

# Análisis de modelos tipo SEIR utilizados en los inicios de la pandemia COVID-19 reportados en revistas de alto impacto

Ledyz Cuesta-Herrera<sup>a</sup> , Luis Pastenes<sup>b</sup> , Fernando Córdova-Lepe<sup>b</sup> , Ariel D. Arencibia<sup>c</sup> ,  
Hugo Torres-Mantilla<sup>d</sup> , Juan Pablo Gutiérrez-Jara<sup>e\*</sup> 

<sup>a</sup> Doctorado en Modelamiento Matemático Aplicado, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

<sup>b</sup> Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

<sup>c</sup> Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

<sup>d</sup> Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Universidad De Santander, Bucaramanga, Colombia

<sup>e</sup> Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule (CIEAM), Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

\* Autor de  
correspondencia

jpgutierrezjara@gmail.com

## Citación

Cuesta-Herrera L,  
Pastenes L, Córdova-Lepe F,  
Arencibia AD, Torres-  
Mantilla H, Gutiérrez-Jara JP.  
Análisis de modelos tipo  
SEIR utilizados en los inicios  
de la pandemia COVID-19  
reportados en revistas  
de alto impacto. *Medwave*  
2022;22(8):2552

## DOI

10.5867/  
medwave.2022.08.2552

## Fecha de envío

Dec 29, 2021

## Fecha de aceptación

Aug 20, 2022

## Fecha de publicación

Sep 28, 2022

## Palabras clave

Epidemiology, Mathematics

## Correspondencia a

Avenida San Miguel 3605,  
Talca, Chile

## Resumen

### Introducción

El modelo matemático-epidemiológico Susceptible-Expuesto-Infectado-Recuperado (SEIR) ha sido empleado exhaustivamente en el contexto actual de la pandemia COVID-19. En sus inicios de una manera prevalente, donde se buscaba predecir la carga hospitalaria y evaluar las medidas sanitarias para contener su propagación. En este sentido, se han evidenciado fallas en las predicciones de los primeros modelos publicados. Se considera necesario evaluar las diferencias en el planteamiento y verificación de los modelos.

### Objetivos

Categorizar las publicaciones científicas de revistas de alto impacto que propusieron modelos tipo SEIR para modelar la pandemia COVID-19 en sus inicios.

### Métodos

Realizamos una revisión sistemática de los artículos publicados en revistas indexadas en *Web of Science*, de primer cuartil y con factor de impacto mayor que dos, que cumplieran con los criterios de selección e inclusión siguiendo los estándares PRISMA-ScR. Incluimos un total de 32 artículos que fueron evaluados según características demográficas como el mes de recepción y publicación, el país de origen de la información, la materia temática de la revista, y las características del modelamiento como la presencia de compartimentos adicionales, análisis gráfico, planteamiento de modelo conceptual, interpretación del número reproductivo básico y estimación de los parámetros empleados.

### Resultados

Los artículos publicados en revistas del área médica y salud fueron predominantes en los meses de febrero a julio de 2020. Estos artículos emplearon con mayor frecuencia datos procedentes de China y se centraron mayoritariamente en modelos SEIR o con compartimento de cuarentena completa. Los artículos publicados en revistas del área matemática fueron predominantes en el período de agosto a diciembre de 2020, y emplearon datos procedentes de diversas regiones del mundo, considerando mayor diversidad de compartimentos como pacientes asintomáticos o en cuarentena parcial o completa.

### Conclusiones

Los artículos analizados en su mayoría emplean modelos tipo SEIR ampliados con compartimentos adicionales. Existen discrepancias en la amplitud y calidad metodológica de los artículos

publicados, según la materia temática de la revista. Se recomienda la unificación de criterios de calidad para la descripción de los modelos en cualquier revista.

## IDEAS CLAVE

- ◆ El abordaje del modelo Susceptible-Expuesto-Infectado-Recuperado (SEIR) es uno de los más utilizados para representar este tipo de fenómenos las pandemias y su evolución.
- ◆ Los modelos matemáticos han tenido aciertos y desaciertos en el trascurso de la pandemia COVID-19.
- ◆ Este trabajo brinda herramientas a los tomadores de decisión para determinar qué modelos tienen información relevante y son adecuados para su situación particular.

## INTRODUCCIÓN

A través de la historia, las enfermedades infecto-contagiosas han tenido un gran impacto en la morbilidad y mortalidad de la población, conociéndose desde siglos pasados múltiples estudios sobre proyecciones del comportamiento de las epidemias [1]. Actualmente, la fácil y amplia movilidad conduce a una propagación rápida de las epidemias [2,3]. COVID-19 es una enfermedad pandémica infecciosa causada por el patógeno SARS-CoV-2, que se detectó por primera vez durante la epidemia de 2019 en Wuhan, China. Se notificó como una enfermedad neumónica emergente por coronavirus, con altas tasas de morbilidad y mortalidad [4,5]. A diferencia de otras epidemias del pasado, en que la escasez de investigadores era prevalente, hoy por hoy existe un alto número de científicos estudiando esta pandemia, tanto a nivel global como regional. Al respecto, se indica que el abordaje del modelo Susceptible-Expuesto-Infectado-Recuperado (SEIR) es uno de los más utilizados para representar este tipo de fenómenos [1,3].

El objetivo de este trabajo fue categorizar las publicaciones científicas de revistas de alto impacto que propusieron modelos tipo SEIR para modelar la pandemia COVID-19 en sus inicios, momento en que se planteaba el desafío de obtener fuentes confiables sobre el riesgo de enfermar por COVID-19. Paralelamente, se evaluaron elementos importantes en el análisis de los modelos, tales como la calidad del modelamiento y los parámetros que los componen, con el fin de brindar herramientas a los tomadores de decisión, como en el caso del área de salud pública, para determinar cuáles modelos publicados tienen información relevante y son adecuados a su situación particular.

### PRIMEROS MODELOS EPIDÉMICOS

Dentro de los primeros modelos matemáticos relacionados con enfermedades infecciosas se considera el llevado a cabo en 1761 por D'Alambert, quien desarrolló un método para analizar los riesgos competitivos de muerte [6], y el trabajo publicado en 1766 por Daniel Bernoulli que estudia el análisis de prevalencia

de equilibrio específico de la edad de individuos inmunes a la varicela [7]. Aproximar el número de contagios a través de expresiones matemáticas ha tenido una larga historia, motivada por problemas que incitaban a su aparición. Estos fueron los casos de John Snow en 1855 en un brote de Cólera y de Daniel Bernoulli en 1760 en un brote de viruela [6]. Luego, Pyotr Dimitrievich En'ko publicó el modelo epidémico en 1889, estudiando los sucesivos brotes de sarampión de décadas anteriores [8].

A inicios del siglo XX, el médico y matemático Anderson G. McKendrick consideró que la probabilidad de que una nueva persona padeciera una infección contagiosa es directamente proporcional al número de susceptibles e infectados en un instante del tiempo [9]. Estos razonamientos fueron tomando forma más general, llevándolo a publicar en 1927 junto con el bioquímico y matemático William O. Kermack, el sistema de ecuaciones diferenciales que décadas después sería la base del modelo Susceptible-Infectado-Recuperado (SIR) [10] que sería protagonista del modelamiento de varias epidemias en décadas siguientes [11]. La necesidad impuesta por los problemas sin resolver, junto con la curiosidad matemática, generaron adiciones al modelo SIR. de esta forma nació el modelo SEIR [1,9], el cual subdivide el tamaño total de la población humana en el tiempo  $t$ , denotado como  $N(t)$ , en susceptibles  $S(t)$ , expuestos  $E(t)$ , infectados  $I(t)$  y recuperados  $R(t)$ . Por lo tanto, para la población humana tenemos:  $N(t)=S(t)+E(t)+I(t)+R(t)$ .

