



Análisis preliminar de modelos SIRD para la predicción de la COVID-19: caso de la provincia de Holguín

Roberto Pérez Rodríguez^{1,2} <https://orcid.org/0000-0001-5741-5168>

Dagnier Antonio Curra Sosa¹ <https://orcid.org/0000-0001-5361-6536>

Luis Enrique Almaguer Mederos^{2,3} <https://orcid.org/0000-0003-0887-2359>

¹ Centro de Estudios de Diseño y Fabricación Asistidos por Computadora (CAD/CAM), Universidad de Holguín. Cuba

² Academia de Ciencias de Cuba

³ Centro para la Investigación y la Rehabilitación de las Ataxias Hereditarias; Holguín, Cuba

Autor para la correspondencia:

Roberto Pérez Rodríguez

Profesor Titular, Centro de Estudios de Diseño y Fabricación Asistidos por Computadora (CAD/CAM), Universidad de Holguín, Campus "Oscar Lucero Moya", Av. XX Aniversario s/n, Piedra Blanca, Holguín, CP 80100.

Correo electrónico: roberto.perez@uho.edu.cu

Palabras clave

predicción; COVID-19; modelos matemáticos; Holguín; SIRD

RESUMEN

La actual problemática generada por la aparición de la COVID-19 a escala mundial ha hecho que colapsen los sistemas sanitarios, incluso en países desarrollados, debido a la dinámica de su comportamiento, su alta tasa de transmisibilidad, el desconocimiento de muchos de los mecanismos de difusión del virus y los enfoques reactivos de los sistemas sanitarios. En este complejo panorama, se hace cada vez más necesario disponer de herramientas matemáticas que favorezcan la visualización de los posibles escenarios y comportamientos de la COVID-19 a escala nacional e incluso local. En el presente artículo se muestran algunas consideraciones preliminares de los modelos epidemiológicos para la predicción del comportamiento de la COVID-19. Se utilizó un modelo tipo SIRD para su aplicación en la provincia de Holguín.

Preliminary analysis of SIRD models for the prediction of COVID-19: case of the Province of Holguín

ABSTRACT

The current difficulties generated by the arrival of COVID-19 worldwide have collapsed health systems even in developed countries, because of the behavioral dynamics of the virus, its high rate of transmissibility, the unawareness of many of the virus's diffusion mechanisms

Keywords

prediction; COVID-19; mathematical models; Holguín; SIRD

and also because of the also because of the reactive approach by public systems. In this complex context, having mathematical tools helping visualize possible scenarios and behavior of COVID-19 at the national and even local levels becomes increasingly necessary. This article shows some preliminary considerations of epidemiological models for predicting the behavior of COVID-19. A SIRD model was used for its application in the Province of Holguín.

INTRODUCCIÓN

En la actualidad, la humanidad se encuentra en un periodo de emergencia sanitaria sin precedentes, que de manera acumulativa se ha ido agravando con la aparición hace décadas de virus como el del Nilo Occidental y otros que provocan enfermedades como el sida, el Ébola, el dengue, el zika, entre otros. A este proceso se le suma desde finales de 2019 la aparición del virus SARS-Cov-2, que ocasiona la COVID-19.⁽¹⁾ Esta última ha provocado que los sistemas sanitarios de países desarrollados hayan colapsado ante el comportamiento exponencial de su transmisión y su alta letalidad.

La amenaza global que plantean los patógenos microbianos se debe a los mecanismos no lineales de transmisión de enfermedades. Es decir, a medida que se reduce la prevalencia de una enfermedad, la densidad de las personas inmunes disminuye, la densidad de las personas susceptibles aumenta y es más probable que la enfermedad se manifieste. Las trayectorias temporales resultantes son difíciles de predecir sin considerar esta interacción no lineal⁽²⁾.

La modelación de enfermedades infecciosas se ha multiplicado en los últimos 40 años. Los actuales modelos utilizan una gran cantidad de enfoques, que abarcan desde las simulaciones basadas en agentes que representan cada individuo hasta modelos de compartimentación que agrupan a los individuos según su estatus epidemiológico, tales como la sensibilidad a infectarse y el grado de inmunización. Existen diversas escalas de modelación, que van desde la intrínseca hasta la modelación global (tabla 1, a partir de Fitzpatrick *et al.*⁽²⁾).

