Cuaderno de odontología. Revista científica
Vol. 5(especial7), 275-283, 2026
https://doi.org/10.62574/3xvcrx62

Modelos matemáticos para predecir brotes epidémicos: revisión sistemática

Mathematical models for predicting epidemic outbreaks: a systematic review

Santiago Damian Apolo-Lomas
santiagoal27@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0009-4162-0234

Jaime William Diaz-Rubio
williamjdr52@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0003-9983-7301

Maribel de los Ángeles Rubio-Mejía
maribelrm02@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0005-7200-5980

Bolívar Fernando Mena-Hidalgo
us.bolivarmh22@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0002-5518-513X

RESUMEN

Objetivo: sintetizar la evidencia sobre la aplicación de modelos matemáticos para predecir y controlar brotes epidémicos. **Método:** revisión sistemática con síntesis narrativa en PubMed y SciELO (2012-2025); se incluyeron 15 estudios de modelización, evaluación de pronósticos y análisis crítico. **Resultados:** los modelos compartimentales, de metapoblación y de ramificación estimaron con coherencia el número reproductivo temprano de la COVID-19 y mostraron que las intervenciones no farmacológicas, el aislamiento y el rastreo reducían la transmisión. Los pronósticos de conjunto fueron más consistentes que los modelos individuales, pero la exactitud disminuyó al alargar el horizonte. **Conclusión:** los modelos son útiles para comparar escenarios y orientar decisiones, aunque su capacidad para predecir cifras exactas es limitada.
Descriptores: modelos teóricos; brotes de enfermedades; epidemias; predicción; COVID-19. (DeCS).

ABSTRACT

Objective: to synthesize the evidence on the application of mathematical models to predict and control epidemic outbreaks. **Method:** systematic review with narrative synthesis in PubMed and SciELO (2012-2025); 15 modelling, forecast evaluation and critical analysis studies were included. **Results:** compartmental, metapopulation and branching models consistently estimated the early reproduction number of COVID-19 and showed that non-pharmaceutical interventions, isolation and contact tracing reduced transmission. Ensemble forecasts were more consistent than individual models, but accuracy decreased as the horizon lengthened. **Conclusion:** models are useful for comparing scenarios and guiding decisions, although their ability to predict exact figures is limited.
Descriptors: models, theoretical; disease outbreaks; epidemics; forecasting; COVID-19. (DeCS).

Recibido: 15/09/2026. Revisado: 05/10/2026. Aprobado: 30/10/2026. Publicado: 20/11/2026.
Original breve

INTRODUCCIÓN

Los brotes epidémicos ponen a prueba la capacidad de los sistemas de salud para anticipar la demanda de camas, personal e insumos y para decidir qué medidas de control aplicar y cuándo. Los modelos matemáticos traducen los mecanismos de transmisión en ecuaciones y permiten estimar parámetros, proyectar escenarios y comparar intervenciones antes de que sus efectos sean observables. Holmdahl y Buckee distinguieron entre los modelos de pronóstico, que extrapolan tendencias a corto plazo, y los modelos mecanicistas, que representan la dinámica de la infección y sirven para explorar escenarios, y advirtieron que unos y otros dependen de la calidad de los datos y de los supuestos (1).

La pandemia de COVID-19 multiplicó el uso de estas herramientas. En las primeras semanas, el análisis de los casos de Wuhan permitió estimar el periodo de incubación, el tiempo de duplicación y el número reproductivo básico (2), y los modelos de metapoblación proyectaron la propagación nacional e internacional del brote a partir de los datos de movilidad (3). Estas estimaciones orientaron decisiones de salud pública con consecuencias sanitarias, económicas y sociales de gran magnitud.

Sin embargo, el desempeño de los modelos ha sido desigual. Ioannidis et al. señalaron que muchos pronósticos de COVID-19 fallaron por datos de entrada deficientes, supuestos erróneos, alta sensibilidad de las estimaciones, escasa incorporación de rasgos epidemiológicos, falta de transparencia y comunicación selectiva de resultados (4). Para el profesional de la salud, que debe interpretar estas proyecciones, falta una síntesis que reúna los tipos de modelos, sus aplicaciones y sus límites.