### VENTAJAS DE LOS MODELOS SEIR

En el proceso de propagación de la enfermedad, el individuo susceptible  $S(t)$  se desplaza primero a la población expuesta  $E(t)$ , ya que el huésped tiene un periodo de incubación [10]. El individuo expuesto se desplaza a la población infecciosa  $I(t)$ . Los individuos infecciosos tras finalizar la enfermedad se trasladan a la población recuperada  $R(t)$ , donde se representan también las personas fallecidas. Este modelo reconoce la existencia biológica del tiempo de incubación en una enfermedad infecciosa, permitiendo un enfoque más realista [11,12]. La adición

de elementos más reales al modelo matemático exige una mayor cantidad de parámetros a calcular y mayor número de supuestos. Infortunadamente, en muchas circunstancias del mundo real no se dispone de datos confiables para realizar las cuantificaciones de los parámetros requeridos, lo cual da lugar a que las predicciones o cálculos de los modelos presenten en muchos casos un considerable margen de error. Por ello, los resultados del modelo deben tomarse con cautela.

A pesar de que muchos modelos matemáticos no pueden realizar predicciones precisas, sobre todo por la falta de datos, estos son de gran utilidad para calcular el efecto de las medidas de control aun antes de iniciar la epidemia [1,9]. Puede predecirse la existencia de umbrales en la densidad de infectados a partir de los cuales se desata una epidemia, valores finales de la cantidad de individuos que serán afectados por la enfermedad, influencia de factores externos o estacionales y, en algunos casos, la propagación espacial de las epidemias [1,3]. Además, los modelos de tipo SEIR ayudan a prever la evolución de una enfermedad, obtener estimaciones de sus características, como las tasas de mortalidad y hospitalización, y conocer el impacto de las intervenciones para predecir la evolución de COVID-19.

Las intervenciones cambian el curso de COVID-19 y cada compartimento representa un grupo de individuos en el mismo estado de salud, por ejemplo susceptible o infeccioso. Las conexiones entre los compartimentos indican la dirección y el ritmo de paso de un estado de salud a otro, en otras palabras, se tendrá un modelo SIR con compartimento de expuestos. Cabe resaltar que no hay nacimiento ni mortalidad natural, debido al corto tiempo de cobertura del modelo y a su incidencia de la acción de masas [1,3,9].

### LIMITACIONES DE LOS MODELOS SEIR

Desde que se publicó el primer modelo SIR para el brote inicial de SARS-CoV-2 en Wuhan (China) [12], al mes de abril ya se habían publicado al menos 18 artículos describiendo el comportamiento de la epidemia a través de modelos tipo SIR o SEIR. Por ejemplo, para el 20 de febrero de 2020, Zhan C *et al* publicaron a manera de *preprint* uno de los primeros modelos SEIR basado en los parámetros ajustados con datos de la propagación del virus en 367 ciudades de China [13].

Un aspecto importante de los modelos SEIR es que permiten evaluar el impacto de una intervención. Sin embargo, es difícil considerar todas las posibles interacciones entre diferentes intervenciones en el mismo modelo, complejizando el encontrar los parámetros que se acercan a la realidad a través de simulaciones [1,3,9]. Además, no involucran la variabilidad de las fuentes de información, ni los posibles errores y sesgos. De esta manera se podrían usar dos parámetros de contextos diferentes en un mismo modelo. Los modelos matemáticos han tenido aciertos y desaciertos en el trascurso de la pandemia COVID-19. Por ejemplo, al inicio de la pandemia, tras los primeros casos de contagio en el Reino Unido, se publicaron varios modelos matemáticos, algunos de los cuales postulaban la posibilidad de

un desenlace más benigno sobrevalorando la idea del efecto protector de una rápida inmunidad de rebaño [14,15].

## MÉTODOS

Las revisiones sistemáticas empleadas en el contexto epidemiológico frecuentemente se aplican a ensayos clínicos o estudios observacionales en los que se pretende resumir, mediante un metanálisis, las estimaciones realizadas a poblaciones comparables [12]. La heterogeneidad entre las poblaciones incluidas en la revisión puede introducir sesgos en la estimación global obtenida tras condensar los resultados.

Por otro lado, la intención de una revisión sistemática de modelos matemáticos no se refiere a la recopilación de estudios de medición del mismo conjunto de variables en poblaciones comparables, sino a la recopilación de trabajos de modelamiento bajo un mismo conjunto de suposiciones (que en nuestro caso son subyacentes a modelos tipo SEIR), con un conjunto de parámetros que caracterizan a una epidemia en distintos momentos y lugares por un mismo agente infeccioso, y una misma especie de agente hospedero.

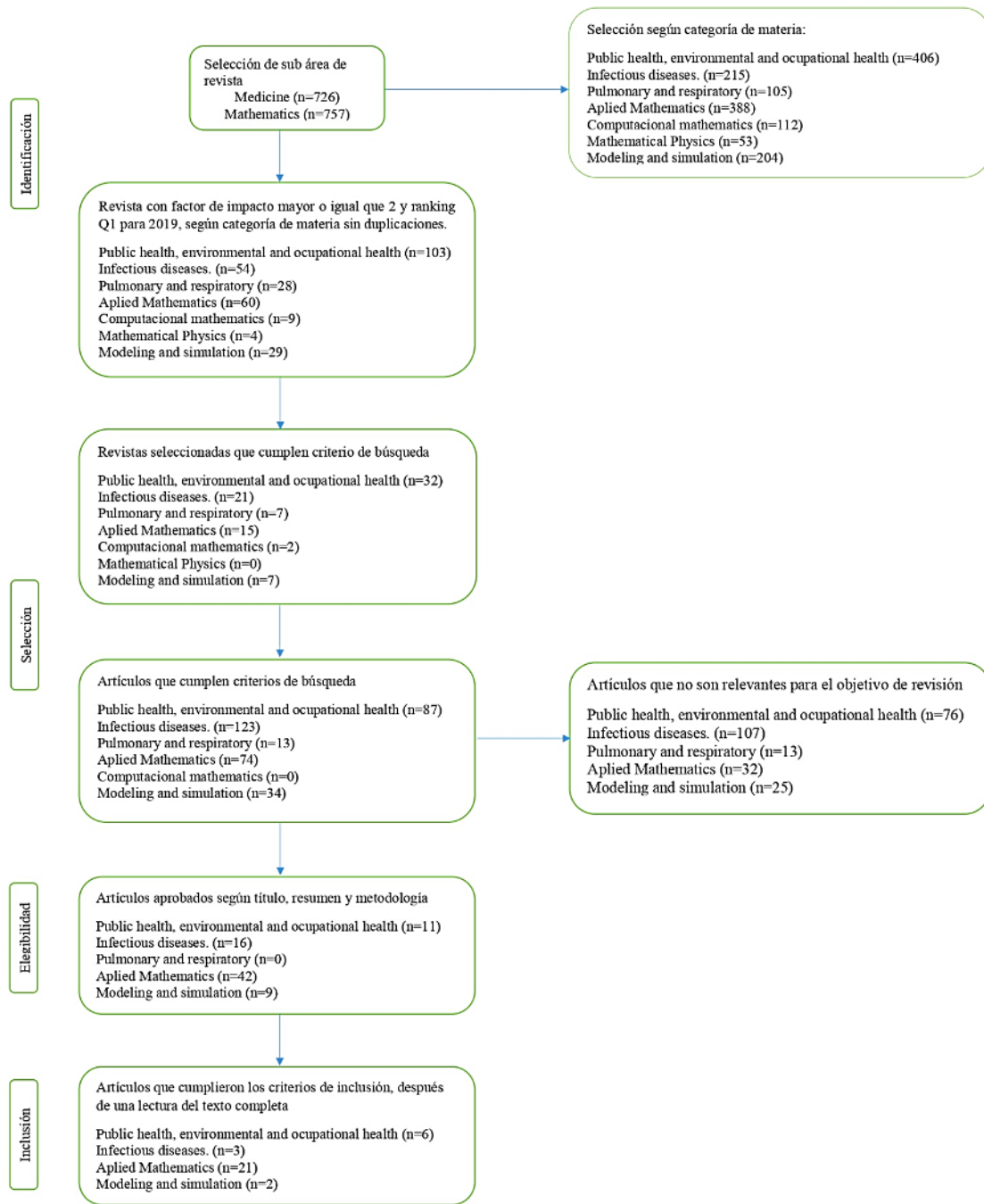
En este trabajo se emplearon tablas de frecuencia para comparar cuál de los abordajes del modelamiento logra representar las características de la distribución de los datos en la población y, por lo tanto, predecir sus realizaciones muestrales. Se debe tener en cuenta, sin embargo, que la comparación estadística de modelos matemáticos solo es posible cuando dos o más modelos distintos buscan predecir los datos de una misma población, no cuando una misma estrategia de modelamiento (en nuestro caso SEIR) es aplicada para predecir diferentes poblaciones, así estas cuenten con la similitud en cuanto al agente infeccioso. En consecuencia, dentro del objeto de la presente revisión se busca medir las diferencias existentes en el planteamiento de los modelos tipo SEIR aplicados, en la elección y evaluación de las fuentes de datos y en los procesos de verificación de la adecuación del modelo. Igualmente, como la fuente de información respecto a cada modelo proviene del artículo publicado, se establece en cuánta medida la lectura del artículo nos permite evaluar cada modelo con la información proporcionada.