La modelación intrínseca se utiliza para simular interacciones entre células, respuestas inmunológicas y tratamientos farmacocinéticos. La modelación de individuos se encarga de explorar la relación existente entre los fallecidos y los niveles de los factores de riesgo de los individuos. Los modelos poblacionales capturan la difusión del agente patógeno a través de grupos poblacionales⁽³⁾, y en esta escala existen diversos modelos tales como el SIR (del inglés *susceptible-infectious-removed*, 'susceptible-infectado-recuperado') y otros. Los modelos metapoblacionales representan la transmisión de infecciones en escalas duales, considerando no solamente las interacciones entre individuos, sino también las interacciones entre grupos de individuos geográficamente distribuidos. Los modelos globales tienen en consideración la interacción a escala de países⁽²⁾.

Las evidencias científicas han demostrado que la COVID-19 se transmite de tres formas fundamentales: contacto (directo o indirecto), en gotículas y en forma de aerosol. Cualquiera de estas tres vías de transmisión es compleja y depende de múltiples factores, lo que hace más difícil su modelación y estudio⁽⁴⁾.

Al respecto se han multiplicado los estudios de análisis matemático para tratar desde diferentes puntos de vista la difusión de la COVID-19. Al igual que ocurre con la aparición exponencial de información relacionada con este virus, sucede con este tipo de análisis predictivo. En esta vorágine investigativa mundial por la búsqueda de soluciones casi en tiempo real, se hace necesario evaluar los modelos más congruentes y que se adapten mejor a las actuales circunstancias.

Tabla 1. Modelos de escala para la modelación de enfermedades infecciosas

Escala	Datos de entrada	Tipos de modelos
Intrínseca	Dinámica del virus, dosificación del tratamiento	Compartimiento, basado en individuos
Individual	Acceso a tratamientos, comorbilidad, comportamientos	Basado en individuos
Poblacional	Matrices de contacto, encuestas, tasas de coinfección	Compartimiento, redes
Metapoblacional	Patrones de migración	Metapoblacional
Global	Demografía específica de países, prevalencia y operadores	Compartimiento

En este sentido, el presente artículo pretende mostrar algunas consideraciones preliminares de los modelos epidemiológicos para la predicción del comportamiento de la COVID-19. En el siguiente epígrafe se muestran los trabajos más relevantes analizados, incluyendo algunos ejemplos de otros modelos matemáticos utilizados, a modo de comparación.

DESARROLLO

Modelos epidemiológicos aplicados a la COVID-19 en China

Anastassopoulou *et al.*⁽⁵⁾ realizan un análisis de los datos oficiales reportados de casos de la COVID-19 en Wuhan (Provincia de Hubei) en China, y logran ajustar los diferentes parámetros del modelo SIRD de predicción de la infección. Los autores evalúan dos posibles escenarios y concluyen que el modelo no describe la dinámica de comportamiento del virus; y cuestiona la incertidumbre de los datos de referencia.

Chen *et al.*⁽⁶⁾ desarrollan un modelo de red de transmisión BHRP (del inglés *bats-hosts-reservoir-people*, 'murciélagos-anfitriones-reservorio-personas') para simular la potencial transmisión desde la fuente de infección (suponiendo que fuesen los murciélagos) a los seres humanos. Como la red BHRP fue difícil de explorar con claridad, se simplificó el modelo como una red de transmisión RP (del inglés *reservoir-people*, 'reservorio-personas'). Se adoptó el enfoque de matriz de próxima generación para calcular el número de reproducción básica (R_0) para evaluar la transmisibilidad del SARS-CoV-2 (COVID-19). Los autores muestran incertidumbre en la determinación del valor de R_0 y exponen la inconsistencia de los datos utilizados para evaluar el modelo.

Jia *et al.*⁽⁷⁾ realizan un análisis predictivo de la COVID-19 en China utilizando tres tipos de modelos matemáticos (logístico, de Bertalanffy y de Gompertz). En el estudio comparativo, se obtuvo la mejor predicción con el modelo logístico. El estudio no analiza las variables determinantes en una proyección epidémica.

Lin *et al.*⁽⁸⁾ proponen un modelo conceptual para modelar el brote de la COVID-19 en Wuhan, con la consideración de la reacción conductual individual y de las acciones gubernamentales. Se utilizan las estimaciones de dos componentes clave de la pandemia de gripe de 1918 en Londres (Reino Unido), que son las introducciones zoonóticas y la emigración, y luego calculan las tendencias futuras. Solo es válido para futuras investigaciones.