El objetivo de esta revisión fue sintetizar la evidencia sobre la aplicación de modelos matemáticos para predecir y controlar brotes epidémicos, con énfasis en la

estimación de parámetros, la evaluación de intervenciones y la exactitud de los pronósticos.

MÉTODO

Se realizó una revisión sistemática de la literatura con síntesis narrativa. La pregunta de investigación fue la siguiente: en brotes de enfermedades transmisibles, ¿qué tipos de modelos matemáticos se han aplicado para estimar la transmisión, evaluar intervenciones y pronosticar la evolución epidémica, y con qué exactitud? La búsqueda se efectuó en PubMed y SciELO, con un periodo de publicación comprendido entre 2012 y 2025.

Se emplearon descriptores DeCS/MeSH y términos libres combinados con operadores booleanos: («models, theoretical» OR «mathematical model» OR «epidemiological models» OR «forecasting» OR «machine learning») AND («disease outbreaks» OR «epidemics» OR «communicable diseases» OR «COVID-19» OR «influenza»), así como sus equivalentes en español y portugués.

Se incluyeron estudios de modelización con datos poblacionales reales, evaluaciones de pronósticos, revisiones y artículos de análisis crítico publicados en revistas indexadas. Se excluyeron los estudios exclusivamente teóricos sin aplicación a un brote, los preprints, los modelos de enfermedades no transmisibles y los documentos sin acceso al texto completo. Dos revisores seleccionaron los documentos de forma independiente por título y resumen y, después, por texto completo; los desacuerdos se resolvieron por consenso.

De cada estudio se extrajeron el autor, el año, el tipo de modelo, el país o región, la enfermedad y el hallazgo principal. Se incluyeron 15 estudios, que se agruparon en cuatro ejes: estimación temprana de parámetros, modelos compartimentales y evaluación de intervenciones, modelos de movilidad y control, y pronóstico probabilístico y aprendizaje automático.

RESULTADOS

En cuanto a la estimación temprana de parámetros, Li et al. analizaron los primeros 425 casos confirmados de Wuhan y estimaron un periodo de incubación medio de 5,2 días, un tiempo de duplicación de 7,4 días y un número reproductivo básico de 2,2 (2). Wu et al., con un modelo de metapoblación de tipo susceptible-expuesto-infeccioso-recuperado (SEIR), estimaron un número reproductivo de 2,68 y advirtieron que el brote podía extenderse a otras ciudades chinas a través del transporte (3). Kucharski et al., con un modelo estocástico de transmisión, observaron que el número reproductivo efectivo descendió de 2,35 a 1,05 en torno a la introducción de las restricciones de viaje en Wuhan (5).

Respecto de los modelos compartimentales y la evaluación de intervenciones, Giordano et al. propusieron el modelo SIDARTHE, que distingue entre casos diagnosticados y no diagnosticados y entre distintos grados de gravedad, y mostraron en Italia que el distanciamiento debía combinarse con la ampliación de las pruebas y el rastreo de contactos (6). Flaxman et al., con un modelo bayesiano semimecanicista en 11 países europeos, estimaron que las intervenciones no farmacológicas redujeron el número reproductivo por debajo de 1 y que el confinamiento tuvo el mayor efecto (7). Davies et al. incorporaron la estructura por edad y estimaron que la susceptibilidad a la infección en menores de 20 años era aproximadamente la mitad que en los adultos, lo que modifica el efecto esperado del cierre de escuelas (8). En África, Mbogo y Orwa aplicaron un modelo matemático al brote de SARS-CoV-2 en Kenia para analizar la dinámica de la transmisión y el efecto de las medidas de control en un país de ingresos medios (9).

En relación con la movilidad y el control, Hellewell et al. simularon con un modelo de ramificación el aislamiento de casos y el rastreo de contactos, y concluyeron que, con un número reproductivo de 2,5, se requería rastrear e aislar a una proporción elevada de los contactos para controlar la mayoría de los brotes, y que la

transmisión antes de los síntomas reducía esa probabilidad (10). Chinazzi et al., con un modelo global de metapoblación, estimaron que la restricción de viajes desde Wuhan solo retrasó la progresión de la epidemia en China continental entre tres y cinco días, aunque redujo de forma marcada la importación internacional de casos durante algunas semanas (11). Kraemer et al. mostraron, con datos de movilidad en tiempo real, que la propagación inicial en China se explicaba por los desplazamientos humanos y que, tras las medidas de control, el crecimiento de los casos se desacopló de la movilidad (12).