### ESTRATEGIA DE BÚSQUEDA E IDENTIFICACIÓN

En esta revisión se realizó una búsqueda avanzada de publicaciones de estudios a través del servicio de información científica en línea integrado en *Web of Science* (WoS), suministrado por la empresa *Clarivate analytics*, entre el 21 de mayo de 2020 y el 30 de abril de 2021, de acuerdo con los elementos de informes destacados para las revisiones sistemáticas y la declaración de metanálisis (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses for Scoping Reviews*, PRISMA-ScR).

Los términos de búsqueda de títulos y resúmenes según sub área en medicina o matemáticas utilizados fueron: ALL=(*covid\** OR *SARS\** OR *coronavirus\**) AND ALL=(*model\** OR *SEIR* OR *math\**) AND PY=(2020) AND IS=(*Issn* OR

Figura 1. Diagrama de flujo de la información a través de las diferentes fases de la revisión.



Fuente: creado por los autores.

Issn). Donde el ISSN corresponde a las revistas según categoría de materia. Adicionalmente, se tuvo en cuenta el ranking Q1 de las revistas para el año 2019 y factor de impacto mayor o igual que dos (Ver Figura 1). No hubo restricciones de idiomas, editoriales, países de publicación o tipo de documentos.

### SELECCIÓN Y ELEGIBILIDAD DE ESTUDIOS

La tabulación de los registros se realizó en Microsoft Excel, procediendo a la eliminación de duplicaciones y revisión inicial de título y resumen, tres de nuestros autores extrajeron la información de manera independiente con el objeto de evitar

errores. Se examinaron los registros de los artículos potencialmente elegibles por tres de nuestros autores de forma independiente, con el fin de confirmar su pertinencia, las discordancias fueron resueltas en común acuerdo.

### CRITERIOS DE INCLUSIÓN

Los estudios tenían que cumplir con los siguientes criterios pre-determinados para su inclusión en nuestro trabajo, a través de la siguiente lista de verificación de evaluación:

- ¿La estructura básica contiene un modelo matemático tipo SEIR poblacional?
- ¿Estudia la dinámica de las personas con infección por SARS-CoV-2?
- ¿La metodología está basada en el modelamiento matemático de esa dinámica?

### CRITERIOS DE EXCLUSIÓN

Los estudios se excluyeron si no ofrecen información que permita medir las diferencias en el planteamiento del modelo matemático. También se excluyeron las cartas al editor, los informes de casos, artículos de revisión y los informes de noticias. Los artículos en los que el texto completo no estuviera disponible también fueron excluidos.

### EXTRACCIÓN DE DATOS

Tanto a los artículos seleccionados de modelos tipo SEIR relacionados con COVID-19 y publicados en las fechas definidas dentro de la estrategia de búsqueda, como a los elegidos e incluidos en este análisis, se les extrajo la siguiente información: primer autor, nombre de la revista, mes de publicación, categoría por materia y referencia (Tabla 1). Tres de nuestros autores extrajeron los datos de forma independiente para evitar errores en este proceso.

### EVALUACIÓN DE ARTÍCULOS INCLUIDOS

Tres de nuestros autores realizaron evaluaciones de calidad de los artículos de forma independiente para garantizar su pertinencia según nuestro objetivo, de acuerdo con la siguiente lista de verificación de evaluación:

- ¿Plantean compartimentos para la población adicionales a los correspondientes al modelo clásico SEIR?
- ¿El modelamiento matemático se basa en un modelo conceptual adecuado para COVID-19?
- ¿Incluye análisis gráfico?
- ¿Se documenta el lugar y el periodo de tiempo para el cual se realizó el estudio?
- ¿Hallan e interpretan el número reproductivo básico,  $R_0$ ?
- ¿Se presentan los valores de los parámetros considerados y sus fuentes de información?

La información obtenida fue verificada por dos de nuestros autores de forma independiente para evitar errores en su inclusión. En tanto, las diferencias se resolvieron de común acuerdo.

### ANÁLISIS DE DATOS

Las variables fueron recategorizadas para delimitar la descripción de los resultados. Se definieron las siguientes regiones: China, Asia (comprende todos los países asiáticos excepto China), Norteamérica (Estados Unidos y Canadá), Europa, América Latina, África, Oceanía y combinado (cuando la información empleada proviene de fuentes de diversas regiones).

Se agruparon los meses de estudio en febrero a julio de 2020 y agosto a diciembre de 2020, como se muestra en la Tabla 2. Las subáreas de revistas de medicina y matemáticas corresponden a las siguientes categorías de materias clasificadas por la *Web of Science* como: *public health, environmental and occupational health* (Med. PHEOH), *infectious disease* (Med.ID), *pulmonary and respiratory* (Med.PR), *applied mathematics* (Mat.A), *computational mathematics* (Mat.CM), *mathematical physics* (Mat.MP) y *modeling and simulation* (Mat.MaS) respectivamente. La información recolectada en cada una de las fases fue tabulada empleando hojas de cálculo. Se extrajeron las frecuencias absolutas y relativas para cada categoría y se realizaron tablas de contingencia correspondientes (Tablas 1, 2 y 3).

## RESULTADOS

### CARACTERÍSTICAS DE INCLUSIÓN DE ESTUDIOS

El proceso de identificación, selección, elegibilidad e inclusión se muestra en la Figura 1. Fueron seleccionados 331 artículos para el análisis de COVID-19 a través de modelos tipo SEIR que cumplían los criterios de búsqueda. A ellos se les realizó la lectura del título, el resumen y la metodología, eligiendo 78 artículos para la lectura del texto completo y revisión de los criterios de inclusión. De este modo, se obtuvo un total de 32 artículos para su posterior evaluación, excluyendo los artículos que no cumplían con dichos criterios. Todos los artículos fueron retrospectivos. Se excluyeron los que no tenían información suficiente basada en los criterios de inclusión. Las características de los artículos incluidos se resumen en la Tabla 1 y la Figura 2.