Por su parte, Prem *et al.*⁽⁹⁾ estimaron los efectos de las medidas de distanciamiento físico en la progresión de la epidemia de la COVID-19. Se utilizaron patrones de contacto específicos de la ubicación en Wuhan y las adaptaron al

cierre de escuelas, centros de trabajo y una reducción en la movilidad de la población. Se utilizó el modelo SEIR (del inglés *susceptible-exposed-infectious-removed*, 'susceptible-expuesto-infectado-recuperado') para varias medidas de distanciamiento físico. Se evidenció la efectividad de estas medidas progresivas de manera escalonada, en función de la duración de la infección y el papel que tienen los escolares en la epidemia. Se constata que existen limitaciones en el análisis, incluidas las incertidumbres en torno a las estimaciones de R_0 y la duración de la infección.

En otro estudio, Tang *et al.*⁽¹⁰⁾ estiman el número de reproducción básica mediante modelos matemáticos para determinar el potencial y la gravedad de un brote, y de esta forma proporcionar información crítica para identificar el tipo de intervenciones que realizar. Las estimaciones basadas en la probabilidad y el análisis del modelo muestran que el número de reproducción de control puede ser tan alto como 6,47. Los análisis de sensibilidad muestran que las intervenciones, como el rastreo intensivo de contactos seguido de cuarentena y aislamiento, pueden reducir efectivamente el número de reproducción de control y el riesgo de transmisión.

Autores como Wu *et al.*⁽¹¹⁾, Kucharski *et al.*⁽¹²⁾ y Zhang *et al.*⁽¹³⁾ proporcionan una estimación del tamaño de la epidemia en Wuhan sobre la base del número de casos exportados a otras ciudades y se pronostica el alcance de los riesgos de la epidemia. El número reproductivo básico se estimó utilizando los métodos de las cadenas de Markov, el método de Monte Carlo y las redes bayesianas. Se hace énfasis en la ocurrencia de brotes independientes autosostenibles en otras ciudades, que podrían volverse inevitables, debido a la exportación sustancial de casos presintomáticos y en ausencia de intervenciones de salud pública a gran escala.

Li *et al.*⁽¹⁴⁾ establecen un modelo dinámico de enfermedades infecciosas y un modelo de series temporales para predecir la tendencia y la predicción a corto plazo de la transmisión de la COVID-19, denominado SEIQDR (del inglés *susceptible-exposed without the typical symptoms of infection-infectious-quarantined suspected-removed*, 'susceptible-expuesto sin síntomas-infectado-sospechoso en cuarentena-recuperado'). Los resultados del análisis de sensibilidad muestran que el tiempo que tarda una población sospechosa en ser diagnosticada como población confirmada puede tener un impacto significativo en el tamaño máximo y la duración del número acumulado de diagnósticos. Las medidas de intervención gubernamentales adoptadas en la etapa inicial de la epidemia tuvieron un efecto crucial sobre la propagación.

Yang y Wang⁽¹⁵⁾ proponen un modelo matemático para investigar el brote de la COVID-19 en Wuhan, China. Describen las múltiples vías de transmisión en la dinámica de la

infección y enfatizan el papel del reservorio ambiental en la transmisión y propagación de esta enfermedad. El modelo utiliza tasas de transmisión no constantes que cambian con el estado epidemiológico y las condiciones ambientales y que reflejan el impacto de las medidas de control.

Jia et al. ⁽⁷⁾ adoptan tres modelos matemáticos diferentes. Los resultados mostraron diferentes conductas; en general el modelo Logístico obtuvo mejores comportamientos, mientras que el modelo de ajuste Gompertz fue mejor que el de Bertalanffy.

En la tabla 2 se muestra un análisis de los modelos epidemiológicos sobre la modelación de la COVID-19, específicamente con datos de Wuhan (China), las variables fundamentales que se tuvieron en cuenta y las observaciones que se identificaron.

En los modelos evaluados, se puede observar que:

- Además de la transmisión local autóctona, la variabilidad de la magnitud de población susceptible e infectada está en correspondencia con el ingreso de personal infectado a la región de estudio desde el exterior (casos importados).

Por tanto, en los modelos debe considerarse la inclusión de un parámetro para el control de la propagación desde fuentes externas, que complemente su similar (tasa de infección local).