Por último, en el pronóstico probabilístico, Reich et al. evaluaron durante varias temporadas los pronósticos de gripe estacional en Estados Unidos y observaron que los modelos combinados superaban, en general, a los modelos individuales y a la referencia histórica, con mayor exactitud en los horizontes cortos (13). Cramer et al. analizaron los pronósticos de mortalidad por COVID-19 enviados al centro colaborativo de Estados Unidos y encontraron que el pronóstico de conjunto fue más consistente que la mayoría de los modelos individuales, mientras que la exactitud disminuyó al alargar el horizonte (14). Chimmula y Zhang aplicaron redes neuronales de memoria a largo y corto plazo a la serie temporal de casos en Canadá para proyectar la tendencia del brote (15). La Tabla 1 resume los estudios principales.

Tabla 1. *Estudios incluidos sobre modelos matemáticos aplicados a brotes epidémicos.*

Autor (ref.)	Tipo de modelo y ámbito	Aplicación	Hallazgo principal
Li et al. (2)	Análisis epidemiológico de casos; China	Estimación de parámetros	Incubación de 5,2 días y número reproductivo de 2,2
Wu et al. (3)	Metapoblación SEIR; China e internacional	Proyección del brote	Número reproductivo de 2,68 y riesgo de expansión por transporte
Kucharski et al. (5)	Modelo estocástico; Wuhan	Efecto del control	Descenso del número reproductivo efectivo de 2,35 a 1,05

Autor (ref.)	Tipo de modelo y ámbito	Aplicación	Hallazgo principal
Giordano et al. (6)	Compartimental SIDARTHE; Italia	Escenarios de intervención	Distanciamiento combinado con pruebas y rastreo
Flaxman et al. (7)	Bayesiano semimecanicista; 11 países europeos	Intervenciones no farmacológicas	Número reproductivo por debajo de 1 tras las medidas
Hellewell et al. (10)	Ramificación; simulación	Aislamiento y rastreo	Control posible solo con rastreo elevado
Chinazzi et al. (11)	Metapoblación global	Restricción de viajes	Retraso de tres a cinco días en China continental
Cramer et al. (14)	Conjunto de modelos; Estados Unidos	Pronóstico de mortalidad	El conjunto fue más consistente que los modelos individuales

Fuente: elaboración propia a partir de los estudios incluidos (2026).

DISCUSIÓN

Los estudios revisados muestran que los modelos matemáticos fueron útiles, sobre todo, para estimar parámetros en las fases iniciales y para comparar escenarios de intervención. Las estimaciones tempranas del número reproductivo fueron coherentes entre sí, con valores entre 2,2 y 2,7 (2,3,5), y los modelos de escenarios coincidieron en que las intervenciones no farmacológicas podían reducir la transmisión por debajo del umbral epidémico (6,7). Esta coincidencia sugiere que los modelos mecanicistas son más fiables para responder preguntas del tipo «qué pasaría si» que para predecir cifras exactas (1).

Por el contrario, la predicción numérica a mediano plazo resultó frágil. Ioannidis et al. atribuyeron los errores a datos deficientes y a supuestos poco verificados (4), y los resultados de Cramer et al. y Reich et al. confirman que la exactitud cae al alargar el horizonte y que la combinación de modelos reduce el riesgo de errores extremos (13,14). Los enfoques de aprendizaje automático, como las redes neuronales recurrentes, ajustan bien las series observadas, pero no incorporan los mecanismos de transmisión ni los cambios de conducta, por lo que su extrapolación es incierta (15).

Existen también contradicciones sobre el efecto de las medidas de movilidad. Kraemer et al. relacionaron la propagación inicial con los desplazamientos (12), mientras que Chinazzi et al. estimaron que la restricción de viajes, aislada, solo retrasó unos días la epidemia (11); ambos resultados son compatibles si se acepta que la restricción de viajes gana tiempo y que el control depende de medidas locales como el aislamiento y el rastreo (10). La estructura por edad (8) y la adaptación al contexto de países de ingresos bajos y medianos (9) son otros factores que condicionan la transferencia de los resultados entre poblaciones.