La Figura 2 muestra un modelo conceptual que representa los principales hallazgos compartimentales de los artículos incluidos dentro de esta revisión como se muestra a continuación:

- Los compartimentos S, E, I y R fueron comunes en todos los artículos y representaron el modelo clásico SEIR.
- En tres artículos se incluyó un compartimento  $S_q$  correspondiente a las personas que dejan de ser susceptibles temporalmente por encontrarse en cuarentena. Uno de estos artículos incluyó, además, un compartimento B correspondiente a los casos sospechosos de infección, los que según confirmación posterior pasaron a cuarentena total o retornaron a ser susceptibles.
- El compartimento E tradicionalmente implica a personas infectadas, pero que no son infectantes. Sin embargo, en 13 artículos este compartimento tuvo un carácter infectante, aunque más limitado que el compartimento I.

Tabla 1. Características de estudios incluidos sobre COVID-19. Todos confirmados con modelos tipo SEIR.

Primer autor <sup>a</sup>	Revista	Mes de publicación año 2020	Categorías de materias	Modelo	Referencia
Kiesha, P et al.	Lancet public health	Marzo	Med.PHEOH	SEAIR	[16]
Rocklöv, J et al.	Journal of travel medicine	Febrero	Med.PHEOH	SEIR	[17]
Li, Y et al.	Infectious diseases of poverty	Julio	Med.PHEOH	SEIPR	[18]
Zu, J et al.	Infectious diseases of poverty	Julio	Med.PHEOH	SEIQR	[19]
Chen, T et al.	Infectious diseases of poverty	Febrero	Med.PHEOH	SEIR	[20]
Wan, K et al.	Journal of global health	Abril	Med.PHEOH	SEIR	[21]
Kim, S et al.	International journal of infectious diseases	Mayo	Med.ID	SEIQR	[22]
Tang, B et al.	International journal of infectious diseases	Julio	Med.ID	SEIQR	[23]
Hu, Z et al.	International journal of infectious diseases	Abril	Med.ID	SEIQR	[24]
Linka, K et al.	Computational mechanics	Agosto	Mat.A	SEIR	[25]
Linka, K et al.	Computational mechanics	Julio	Mat.A	SEIR	[26]
Péni, T et al.	Nonlinear dynamics	Diciembre	Mat.A	SEAIQR	[27]
Zhai, S et al.	Nonlinear dynamics	Septiembre	Mat.A	SEIQR	[28]
Biswas, S et al.	Nonlinear dynamics	Septiembre	Mat.A	SEAIQR	[29]
Conghui, X et al.	Nonlinear dynamics	Septiembre	Mat.A	SEIQR	[30]
Khyar, O et al.	Nonlinear dynamics	Septiembre	Mat.A	SEIR	[31]
Huang, J et al.	Nonlinear dynamics	Agosto	Mat.A	SEIPQR	[32]
Saha, S et al.	Nonlinear dynamics	Agosto	Mat.A	SEAIQR	[33]
Lu, Z et al.	Nonlinear dynamics	Agosto	Mat.A	SEIQR	[34]
Kwuimy, C. A. K et al.	Nonlinear dynamics	Julio	Mat.A	SEIR	[35]
Rohith, G et al.	Nonlinear dynamics	Junio	Mat.A	SEIR	[36]
Rajagopal, K et al.	Nonlinear dynamics	Junio	Mat.A	SEIR	[37]
Sun, G. Q et al.	Nonlinear dynamics	Junio	Mat.A	SEIQR	[38]
He, S et al.	Nonlinear dynamics	Junio	Mat.A	SEIQR	[39]
Ivorra, B et al.	Communications in nonlinear science and numerical simulation	Abril	Mat.A	SEIPR	[40]
Dong, N. P et al.	Communications in nonlinear science and numerical simulation	Abril	Mat.A	SEIR	[41]
Kumar, S et al.	Numerical methods for partial differential equations	Noviembre	Mat.A	SEIR	[42]
Alqarni, M. S et al.	Numerical methods for partial differential equations	Noviembre	Mat.A	SEAIR	[43]
Logeswari, K et al.	Numerical methods for partial differential equations	Octubre	Mat.A	SEAIR	[44]
Safare, K. M et al.	Numerical methods for partial differential equations	Octubre	Mat.A	SEIR	[45]
Naveed, M et al.	Cmc-computers materials & continua	Mayo	Mat.MaS	SEAIR	[46]
Naveed, Met al.	Cmc-computers materials & continua	Junio	Mat.MaS	SEAIR	[47]

Med.PHEOH: public health, environmental and occupational health; Med.ID: infectious disease ; Mat.A: applied mathematics ; Mat.MaS: modeling and simulation; S: susceptibles; E: expuestos; A: asintomáticos; I: infectados; P: cuarentena parcial; Q: cuarentena completa; R: recuperados.

<sup>a</sup>No se incorporó el año de publicación teniendo en cuenta que todos corresponden a 2020. .

Fuente: creado por los autores.

- El compartimento A se evidenció en nueve artículos y consistió en personas infectadas asintomáticas usualmente con menor infectividad, excepto en un artículo donde la infectividad fue similar a la del compartimento I.
- Los compartimentos P y Q hicieron mención a cuarentena parcial (con infectividad baja) o cuarentena completa (sin infectividad). De los 15 artículos que incluyeron compartimentos en cuarentena, siete involucraron personas hospitalizadas.

Tabla 2. Análisis descriptivo según fechas editoriales.

Categorías de materias	Mes de recepción del artículo		Mes de publicación	
	Enero a junio	Julio a diciembre	Febrero a julio	Agosto a diciembre
Mat.A	14 (67)	7 (33)	6 (29)	15 (71)
Mat.MaS	2 (100)	0 (0)	2 (100)	0 (0)
<b>Total</b>	16 (70)	7 (30)	8 (35)	15 (65)
<b>Matemáticas</b>				
Med.ID	2 (100)	0 (0)	2 (67)	1 (33)
Med.PHEOH	6 (100)	0 (0)	4 (67)	2 (33)
<b>Total</b>	8 (100)	0 (0)	6 (67)	3 (33)
<b>Medicina</b>				
<b>Total</b>	<b>24 (75)</b>	<b>7 (22)</b>	<b>14 (44)</b>	<b>18 (56)</b>

Med.PHEOH: public health, environmental and occupational health; Mat.A: applied mathematics; Mat.MaS: modeling and simulation; Med.ID: infectious disease.

Los valores entre paréntesis indican porcentaje (%).

Fuente: creado por los autores.

- El compartimento R incluyó a los recuperados, mientras que los fallecimientos en los diferentes artículos ocurrieron en cualquiera de los compartimentos, siendo más frecuentes en I, P y Q.
- En tres artículos se incluyó la posibilidad de reinfección de personas recuperadas.
- En dos artículos se consideraron las personas vacunadas, que fueron representadas como personas que pasan de la población susceptible a la población de recuperados. No se hallaron artículos que consideraran la reinfección de personas vacunadas.
- El compartimento V hizo referencia a los reservorios. En dos artículos se trató de la presencia del virus en el ambiente, mientras que en otros tres representó el virus presente en el mercado de mariscos de Wuhan.