- Debido a los rasgos distintivos de este virus, la distinción entre personas con síntomas y las denominadas asintomáticas obedece a la fortaleza de las defensas de los individuos afectados y, como consecuencia, la concentración del virus en los primeros es superior que en los segundos. Así, se supone que, en el contacto con personal susceptible, la velocidad de transmisión de cada clase es diferente, hecho contemplado en algunos de los modelos como tasas de propagación.
- Es conocida la vulnerabilidad al virus de las personas que presentan enfermedades como hipertensión arterial, diabetes, cardíacas y otras enfermedades crónicas, que proporcionan la mayor probabilidad de muertes por la enfermedad. En los modelos revisados, la ecuación que controla el número de fallecidos contiene un factor de mortalidad que abarca todos los casos de decesos sin

Tabla 2. Estudios recientes de modelación de la COVID-19 en Wuhan, China

(Autores) Modelo utilizado	Variables fundamentales evaluadas	Observaciones
(5) SIRD	R_0 , Tasa de fallecidos, tasa de recuperación	El modelo no describe la dinámica de comportamiento del virus y cuestiona la incertidumbre de los datos de referencia
(6) BHRP, RP	R_0 , parámetros de los murciélagos, de las personas y de los hospederos	Existe incertidumbre en la determinación del valor de R_0 y se muestra inconsistencia de los datos utilizados para evaluar el modelo
(7) Logístico, Bertalanffy, Gompertz	R^2	El estudio no analiza las variables determinantes en una proyección epidémica
(8) SEIR	Tasa de transmisión, transmisión zoonótica	Constituye un modelo conceptual primario, válido para futuras investigaciones
(9) SEIR	R_0 medidas de contención, tasa de transmisión, distanciamiento	Se constata que existen limitaciones en el análisis, incluidas incertidumbres en torno a las estimaciones de R_0 y la duración de la infección
(10) SEIR	Tasa de contacto, probabilidad de transmisión, medidas de intervención	Modela la efectividad de las medidas de intervención del estado en la difusión del virus
(11), (12), (13) Cadenas de Markov, método de Monte Carlo, redes Bayesianas	R_0 , período de incubación, tasa de fallecidos, casos hospitalizados	Se hace énfasis en la ocurrencia de brotes en otras ciudades debido a la exportación de casos presintomáticos
(14) SEIQDR	Tasa de incidencia, tasa de fallecidos, tasa de sospechosos, tasa de confirmados	El tiempo de diagnóstico de la población sospechosa puede tener un impacto significativo en el tamaño del número acumulado de diagnósticos
(15) SEIR	Tasas de transmisión, tasa de fallecidos, tasa de recuperados, período de incubación	Describen las múltiples vías de transmisión en la dinámica de la infección y enfatizan el papel del reservorio ambiental

R_0 : número de reproducción; R^2 : coeficiente de regresión

distinción. De este modo, se pierde en precisión en los pronósticos de este apartado. De igual forma, el sector más envejecido de la población es también frágil al contagio y aporta la mayor parte de los fallecidos, al contrario de los recuperados. Es menester diferenciar en los modelos las tasas de mortalidad y de recuperación para los grupos etarios, de modo que expliquen mejor la evolución de los fallecidos y de los recuperados.

- Las suposiciones con respecto al período de incubación del virus, así como la duración desde el estado confirmado hasta la recuperación o el fallecimiento, difieren según las investigaciones realizadas en las poblaciones de estudio. En este sentido, no se tiene una concepción generalizada (global), puesto que hasta el momento se desconocen los factores de incidencia en dicho aspecto. Es por ello que, en los modelos revisados, se aprecian particularidades referidas a la población de estudio. Ese hecho no permite homologar su aplicación en otras urbes, cuando tampoco se explica la selección de valores de las tasas que consideran.
- Las medidas de prevención a diferentes niveles establecidas por los gobiernos para evitar la propagación del virus (aislamiento social, cuarentenas, higiene personal, uso de medios de protección, etc.) tienen una significatividad en su contención efectiva. Este aspecto influye directamente en las diferentes tasas comprendidas en los modelos planteados, donde no se hace referencia a la medida de su contribución por el carácter estocástico que los caracteriza.
- El estudio incipiente de la enfermedad no descarta la posibilidad de un rebrote, pues no existe garantía de inmunidad al virus luego de la recuperación. Este aspecto no es contemplado en la ecuación que controla el personal infectado, y bien puede añadirse como un término de baja magnitud.
- Hasta el momento, las investigaciones realizadas se han concentrado en regiones específicas, por lo que no se ha arribado a conclusiones con respecto a la incidencia de factores ambientales (temperatura ambiental, humedad relativa, etc.) que puedan ser expresadas en los modelos planteados a través de rangos determinantes.

