferidos: los relacionados con la enfermedad COVID-19 o la dinámica de hospitalización (como los tiempos de residencia y las proporciones de individuos que se dividen en cada bifurcación del modelo) y los relacionados con la respuesta social a las medidas de mitigación, tales como son las tasas de contacto (β) y el número efectivo de individuos susceptibles (N_{eff}) al comienzo de un brote. Algunos de estos parámetros pueden estimarse a partir de los registros hospitalarios, encontrarse en la literatura reciente o inferirse de los casos reportados y decesos. Sin embargo, algunos siguen siendo en gran parte desconocidos. De estos últimos tenemos la tasa de ataque (es decir, el número efectivo de individuos susceptibles al comienzo de un brote) y la fracción $(1-f)$ de infecciones con síntomas leves o asintomáticas.

Debido al seguimiento desigual de las medidas de distanciamiento social entre la población, la tasa de ataque es menor que la población total. Por otro lado, dado que la infección asintomática aún no ha sido completamente caracterizada, no conocemos f . En la literatura se reportan valores que van desde 5% hasta 75%. Afortunadamente, logramos demostrar que, para nuestro modelo, los valores individuales de f y de N_{eff} no son importantes, pues existe un efecto confundido entre ellos y los pronósticos únicamente dependen del producto de

$f \times N_{\text{eff}}$. Esto es interpretable a partir de un diagrama; el producto de $f \times N_{\text{eff}}$ acota o estima la cantidad de personas con síntomas lo suficientemente graves como para ir a un hospital. Este número, que según nuestras estimaciones es alrededor de 5% de la población total, está bien identificado y su sesgo se mantiene constante. Como mencionamos más arriba, los tiempos de residencia (σ , γ) y las probabilidades de transición (g , h , i) están descritos en la literatura a partir de los registros de hospitalizaciones.

Dado que nuestras cantidades de interés están relacionadas con la presión hospitalaria, elegimos, entre los datos disponibles para modelar la evolución del brote epidémico, dos fuentes de información para el modelo de observación: 1) los pacientes confirmados por COVID-19 registrados en hospitales, con o sin hospitalización (A), y 2) los pacientes fallecidos (B). Incluso ante un brote, estos datos son información coherente y sistemática sobre el flujo de entrada (A) y el flujo de salida (B) que “acorrala” a la dinámica hospitalaria.

Sesgo

Diferencia entre el promedio observado y un valor de referencia.

Inferencia bayesiana

El impacto de las estrategias locales para la aplicación de pruebas para COVID-19 debe analizarse en función de la región de interés. En México, las pruebas han sido relativamente bajas pero consistentes. Los pacientes son evaluados cuando llegan a un hospital con probables síntomas de la COVID-19 y se realizan relativamente pocas pruebas en otros casos; es decir, la mayoría de los casos confirmados se limita a (A), como se describió anteriormente. Por lo tanto, usando (A) y (B) hacemos la inferencia de los parámetros restantes del modelo; a saber, la tasa de contagio y las condiciones iniciales del sistema. Es fundamental estimar estas últimas para acercar el modelo a la dinámica real.

Con el fin de modelar las intervenciones de distanciamiento social, incluimos puntos de cambio para la tasa de contacto. Estas tasas son independientes y se estiman antes y después del día de la intervención como nuevos parámetros en la inferencia. Adicionalmente, el modelo se debe aplicar en zonas metropolitanas donde la hipótesis de la ley de acción de masas sea válida. Por lo anterior, no realizamos simulaciones para todo el país, ya que, debido a la restricción de movilidad vigente después de las medidas de distanciamiento social, la epidemia se divide en brotes separados en las aproximadamente 70 zonas metropolitanas del país.