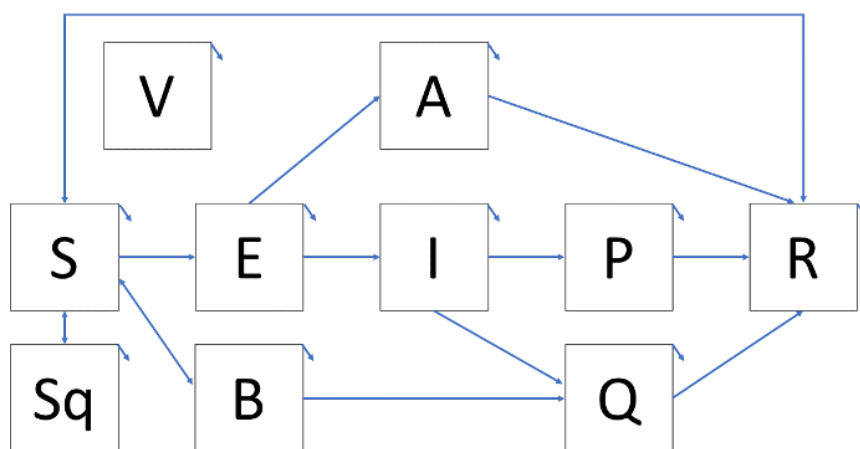
### ANÁLISIS DESCRIPTIVO

En las Tablas 3a y 3b se describen las frecuencias absolutas y relativas por fila para las categorías temáticas, región y modelos generales.

La Tabla 3a, muestra en total 14 (44%) artículos en modelos matemáticos basados en datos procedentes de China. De estos, el 64% fueron publicados en los meses de febrero a julio, y el 36% en de agosto a diciembre. Cabe destacar que, de los nueve artículos publicados en revistas del área médica y salud, el 89% empleó información procedente de China, en contraste con el 26% de revistas del área matemática.

La Tabla 3b muestra que de los artículos incluidos, 12 correspondieron a modelos SEIR clásicos, sin compartimento de

Figura 2. Detalles de compartimentos de modelos tipo SEIR de artículos incluidos.



V: reservorio, S: susceptibles, Sq: susceptibles en cuarentena, B: sospechosos, E: expuestos, A: asintomáticos, I: infectados, P: cuarentena parcial, Q: cuarentena completa, R: casos recuperados.

Fuente: creado por los autores.

Tabla 3. Análisis descriptivo de artículos incluidos según zona geográfica (a) y generalización de modelos analizados (b).

Categorías de materias	a. Región						No reportan	Total
	China	Asia	Norteamérica	Europa	Combinado			
Mat.A	6 (29)	2 (10)	2 (10)	3 (14)	5 (24)	2 (10)	21	
Mat.MaS	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	2 (100)	2	
<b>Total matemáticas</b>	<b>6 (26)</b>	<b>2 (9)</b>	<b>2 (9)</b>	<b>3 (13)</b>	<b>5 (22)</b>	<b>4 (17)</b>	<b>23</b>	
Med.ID	2 (67)	1 (33)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	3	
Med.PHEOH	6 (100)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	6	
<b>Total medicina</b>	<b>8 (89)</b>	<b>1 (11)</b>	<b>0 (0)</b>	<b>0 (0)</b>	<b>0 (0)</b>	<b>0 (0)</b>	<b>9</b>	
<b>Total</b>	<b>14 (44)</b>	<b>3 (9)</b>	<b>2 (6)</b>	<b>3 (9)</b>	<b>5 (16)</b>	<b>4 (13)</b>	<b>32</b>	

Categorías de materias	b. Modelos generales							Total
	SEIR	SEIQR	SEIPR	SEIPQR	SEAIR	SEAIQR	SEAIQR	
Mat.A	9 (43)	5 (24)	1 (5)	1 (5)	2 (10)	2 (10)	1 (5)	21
Mat.MaS	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	2 (100)	0 (0)	0 (0)	2
<b>Total matemáticas</b>	<b>9 (39)</b>	<b>5 (22)</b>	<b>1 (4)</b>	<b>1 (4)</b>	<b>4 (17)</b>	<b>2 (9)</b>	<b>1 (4)</b>	<b>23</b>
Med.ID	0 (0)	3 (100)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	3
Med.PHEOH	3 (50)	1 (17)	1 (17)	0 (0)	1 (17)	0 (0)	0 (0)	6
<b>Total medicina</b>	<b>3 (33)</b>	<b>4 (44)</b>	<b>1 (11)</b>	<b>0 (0)</b>	<b>1 (11)</b>	<b>0 (0)</b>	<b>0 (0)</b>	<b>9</b>
<b>Total</b>	<b>12 (38)</b>	<b>9 (28)</b>	<b>2 (6)</b>	<b>1 (3)</b>	<b>5 (16)</b>	<b>2 (6)</b>	<b>1 (3)</b>	<b>32</b>

Mat.A: applied mathematics ; Mat.Mas: computational mathematics; Med.ID: infectious disease ; Med.PHEOH: public health, environmental and occupational health; S: susceptibles; E: expuestos; A: asintomáticos; I: infectados; P: cuarentena parcial; Q: cuarentena completa; R: recuperados. Los valores entre paréntesis indican porcentaje (%). Fuente: creada por los autores.

asintomáticos ni en cuarentena. Sin embargo, en cuatro de estos el compartimento E fue parcialmente infectante. Dentro de los modelos Susceptible-Expuesto-Infectado-Asintomático-Cuarentena Parcial-Infectado-Recuperado (SEAIR) encontramos cinco artículos, tres de estos incluyeron reservorio. En Susceptible-Expuesto-Infectado-Cuarentena Parcial-Recuperado (SEIPR) hubo dos modelos, ambos con compartimentos E parcialmente infectantes. En modelos Susceptible-Expuesto-Infectado-Cuarentena Completa-Recuperado (SEIQR) se ubican nueve artículos, cinco con compartimentos E parcialmente infectantes. Solo un artículo involucró un modelo Susceptible-Expuesto-Infectado-Cuarentena Parcial-Cuarentena Parcial-Recuperado (SEIPQR), que incluyó reservorio viral. Por último, dos artículos fueron Susceptible-Expuesto-Asintomático-Infectado-Cuarentena Completa-Recuperado (SEAIQR) y uno fue Susceptible-Expuesto-Asintomático-Infectado-Cuarentena Parcial-Cuarentena Completa-Recuperado (SEAIQR).

Existen diferencias relevantes entre las clases de modelos y las categorías de materias de las revistas de publicación de los artículos. Los artículos publicados en revistas del área matemática incluyeron mayor diversidad de ampliaciones de los modelos, mientras que en el área médica y salud existió una mayor tendencia al uso de los modelos SEIR y SEIQR. En la Tabla 2 se resumen los meses de recepción y publicación según las categorías temáticas. No se contó con la fecha de recepción de un artículo del área médica y salud. Todos los artículos incluidos de las revistas del área médica y salud tuvieron fecha de recepción

anteriores al mes de julio, mientras que ese porcentaje disminuye al 70% para las revistas del área matemática. Un patrón similar se observó con las fechas de publicación, donde el 67% de los artículos incluidos fueron publicados en los primeros siete meses para el área médica y salud, a diferencia del área matemática con un 35%.

Con respecto a los criterios de evaluación, los artículos incluidos emplearon un análisis gráfico de casos para evaluar el modelo tipo SEIR en un 100%. Sin embargo, mientras que la totalidad de los artículos publicados en revistas del área matemática describieron las fuentes de información para la estimación de los parámetros, solo el 67% de los publicados en revistas del área médica y salud cumplieron con este criterio. En ambos grupos de artículos se encontró el uso e interpretación del número reproductivo básico aproximadamente en un 70%. Por último, el planteamiento de un modelo teórico conceptual fue descrito en el 78% de los artículos en revistas del área médica y salud, mientras que ese porcentaje disminuye a 52% en las revistas del área matemática.