Entre las limitaciones de esta revisión figuran el predominio de estudios sobre COVID-19 y gripe, la heterogeneidad de los modelos, de los datos y de las métricas de evaluación, y la escasez de estudios latinoamericanos. Al tratarse de una síntesis narrativa, no se realizó un metaanálisis, ni se aplicó una herramienta formal de riesgo de sesgo específica para estudios de modelización.

CONCLUSIÓN

Los modelos matemáticos son herramientas útiles para estimar los parámetros de transmisión, proyectar escenarios y comparar intervenciones durante los brotes epidémicos, pero su capacidad para predecir cifras exactas es limitada y disminuye con el horizonte temporal. Los pronósticos de conjunto, la transparencia de los supuestos y la actualización continua con datos de vigilancia de calidad mejoran su utilidad para la toma de decisiones en salud pública.

FINANCIAMIENTO

No monetario.

CONFLICTO DE INTERÉS

No existe conflicto de interés con personas o instituciones ligadas a la investigación.

AGRADECIMIENTOS

A UNIANDES.

REFERENCIAS

1. Holmdahl I, Buckee C. Wrong but useful — what Covid-19 epidemiologic models can and cannot tell us. N Engl J Med. 2020;383(4):303-5.

2. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia. N Engl J Med. 2020;382(13):1199-207.

3. Wu JT, Leung K, Leung GM. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. Lancet. 2020;395(10225):689-97.

4. Ioannidis JPA, Cripps S, Tanner MA. Forecasting for COVID-19 has failed. Int J Forecast. 2022;38(2):423-38.

5. Kucharski AJ, Russell TW, Diamond C, Liu Y, Edmunds J, Funk S, et al. Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study. Lancet Infect Dis. 2020;20(5):553-8.

6. Giordano G, Blanchini F, Bruno R, Colaneri P, Di Filippo A, Di Matteo A, et al. Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. Nat Med. 2020;26(6):855-60.

7. Flaxman S, Mishra S, Gandy A, Unwin HJT, Mellan TA, Coupland H, et al. Estimating the effects of non-pharmaceutical interventions on COVID-19 in Europe. Nature. 2020;584(7820):257-61.

8. Davies NG, Klepac P, Liu Y, Prem K, Jit M, CMMID COVID-19 working group, et al. Age-dependent effects in the transmission and control of COVID-19 epidemics. Nat Med. 2020;26(8):1205-11.

9. Mbogo RW, Orwa TO. SARS-COV-2 outbreak and control in Kenya - mathematical model analysis. Infect Dis Model. 2021;6:370-80.

10. Hellewell J, Abbott S, Gimma A, Bosse NI, Jarvis CI, Russell TW, et al. Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts. Lancet Glob Health. 2020;8(4):e488-96.

11. Chinazzi M, Davis JT, Ajelli M, Gioannini C, Litvinova M, Merler S, et al. The effect of travel restrictions on the spread of the 2019 novel coronavirus (COVID-19) outbreak. Science. 2020;368(6489):395-400.

12. Kraemer MUG, Yang CH, Gutierrez B, Wu CH, Klein B, Pigott DM, et al. The effect of human mobility and control measures on the COVID-19 epidemic in China. Science. 2020;368(6490):493-7.

13. Reich NG, Brooks LC, Fox SJ, Kandula S, McGowan CJ, Moore E, et al. A collaborative multiyear, multimodel assessment of seasonal influenza forecasting in the United States. Proc Natl Acad Sci U S A. 2019;116(8):3146-54.

14. Cramer EY, Ray EL, Lopez VK, Bracher J, Brennen A, Castro Rivadeneira AJ, et al. Evaluation of individual and ensemble probabilistic forecasts of COVID-19 mortality in the United States. Proc Natl Acad Sci U S A. 2022;119(15):e2113561119.

15. Chimmula VKR, Zhang L. Time series forecasting of COVID-19 transmission in Canada using LSTM networks. Chaos Solitons Fractals. 2020;135:109864.

Derechos de autor: 2026 Por los autores. Este artículo es de acceso abierto y distribuido según los términos y condiciones de la licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional (CC BY-NC-SA 4.0)
https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/