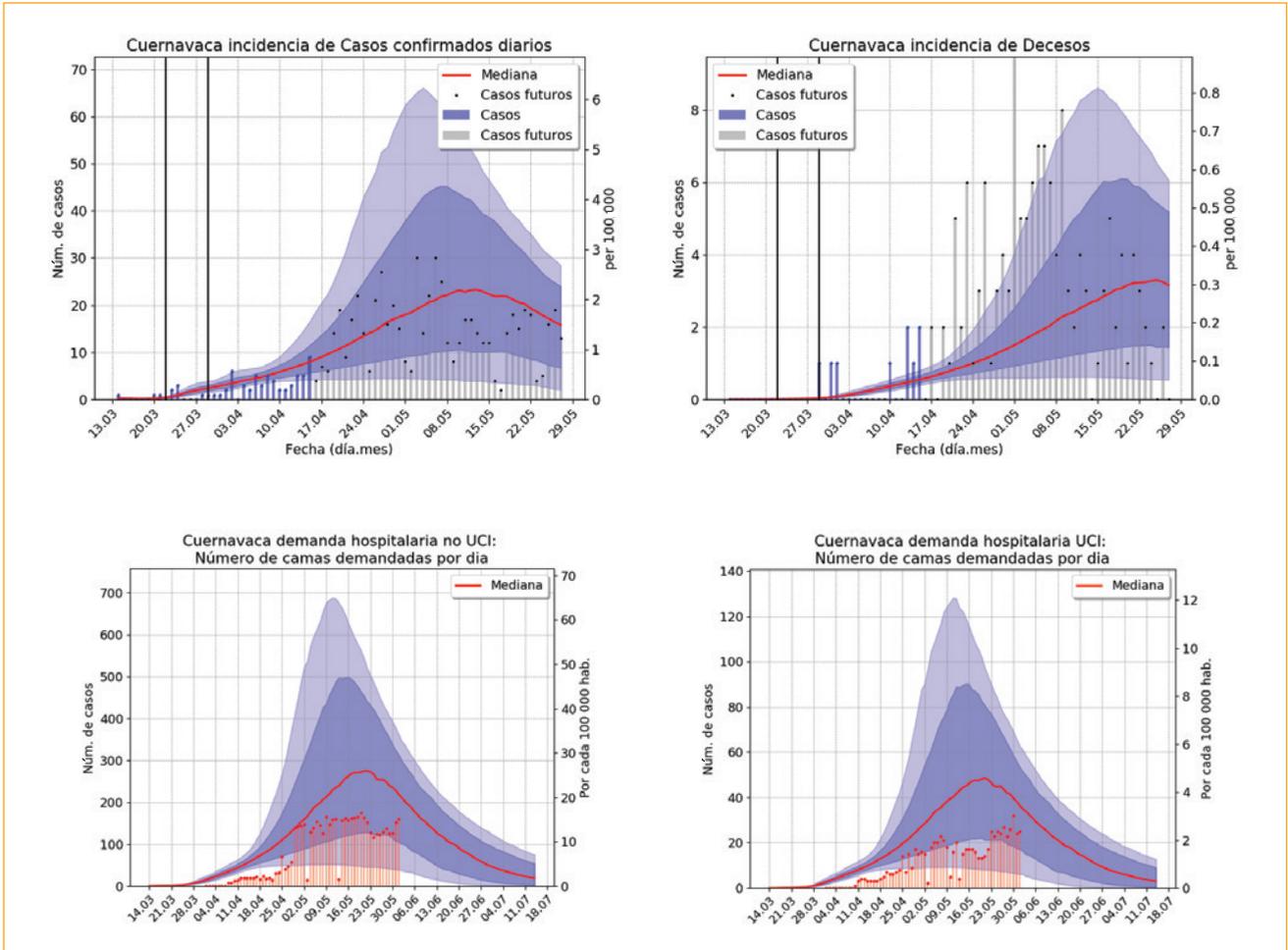


Figura 2. Pronósticos retrospectivos del modelo para Cuernavaca realizados con datos hasta el 15 de abril de 2020. Las barras azules representan los datos usados en la inferencia; las barras grises, los datos hasta el 27 de mayo; las barras rojas, los datos de ocupación hospitalaria. Las líneas verticales negras indican el inicio de las medidas de distanciamiento social el 22 de mayo y la fecha en que se acumularon 10 casos; esto se utilizó para marcar el inicio de la transmisión comunitaria en este modelo. Las regiones azules (oscuro y claro) representan las regiones de probabilidad de 60% y 90% para la evolución del sistema, respectivamente. La línea roja representa la mediana de las predicciones.

Como mencionamos, utilizamos un método genérico de Markov Chain Monte Carlo. Cada zona metropolitana estudiada lleva alrededor de 30 minutos de ejecución en una computadora de 2 GHz (véase la Figura 2). Toda la implementación la desarrollamos desde cero (empezamos a mediados de marzo) en el lenguaje Python 3.