## DISCUSIÓN

En este trabajo se presentan las variaciones en la categorización de las publicaciones científicas de acuerdo al planteamiento de los modelos compartimentales estudiados. Estos modelos han tenido un uso extendido para estudiar el comportamiento de las enfermedades infecciosas en las últimas tres décadas [1–3,6]. El



modelo tipo SIR es adecuado a diferentes escenarios, asumiendo que las personas una vez infectadas pueden empezar a infectar a otros individuos [10,11]. En cambio, el modelo tipo SEIR incluye el característico compartimento E de “infección latente”, considerando a las personas expuestas al contagio, pero en los que la capacidad de infectar a otros individuos aún no se ha desarrollado, momento en el cual pasarían al siguiente compartimento (I) [1,9].

El compartimento E representa la existencia de periodos de infección latente, también llamados de incubación, que usualmente son pre-sintomáticos y descritos en la mayoría de las infecciones que afectan al ser humano [10–12]. Esto permite una representación más realista de la dinámica de contagio de los modelos SEIR. Sin embargo, diferentes artículos fueron excluidos, dado que a pesar de contemplar la asignación E, esta no cumplía con la definición de dicho compartimento y se asumió que existía ausencia del mismo.

Se encontró que el 40,6% de los artículos incluidos contemplaron la posibilidad de una infectividad a las personas representadas en el compartimento E, aun cuando esta fuera baja. Es interesante comprobar que de los 32 artículos con un modelo SEIR de base dentro de su modelamiento, solo ocho (25%) de estos consistieron en un modelo SEIR clásico, sin compartimentos adicionales y sin carácter infectivo parcial en el compartimento E.

Los datos reportados por diferentes estudios, mostraron que tanto las personas infectadas asintomáticas y sintomáticas propagan el patógeno SARS-CoV-2 a los individuos susceptibles una vez que ellos se encuentren en contacto [28,30,41,45]. Así, es posible establecer una transmisión de dos formas: de persona a persona y del entorno hacia la persona [48–50].

Las medidas implementadas para evitar la propagación de COVID-19 ocasiona que una vez las personas infectadas estornuden o tosan, esto conlleva a que el virus se propague en el entorno en el que ellas se encuentran [4,51]. Además, dejar de lado las restricciones impuestas a los viajes internacionales alrededor del mundo provoca un aumento en la transmisión de COVID-19 [5,51]. Teniendo en cuenta que SARS-CoV-2 sobrevive en el ambiente por algunos días, esto conllevaría a un aumento en la probabilidad de contagio para los individuos susceptibles que estén en contacto con dicho entorno. Esto es especialmente notorio en los primeros días del brote de COVID-19, incluso antes de que se apliquen los protocolos de bioseguridad e higiene [4,19,52].

## CONCLUSIONES

El modelo matemático-epidemiológico tipo SEIR ha sido empleado en diversos artículos publicados, basados en la información disponible, con el fin de predecir el comportamiento de la pandemia. Inicialmente los datos utilizados provenían de China, así como otros países asiáticos tempranamente afectados, lo cual les permitió obtener las primeras estimaciones acerca de la tasa de contagio, el tiempo de latencia y el tiempo

infeccioso, permitiendo mejorar la calidad de las predicciones. Las revistas del área médica y salud acogieron gran parte de los primeros artículos, aunque posteriormente predominaron los artículos publicados en revistas del área matemática. Se debe resaltar que la mayor descripción de análisis gráfico disponible proviene de los artículos publicados en revistas del área matemática, pese a tratarse de un abordaje metodológico similar para un mismo problema.

Las diferencias en las exigencias editoriales, así como la formación y experiencia de los pares, pudieron influir en que los artículos de las revistas del área médica y salud tengan con mayor frecuencia un modelo conceptual, usualmente más amplio y detallado. En tanto, en las revistas del área matemática suelen describir la estabilidad y la validación del modelo. Además, los artículos publicados en el área matemática también emplean extensiones del modelo SEIR con mayor frecuencia.

Finalmente, se recomienda establecer pautas más generales para asegurar la calidad en la descripción del modelamiento en un artículo relacionado con la modelación matemática de epidemias, en particular con los modelos tipo SEIR. Esto permitiría mejorar la comparabilidad entre los diferentes resultados. Asimismo, se recomienda incentivar el uso de anexos para las publicaciones y así poder expandir el análisis en caso de que sea requerido.

## Notas

### Autoría

LCH: conceptualización, metodología, análisis formal, investigación, redacción (revisiones y ediciones), supervisión, investigación, gestión de datos, preparación de manuscrito (desarrollo del borrador original). LP: metodología, investigación, redacción (revisiones y ediciones). FCL: metodología, investigación, redacción (revisiones y ediciones). ADA: metodología, investigación, redacción (revisiones y ediciones). HTM: metodología, investigación, gestión de datos, presentación de datos, redacción (revisiones y ediciones). JPGJ: metodología, investigación, redacción (revisiones y ediciones).

### Agradecimientos

Agradecemos al programa de Doctorado en Modelamiento Matemático Aplicado y la Vicerrectoría de Investigación y Postgrado (VRIP), los cuales hacen parte de la Universidad Católica del Maule.

### Conflictos de intereses

Los autores declaran no tener conflictos de intereses con la materia de este artículo.

### Financiamiento

Los autores declaran que no hubo fuentes de financiación externas.

### Registro del protocolo

No se incluyó este estudio de revisión en el registro PROSPERO debido a que nuestro trabajo no contempla estudios en seres humanos o animales, en cambio, se analizaron publicaciones científicas de revistas de alto impacto que propusieron modelos matemáticos tipo SEIR para modelar la pandemia COVID-19 en sus inicios.

### Aspectos éticos

El presente estudio no requirió de la evaluación de un comité de ética por ser una investigación de fuentes secundarias.

### Declaración de acceso a datos

Los autores declaran disponibilidad para la entrega de datos de la investigación a solicitud de los interesados.

### Origen y arbitraje

No solicitado. Con revisión por pares externa, por tres árbitros a doble ciego.

### Idioma del envío

El idioma del primer envío es en español.