Modelo preliminar SIRD para la predicción a corto plazo de la COVID-19 en la provincia de Holguín

En Cuba se tienen modelos predictivos de la diseminación de la COVID-19 orientados hacia una visión de mediano y largo plazo, ya publicados en diferentes medios de la prensa nacional ⁽¹⁶⁾. Para el análisis preliminar del caso de la provincia

de Holguín se estudió la evolución de la enfermedad a partir de los reportes de casos confirmados, los pacientes recuperados y las lamentables pérdidas hasta el momento, durante el período que comprende desde el 18 de marzo de 2020 (primera detección de casos positivos importados) hasta el día 25 de abril de 2020 ^(17, 18). Se adoptó el enfoque según el modelo SIRD planteado por Anastassopoulou *et al.* ⁽⁵⁾ que en esencia plantea el siguiente sistema de ecuaciones:

$$S(t) = S(t-1) - \frac{\alpha}{N} S(t-1) E(t-1) \quad (1)$$

$$E(t) = E(t-1) + \frac{\alpha}{N} S(t-1) E(t-1) - \beta E(t-1) - \gamma E(t-1) \quad (2)$$

$$R(t) = R(t-1) + \beta E(t-1) \quad (3)$$

$$F(t) = F(t-1) + \gamma E(t-1) \quad (4)$$

donde $S(t)$, $E(t)$, $R(t)$ y $F(t)$ representan la cantidad de personas susceptibles, enfermas, recuperadas y fallecidas, respectivamente, en el tiempo t (que en este caso representa días), para una población de tamaño N ; siendo los parámetros α , β y γ las tasas diarias de infección, recuperación y mortalidad respectivamente. Las condiciones iniciales para la provincia de Holguín fueron:

$$S(0) = N = 1039000 \quad E(0) = 1 \quad R(0) = 0 \quad F(0) = 0 \quad (5)$$

desde las cuales se contabilizaron diariamente, a partir de los partes sanitarios emitidos por el MINSAP, la cantidad de personas que fueron ubicándose en cada grupo según su condición, así como los valores de las tasas declaradas que caracterizan la evolución de la situación epidemiológica.

En el enfoque propuesto, durante los días de estudio, se calcularon las tres tasas por día de modo que los valores reales y estimados coincidieran exactamente para los grupos de personas enfermas, recuperadas y fallecidas, desplazando el error para el grupo de personas susceptibles como el de menor importancia de todos. Hasta el momento, los autores no han encontrado una ley de formación para las tasas y, por tanto, según la aproximación observada entre el valor de las tasas en el tiempo t con el promedio ponderado de las tres anteriores por el número del día, se asumieron los tres valores siguientes a partir de la expresión:

$$T(t+k) \cong \frac{1}{3} \sum_{i=t+k-3}^{t+k-1} \frac{iT(i)}{t+k-2}, \quad k = 1, 2, 3 \quad (6)$$

para $T = \{\alpha, \beta, \gamma\}$.

Así, se muestra en la figura 1 el pronóstico de tres días para la provincia de Holguín. Nótese que, debido a la sencillez de estos modelos y su carencia en el control de otros aspectos de diversa naturaleza, no se sugiere pronosticar períodos mayores de tiempo puesto que no tendría rigor científico. Además, en la medida de la actualización diaria, las tasas estimadas adquirirán su valor real, hecho que modificará sus valores estimados en los días siguientes. La figura 1 muestra el período de estudio y el pronóstico de tres días para los grupos considerados.