Conclusiones

Con el modelo desarrollado pudimos poner en claro cómo la epidemia en México se compone de brotes epidémicos regionales a distintas velocidades,* los cuales

dependen del inicio de la transmisión comunitaria y del seguimiento de las medidas de distanciamiento social. Logramos hacer un pronóstico probabilístico, con varias semanas de anticipación, sobre la presión hospitalaria regional. Este insumo fue fundamental en los planes de contingencia para atender las necesidades de salud en las distintas zonas metropolitanas.

Durante el desarrollo de la pandemia de COVID-19, hemos aprendido que en casi todos los países del mundo hay una segunda tasa de ataque de la enfermedad debido a que los pacientes ambulatorios reciben instrucciones de convalecer en casa, con lo cual se exponen sus familiares y otros individuos con quienes comparten la vivienda. Es razonable decir que esto da lugar a cúmulos (*clusters*) de infección que caracterizan la resolución es-

* Véanse los reportes en: <<https://coronavirus.conacyt.mx/proyectos/ama.html>>.

Acmé

Periodo de mayor intensidad de una enfermedad.

paciotemporal de la pandemia, por lo cual se determina que, después del **acmé**, hay una caída lenta en el número de casos en muchas áreas metropolitanas. Una nueva versión del modelo de la pandemia en México debe tomar en cuenta este fenómeno al estimar la segunda tasa de ataque, además de los puntos de cambio en la tasa de contacto, los cuales son determinados por los cambios de las políticas públicas, por ejemplo, respecto al cierre o la apertura de escuelas.

Como expusimos anteriormente, el modelo desarrollado tiene sus limitaciones; sin embargo, cumplió en buena medida su objetivo principal: pronosticar la necesidad de camas de hospital en las distintas zonas metropolitanas y estados del país. Una de las limitaciones en el desarrollo del modelo fue el tiempo, su urgencia; debimos encontrar un balance entre refinar aún más el modelo (por ejemplo, por grupos edad) o entregar pronósticos oportunos.

La comunicación de los alcances y las limitaciones de los modelos es fundamental para que su uso sea el adecuado. Si no se comunican bien, las interpretaciones no informadas pueden llevar a conclusiones erróneas y a la toma de decisiones equivocadas. En la vida académica es usual que las conclusiones del trabajo científico no impliquen consecuencias más allá del debate de ideas, pero en situaciones como la de esta pandemia todas las estimaciones, proyecciones o con-

clusiones que la comunidad emita deben realizarse con responsabilidad debido a las consecuencias que implican. Una lección de estos tiempos para la comunidad científica debería ser la necesidad de tener equipos calificados y con la capacidad de respuesta para proveer soluciones reales a problemas urgentes. Debemos establecer objetivos claros, intelectualmente honestos y realistas, que ayuden a mitigar alguno de los aspectos nocivos de la crisis que vivimos. Esta pandemia apenas empieza y no será la última.

Marcos A. Capistrán

Centro de Investigación en Matemáticas, Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología.

marcos@cimat.mx

Antonio Capella

Instituto de Matemáticas, Universidad Nacional Autónoma de México.

capella@im.unam.mx

J. Andrés Christen

Centro de Investigación en Matemáticas, Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología.

jac@cimat.mx

Lecturas recomendadas

Capistrán, M. A., A. Capella y J. A. Christen (2020), "Forecasting hospital demand during COVID-19 pandemic outbreaks". Disponible en: <<http://arxiv.org/abs/2006.01873>>.

Hethcote, H. W. (2000), "The Mathematics of Infectious Diseases", *SIAM Review*, 42(4):599-653.

N. P. Jewell, J. A. Lewnard y B. L. Jewell (2020), "Predictive Mathematical Models of the COVID-19 Pandemic: Underlying Principles and Value of Projections," *JAMA*, 323(19):1893-1894. Disponible en: <doi.org/10.1001/jama.2020.6585>, consultado el 10 de julio de 2020.

Oden, J. T., R. Moser y O. Ghattas (2010), "Computer predictions with quantified uncertainty, part I," *SIAM News*, 43(9):1-3.

Saltelli, A. *et al.* (2020), "Five ways to ensure that models serve society: a manifesto. Pandemic politics highlight how predictions need to be transparent and humble to invite insight, not blame", *Nature*, 582:482-484.

Urbach, P. y C. Howson (1993), *Scientific Reasoning: The Bayesian Approach*, Chicago, Open Court.