## Referencias

- Brauer F. Mathematical epidemiology: Past, present, and future. *Infect Dis Model.* 2017;2: 113–127. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2468042716300367> <https://doi.org/10.1016/j.idm.2017.02.001>
- Uddin N, Acter T. An overview of global epidemics and the challenges faced. Leveraging Artificial Intelligence in Global Epidemics. Elsevier. 2021; 1–27. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780323897778000117> <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-89777-8.00011-7>
- Hethcote HW. The Mathematics of Infectious Diseases. *SIAM Rev.* 2021;42: 599–653. <http://epubs.siam.org/doi/10.1137/S0036144500371907> <https://doi.org/10.1137/S0036144500371907>
- Hui DS, I Azhar E, Madani TA, Ntoumi F, Kock R, Dar O, et al. The continuing 2019-nCoV epidemic threat of novel coronaviruses to global health - The latest 2019 novel coronavirus outbreak in Wuhan, China. *Int J Infect Dis.* 2020;91: 264–266. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1201971220300114> <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.01.009>
- Andrades-Grassi JE, Cuesta-Herrera L, Bianchi-Pérez G, Grassi HC, López-Hernández JY, Torres-Mantilla H. Spatial analysis of risk of morbidity and mortality by COVID-19 in Europe and the Mediterranean in the year 2020. *cuadgeo.* 2021;60: 279–294. <https://revistaseug.ugr.es/index.php/cuadgeo/article/view/15492> <https://doi.org/10.30827/cuadgeo.v60i1.15492>
- Celentano D, Szklo M. *Gordis Epidemiology.* 6th ed. Philadelphia: Elsevier; 2018.
- Dietz K, Heesterbeek JAP. Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited. *Math Biosci.* 2002;180: 1–21. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0025556402001220> [https://doi.org/10.1016/s0025-5564\(02\)00122-0](https://doi.org/10.1016/s0025-5564(02)00122-0)
- En'ko PD. On the course of epidemics of some infectious diseases. *Int J Epidemiol.* 1989;18: 749–55. <https://academic.oup.com/ije/article-lookup/doi/10.1093/ije/18.4.749> <https://doi.org/10.1093/ije/18.4.749>
- Bacaër N. A Short History of Mathematical Population Dynamics [Internet]. London: Springer London; 2011. Available from: <http://link.springer.com/10.1007/978-0-85729-115-8>
- Smith DL, Battle KE, Hay SI, Barker CM, Scott TW, McKenzie FE. Ross, macdonald, and a theory for the dynamics and control of mosquito-transmitted pathogens. Chitnis CE, editor. *PLoS Pathog.* 2012;8. <https://dx.plos.org/10.1371/journal.ppat.1002588> <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002588>
- Anderson RM, May RM. Population biology of infectious diseases: Part I. *Nature.* 1979;280: 361–7. <http://www.nature.com/articles/280361a0> <https://doi.org/10.1038/280361a0>
- Mohamadou Y, Halidou A, Kapen PT. A review of mathematical modeling, artificial intelligence and datasets used in the study, prediction and management of COVID-19. *Appl Intell (Dordr).* 2020;50: 3913–3925. <https://link.springer.com/10.1007/s10489-020-01770-9> <https://doi.org/10.1007/s10489-020-01770-9>
- Zhan C, Tse CK, Lai Z, Hao T, Su J. Prediction of COVID-19 spreading profiles in South Korea, Italy and Iran by data-driven coding. Goletti D, editor. *PLoS One.* 2020;15. <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0234763> <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0234763>
- Ferguson NM, Laydon D, Nedjati-Gilani G, Imai N, Ait E. Report 9: Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand. *Imp Coll London* [Internet]. 2020. <https://www.imperial.ac.uk/media/imperial-college/medicine/sph/ide/gida-fellowships/Imperial-College-COVID19-NPI-modelling-16-03-2020.pdf> <https://doi.org/10.25561/77482>
- Rhodes T, Lancaster K. Mathematical models as public troubles in COVID-19 infection control: following the numbers. *Health Sociol Rev.* 2020;29: 177–194. <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/14461242.2020.1764376> <https://doi.org/10.1080/14461242.2020.1764376>
- Prem K, Liu Y, Russell TW, Kucharski AJ, Eggo RM, Davies N, et al. The effect of control strategies to reduce social mixing on outcomes of the COVID-19 epidemic in Wuhan, China: a modelling study. *Lancet Public Health.* 2020;5: e261–e270. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2468266720300736> [https://doi.org/10.1016/S2468-2667\(20\)30073-6](https://doi.org/10.1016/S2468-2667(20)30073-6)
- Rocklöv J, Sjödin H, Wilder-Smith A. COVID-19 outbreak on the Diamond Princess cruise ship: estimating the epidemic potential and effectiveness of public health countermeasures. *J Travel Med.* 2020;27. <https://academic.oup.com/jtm/article/doi/10.1093/jtm/taaa030/5766334> <https://doi.org/10.1093/jtm/taaa030>
- Li Y, Wang L-W, Peng Z-H, Shen H-B. Basic reproduction number and predicted trends of coronavirus disease 2019 epidemic in the mainland of China. *Infect Dis Poverty.* 2020;9: 94. <https://idpjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40249-020-00704-4> <https://doi.org/10.1186/s40249-020-00704-4>
- Zu J, Li M-L, Li Z-F, Shen M-W, Xiao Y-N, Ji F-P. Transmission patterns of COVID-19 in the mainland of China and the efficacy of different control strategies: a data- and model-driven study. *Infect Dis Poverty.* 2020;9: 83. <https://idpjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40249-020-00709-z> <https://doi.org/10.1186/s40249-020-00709-z>
- Chen T-M, Rui J, Wang Q-P, Zhao Z-Y, Cui J-A, Yin L. A mathematical model for simulating the phase-based transmissibility of A novel coronavirus. *Infect Dis Poverty.* 2020;9: 24. <https://idpjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40249-020-00640-3> <https://doi.org/10.1186/s40249-020-00640-3>
- Wan K, Chen J, Lu C, Dong L, Wu Z, Zhang L. When will the battle against novel coronavirus end in Wuhan: A SEIR modeling analysis. *J Glob Health.* 2020;10. <http://jogh.org/documents/>