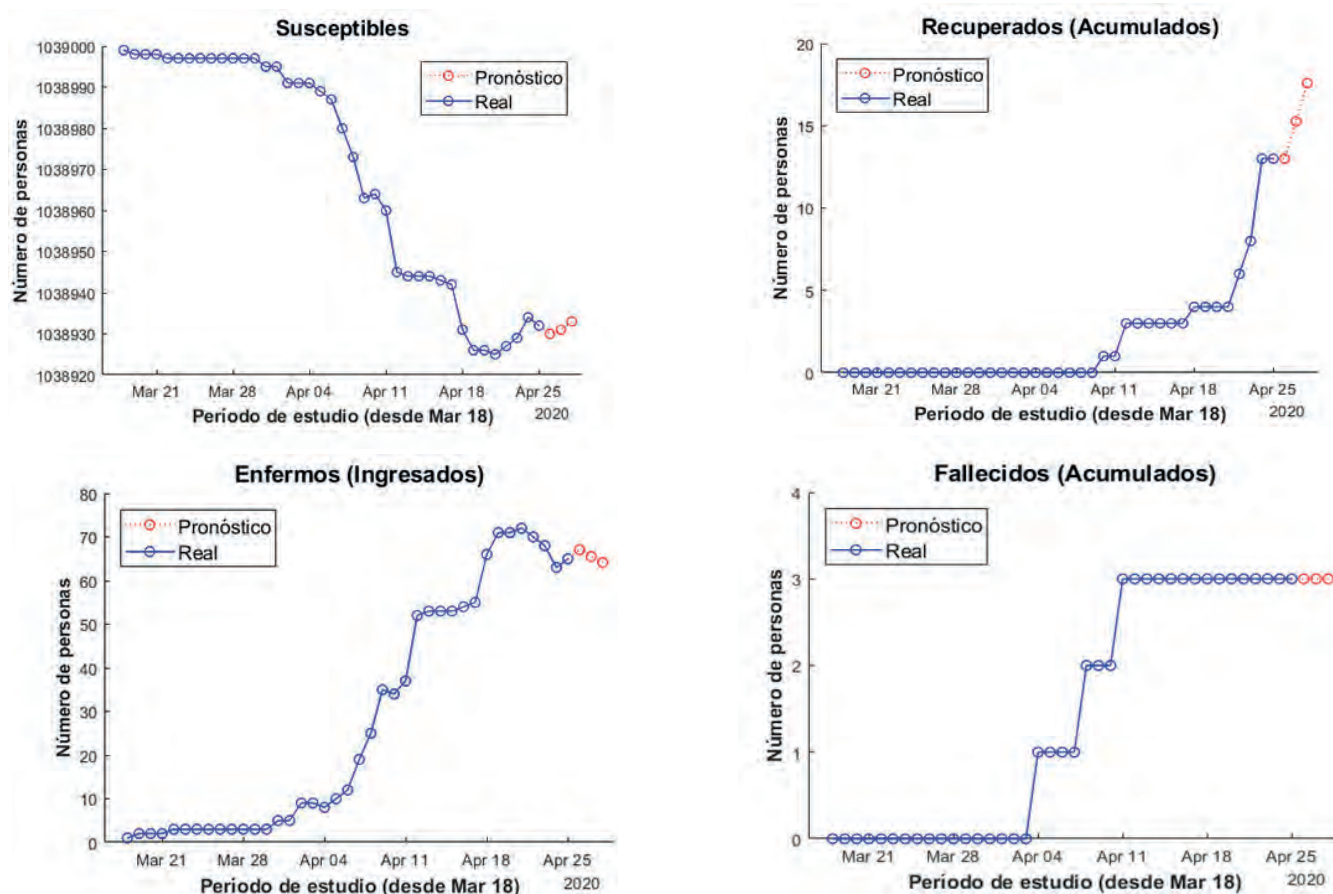


Fig. 1. Estimación de casos por grupos de estudio en la provincia de Holguín.

En la tabla 3 se resume la información relativa al pronóstico. Nótese que esta evaluación se hace en una provincia que se encuentra en una fase primaria de difusión de la epidemia, por tanto, no se cuenta con una data histórica relevante que favorezca la utilización de modelos o criterios para realizar pronósticos de mayor plazo.

El pronóstico de los casos confirmados positivos en los 3 días siguientes mostrados en la tabla 3 también se puede apreciar en la figura 2 a partir de la tendencia sigmoïdal que tiene su comportamiento. Se observa una banda con un 95 % de confianza en la estimación y pronóstico de los casos confirmados positivos. A medida que evolucione la epidemia, tanto la curva media como dicha banda cambiarán su comportamiento, pero siempre tendrán una tendencia creciente hacia la estabilización.

En la figura 3 se muestra la cantidad de pacientes hospitalizados, cuya progresión estará en función de los nuevos casos, las altas y fallecidos. En este caso, el objetivo es que se tienda a cero, lo cual será logrado cuando la tasa de recuperación sea muy superior a la tasa de infectados.

En el análisis particular de los casos confirmados positivos y los pacientes enfermos hospitalizados, se determinó la tendencia a partir de modelos matemáticos característi-

cos para su comportamiento y su nivel de ajuste a partir del coeficiente de determinación (R^2) y el error cuadrático medio (RMSE) (Tabla 4).