- issue202001/jogh-10-011002.pdf <https://doi.org/10.7189/jogh.10.011002>
22. Kim S, Jeong YD, Byun JH, Cho G, Park A, Jung JH, et al. Evaluation of COVID-19 epidemic outbreak caused by temporal contact-increase in South Korea. *Int J Infect Dis.* 2020;96: 454–457. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S120197122030343X> <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.05.036>
  23. Tang B, Xia F, Tang S, Bragazzi NL, Li Q, Sun X, et al. The effectiveness of quarantine and isolation determine the trend of the COVID-19 epidemic in the final phase of the current outbreak in China. *Int J Infect Dis.* 2020;96: 636–647. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1201971220304203> <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.05.113>
  24. Hu Z, Cui Q, Han J, Wang X, Sha WEI, Teng Z. Evaluation and prediction of the COVID-19 variations at different input population and quarantine strategies, a case study in Guangdong province, China. *Int J Infect Dis.* 2020;95: 231–240. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1201971220302265> <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.04.010>
  25. Linka K, Rahman P, Gorieli A, Kuhl E. Is it safe to lift COVID-19 travel bans? The Newfoundland story. *Comput Mech.* 2020;66: 1081–1092. <https://link.springer.com/10.1007/s00466-020-01899-x> <https://doi.org/10.1007/s00466-020-01899-x>
  26. Linka K, Peirlinck M, Kuhl E. The reproduction number of COVID-19 and its correlation with public health interventions. *Comput Mech.* 2020;66: 1035–1050. <https://link.springer.com/10.1007/s00466-020-01880-8> <https://doi.org/10.1007/s00466-020-01880-8>
  27. Péni T, Csutak B, Szederkényi G, Röst G. Nonlinear model predictive control with logic constraints for COVID-19 management. *Nonlinear Dyn.* 2020;102: 1965–1986. <http://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05980-1> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05980-1>
  28. Zhai S, Gao H, Luo G, Tao J. Control of a multigroup COVID-19 model with immunity: treatment and test elimination. *Nonlinear Dyn.* 2021;106: 1133–1147. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05961-4> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05961-4>
  29. Biswas SK, Ghosh JK, Sarkar S, Ghosh U. COVID-19 pandemic in India: a mathematical model study. *Nonlinear Dyn.* 2020;102: 537–553. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05958-z> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05958-z>
  30. Xu C, Yu Y, Chen Y, Lu Z. Forecast analysis of the epidemics trend of COVID-19 in the USA by a generalized fractional-order SEIR model. *Nonlinear Dyn.* 2020;101: 1621–1634. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05946-3> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05946-3>
  31. Khyar O, Allali K. Global dynamics of a multi-strain SEIR epidemic model with general incidence rates: application to COVID-19 pandemic. *Nonlinear Dyn.* 2020;102: 489–509. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05929-4> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05929-4>
  32. Huang J, Qi G. Effects of control measures on the dynamics of COVID-19 and double-peak behavior in Spain. *Nonlinear Dyn.* 2020;101: 1889–1899. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05901-2> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05901-2>
  33. Saha S, Samanta GP, Nieto JJ. Epidemic model of COVID-19 outbreak by inducing behavioural response in population. *Nonlinear Dyn.* 2020;102: 455–487. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05896-w> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05896-w>
  34. Lu Z, Yu Y, Chen Y, Ren G, Xu C, Wang S, et al. A fractional-order SEIHDR model for COVID-19 with inter-city networked coupling effects. *Nonlinear Dyn.* 2020;101: 1717–1730. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05848-4> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05848-4>
  35. Kwuimy CAK, Nazari F, Jiao X, Rohani P, Nataraj C. Nonlinear dynamic analysis of an epidemiological model for COVID-19 including public behavior and government action. *Nonlinear Dyn.* 2020;101: 1545–1559. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05815-z> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05815-z>
  36. Rohith G, Devika KB. Dynamics and control of COVID-19 pandemic with nonlinear incidence rates. *Nonlinear Dyn.* 2020;101: 2013–2026. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05774-5> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05774-5>
  37. Rajagopal K, Hasanzadeh N, Parastesh F, Hamarash II, Jafari S, Hussain I. A fractional-order model for the novel coronavirus (COVID-19) outbreak. *Nonlinear Dyn.* 2020;101: 711–718. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05757-6> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05757-6>
  38. Sun G-Q, Wang S-F, Li M-T, Li L, Zhang J, Zhang W, et al. Transmission dynamics of COVID-19 in Wuhan, China: effects of lockdown and medical resources. *Nonlinear Dyn.* 2020;101: 1981–1993. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05770-9> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05770-9>
  39. He S, Peng Y, Sun K. SEIR modeling of the COVID-19 and its dynamics. *Nonlinear Dyn.* 2020;101: 1667–1680. <https://link.springer.com/10.1007/s11071-020-05743-y> <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05743-y>
  40. Ivorra B, Ferrández MR, Vela-Pérez M, Ramos AM. Mathematical modeling of the spread of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) taking into account the undetected infections. The case of China. *Commun Nonlinear Sci Numer Simul.* 2020;88: 105303. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1007570420301350> <https://doi.org/10.1016/j.cnsns.2020.105303>
  41. Dong NP, Long HV, Khastan A. Optimal control of a fractional order model for granular SEIR epidemic with uncertainty. *Commun Nonlinear Sci Numer Simul.* 2020;88: 105312. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1007570420301441> <https://doi.org/10.1016/j.cnsns.2020.105312>
  42. Kumar S, Chauhan RP, Momani S, Hadid S. Numerical investigations on COVID - 19 model through singular and non - singular fractional operators. *Numer Methods Partial Differ Equ.* 11 Dec 2020. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/num.22707> <https://doi.org/10.1002/num.22707>
  43. Alqarni MS, Alghamdi M, Muhammad T, Alshomrani AS, Khan MA. Mathematical modeling for novel coronavirus. *Numer Methods Partial Differ Equ [Internet].* 2020. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/num.22695> <https://doi.org/10.1002/num.22695>
  44. Logeswari K, Ravichandran C, Nisar KS. Mathematical model for spreading of COVID-19 virus with the Mittag-Leffler kernel. *Numer Methods Partial Differ Equ.* 2020. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/num.22652> <https://doi.org/10.1002/num.22652>
  45. Safare KM, Betageri VS, Prakasha DG, Veeresha P, Kumar S. A mathematical analysis of ongoing outbreak COVID - 19 in India through nonsingular derivative. *Numer Methods Partial Differential Eq.* 2021;37: 1282–1298. <https://onlinelibrary.wiley.com/toc/10982426/37/2> <https://doi.org/10.1002/num.22579>
  46. Naveed M, Rafiq M, Raza A, Ahmed N, Khan I, Sooppy Nisar K. Delay Pandemic Model. *Comput Mater Contin [Internet].* 64: 1401–14. <http://www.techscience.com/cmc/v64n3/39436> <https://doi.org/10.32604/cmc.2020.011314>

47. Naveed M, Baleanu D, Rafiq M, Raza A, Hassan Soori A, Ahmed N. Dynamical Behavior and Sensitivity Analysis of a Delayed Coronavirus Epidemic Model. *Computers, Materials & Continua*. 2020;65:225–241. <https://www.techscience.com/cmc/v65n1/39563> <https://doi.org/10.32604/cmc.2020.011534>
48. Adhikari K, Gautam R, Pokharel A, Uprety KN, Vaidya NK. Transmission dynamics of COVID-19 in Nepal: Mathematical model uncovering effective controls. *J Theor Biol*. 2021;521: 110680. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0022519321001028> <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2021.110680>
49. Yang C, Wang J. Modeling the transmission of COVID-19 in the US - A case study. *Infect Dis Model*. 2021;6: 195–211. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S246804272030110X> <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.12.006>
50. Antonini C, Calandrini S, Stracci F, Dario C, Bianconi F. Mathematical Modeling and Robustness Analysis to Unravel COVID-19 Transmission Dynamics: The Italy Case. *Biology (Basel)*. 2020;9. <https://www.mdpi.com/2079-7737/9/11/394> <https://doi.org/10.3390/biology9110394>
51. Yang J, Li J, Lai S, Ruktanonchai CW, Xing W, Carioli A, et al. Uncovering two phases of early intercontinental COVID-19 transmission dynamics. *J Travel Med*. 2020;27. <https://academic.oup.com/jtm/article/doi/10.1093/jtm/taaa200/5935386> <https://doi.org/10.1093/jtm/taaa200>
52. Tapia P. M, Méndez M, Seguel W, Robles C, Hurtado S, Ávila R, et al. Prevención en la transmisión de Coronavirus-19: ¿qué tan preparado está el personal de salud en Chile? *Rev méd Chile*. 2020;148: 1589–1597. [http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0034-98872020001101589&lng=en&nrn=iso&tlng=en](http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0034-98872020001101589&lng=en&nrn=iso&tlng=en) <https://doi.org/10.4067/S0034-98872020001101589>

# Analysis of SEIR-type models used at the beginning of COVID-19 pandemic reported in high-impact journals

## Abstract

### Introduction

The Susceptible-Exposed-Infected-Recovered (SEIR) mathematical-epidemiological model has been exhaustively used since the beginning of the COVID-19 pandemic. These models intended to predict hospital burden and evaluate health measures to contain its spread. In this sense, flaws have been evidenced in the predictions of the first published models. It is considered necessary to evaluate the differences in the approach and verification of the models.

### Objectives

**Categorize the scientific publications of high-impact journals that proposed SEIR-type models to represent the COVID-19 pandemic in its early days.**

**Methods**  
We carried out a systematic review of the articles published in journals indexed in the Web of Science, of the first quartile and with an impact factor greater than two, that met the selection and inclusion criteria following the PRISMA-ScR standards. We included a total of 32 articles, which were evaluated according to demographic characteristics such as the month of receipt and publication, the country of origin of the information, the subject matter of the journal, and the characteristics of the modeling such as the presence of additional compartments, graphical analysis, conceptual model approach, interpretation of the basic reproductive number, and estimation of parameters.

### Results

Articles published in medical and health journals were predominant from February to July 2020. These articles most frequently used data from China and mostly focused on SEIR or full quarantine compartment models. The articles published in journals in mathematics were predominant from August to December 2020. Models used data from different world regions, considering a greater diversity of compartments such as asymptomatic patients or partial or complete quarantine.

### Conclusions

The articles analyzed mostly use SEIR-type models expanded with additional compartments. There are discrepancies in the breadth and methodological quality of the articles published according to the journal's subject matter. The unification of quality criteria for describing the models in any journal is recommended.

AUTHOR PROOF



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.