Si bien estos modelos permiten una apreciación para la toma de decisiones, su comportamiento real dependerá de la adopción y cumplimiento de las diferentes medidas e indicaciones de prevención orientadas por el gobierno, el MINSAP y la Defensa Civil de Cuba. La tendencia incremental observada puede estabilizarse si se acata la disciplina y se adopta un comportamiento social adecuado por parte de la población.

CONCLUSIONES

Se expusieron algunas consideraciones preliminares acerca de los modelos epidemiológicos para la predicción del comportamiento de la COVID-19, fundamentalmente los referidos a China. Para el caso de estudio analizado de la provincia de Holguín, se utilizó un modelo tipo SIRD, ajustado con tasas de análisis locales que permite predicciones a muy corto plazo. En este estudio preliminar solo se consideran las variables esenciales, por lo que es necesario continuar profundizando en otras, como pueden ser la incidencia de las medidas gubernamentales que se han tomado, las fases de la epidemia, la persistencia temporal, la movilidad social, entre otras.

Tabla 3. Resumen de pronósticos para el caso de la provincia de Holguín

Fecha	Confirmados	Enfermos (ingresados)	Recuperados (acumulados)	Fallecidos (acumulados)	Susceptibles
25/04/2020	81	65	13	3	1038932
26/04/2020	83	67	13	3	1038930
27/04/2020	84	66	15	3	1038931
28/04/2020	85	64	18	3	1038933

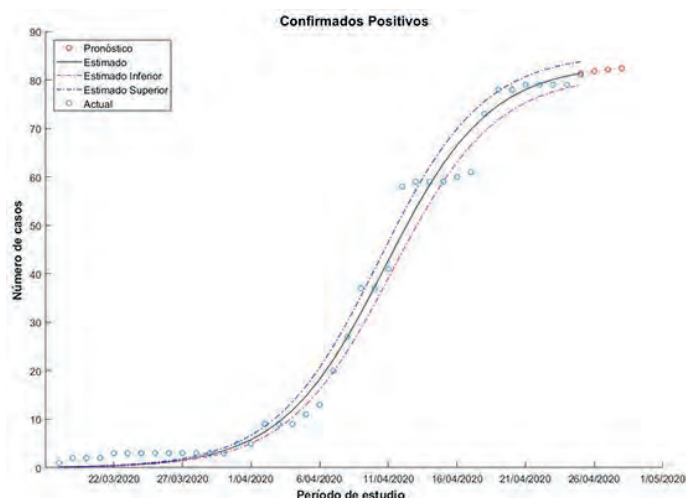


Fig. 2. Pronóstico de los casos confirmados positivos en tres días en la provincia de Holguín.

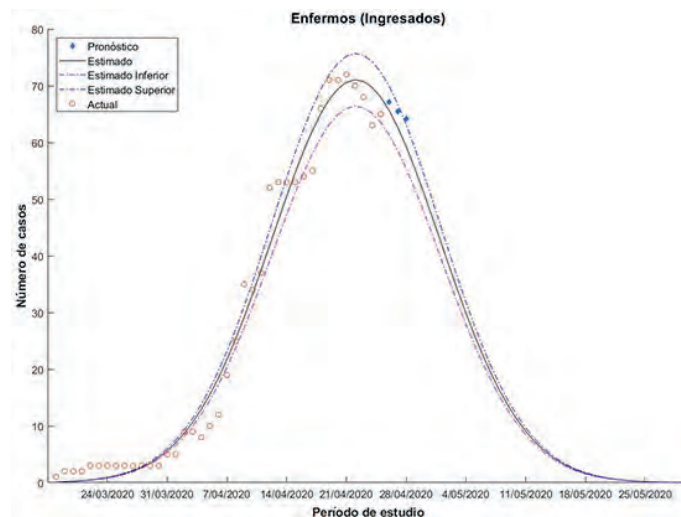


Fig. 3. Estimación y pronóstico de cantidad de pacientes ingresados en la provincia de Holguín.

Tabla 4. Modelos de ajuste utilizados

Indicador	Modelo de ajuste	Coefficientes	Intervalos de confianza (95 %)	R ²	RMSE
Confirmados positivos (fig. 2)	$\frac{a}{1 + e^{-bx+c}}$	$a=83,25$ $b=0,265$ $c=6,569$	[81,03; 85,47] [0,257; 0,273] [6,443; 6,695]	0,9907	3,214
Enfermos ingresados (fig. 3)	$\frac{a}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$	$a=1746$ $\mu=36,09$ $\sigma=9,804$	[1632; 1860] [35,36; 36,83] [9,11; 10,5]	0,9837	3,67

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Verity R, Okell LC, Dorigatti I, Winskill P, Whittaker C, Imai N, et al. Estimates of the severity of coronavirus disease 2019: a model-based analysis. *Lancet Infection Disease* [Internet]. 2020; March 30. Available from: [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30243-7](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30243-7).
- Fitzpatrick MC, Bauch CT, Townsend JP, Galvani AP. Modelling microbial infection to address global health challenges. *Nature Microbiology*. 2019;4(October):1612-9.
- Blackwood JC, Childs LM. An introduction to compartmental modeling for the budding infectious disease modeler. *Letters in Biomathematics*. 2018;5(1):195-221.
- Kutter JS, Spronken MI, Fraaij PL, Fouchier RA, Herfst S. Transmission routes of respiratory viruses among humans. *Current Opinion in Virology*. 2018;28:142-51.
- Anastassopoulou C, Russo L, Tsakris A, Siettos C. Data-based analysis, modelling and forecasting of the COVID-19 outbreak. *PLoS ONE*. 2020;15(3):1-21.

6. 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. *Infectious Diseases of Poverty*. 2020;9(24):1-8.
7. Jia L, Li K, Jiang Y, Guo X, Zhao T. Prediction and analysis of Coronavirus Disease 2019. *arXiv [Internet]*. 2020. Available from: <https://arxiv.org/abs/2003.05447>.
8. Lin Q, Zhao S, Gao D, Lou Y, Yang S, Musa SS, et al. A conceptual model for the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in Wuhan, China with individual reaction and governmental action. *International Journal of Infectious Diseases*. 2020;93:211-6.
9. Prem K, Liu Y, Russell TW, Kucharski AJ, Eggo RM, Davies N. The effect of control strategies to reduce social mixing on outcomes of the COVID-19 epidemic in Wuhan, China: a modelling study. *The Lancet Public Health [Internet]*. 2020. Available from: [https://doi.org/10.1016/S2468-2667\(20\)30073-6](https://doi.org/10.1016/S2468-2667(20)30073-6).
10. Tang B, Wang X, Li Q, Bragazzi NL, Tang S, Xiao Y, et al. Estimation of the Transmission Risk of the 2019-nCoV and Its Implication for Public Health Interventions. *Journal of Clinical Medicine*. 2020;9(462).
11. 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(February 29):689-97.
12. 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 Infection Disease [Internet]*. 2020; March 11. Available from: [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30144-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30144-4).
13. Zhang J, Litvinova M, Wang W, Wang Y, Deng X, Chen X, et al. Evolving epidemiology and transmission dynamics of coronavirus disease 2019 outside Hubei province, China: a descriptive and modelling study. *Lancet Infection Disease [Internet]*. 2020;[10 p.]. Available from: [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30230-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30230-9).
14. Li Y, Wang B, Peng R, Zhou C, Zhan Y, Liu Z, et al. Mathematical modeling and epidemic prediction of COVID-19 and its significance to epidemic prevention and control measures. *Annals of Infectious Disease and Epidemiology*. 2020;5(1):1-9.
15. Yang C, Wang J. A mathematical model for the novel coronavirus epidemic in Wuhan, China. *Mathematical Biosciences and Engineering*. 2020;17(3):2708-24.
16. del-Prado N. Matemática y Teleinformática frente a la COVID-19, en sinergia con el comportamiento humano: CubaDebate; 2020 [cited 2020 15.04.2020]. Available from: http://www.cubadebate.cu/opinion/2020/04/10/matematica-y-teleinformatica-frente-a-la-covid-19-en-sinergia-con-el-comportamiento-humano/#.XqlEr4_B_IU.
17. Covid19CubaData. Tablero estadístico interactivo sobre la COVID-19 en Cuba 2020 [cited 2020 15.04.2020]. Available from: <https://covid19cubadata.github.io/#cuba>.
18. Pichs-Rodríguez L, Fernández-Fernández A. Covid-19 Holguín 2020 [cited 2020 26.04.2020]. Available from: <http://www.ahora.cu/es/multimedia/infografia/8148-covid-19-holguin>.

Contribución de autoría. Roberto Pérez Rodríguez concibió y diseñó el estudio a realizar, la identificación de los datos, modelos y variables a analizar. Dagnier Antonio Curra Sosa desarrolló el modelo SIRD en programación sobre MatLab y lo evaluó con los datos reales. Luis Enrique Almaguer Mederos analizó los datos y la correspondencia con los resultados obtenidos.

