

Una revisión de la evolución de los modelos SIR y SEIR desde el COVID-19 hasta las variantes actuales

A review of the evolution of SIR and SEIR models from COVID-19 to current variants

RESUMEN

La pandemia de COVID-19 aceleró la aplicación y el desarrollo de modelos matemáticos de transmisión, en particular los modelos compartimentales SIR (susceptibles, infecciosos y recuperados) y SEIR (susceptibles, expuestos, infecciosos y recuperados). Estos modelos ayudaron a estudiar la dinámica epidémica, estimar parámetros, comparar intervenciones y anticipar necesidades sanitarias, pero tuvieron que adaptarse a cambios en el comportamiento social, vacunación, inmunidad menguante y aparición de variantes. El objetivo de este artículo es revisar la evolución de los modelos SIR y SEIR desde las primeras etapas de COVID-19 hasta los linajes de SARS-CoV-2 bajo seguimiento en 2026. Se realizó una revisión narrativa de literatura científica y fuentes institucionales publicadas entre 2020 y 2026. La síntesis aborda los modelos clásicos, las extensiones con exposición latente, hospitalización, vacunación, múltiples variantes, heterogeneidad y parámetros variables en el tiempo, así como sus limitaciones predictivas. La evidencia indica que SIR y SEIR siguen siendo marcos útiles por su interpretabilidad, pero su aplicación contemporánea requiere datos actualizados, consideración de inmunidad previa, validación y análisis de incertidumbre. Las variantes no obligan a abandonar estos modelos, sino a parametrizarlos y evaluarlos continuamente.

PALABRAS CLAVE: modelo SIR, modelo SEIR, COVID-19, variantes de SARS-CoV-2, epidemiología matemática.

ABSTRACT

The COVID-19 pandemic accelerated the application and development of mathematical models of disease transmission, particularly compartmental SIR (susceptible, infectious, recovered) and SEIR (susceptible, exposed, infectious, recovered) models. They supported epidemic analysis, parameter estimation, intervention comparisons, and healthcare planning, but required adaptation to changing social behavior, vaccination, waning immunity, and emerging variants. This article reviews the evolution of SIR and SEIR models from the early stages of COVID-19 to SARS-CoV-2 lineages monitored in 2026. A narrative review of scientific literature and institutional sources published between 2020 and 2026 was conducted. The synthesis covers classical models and extensions for latency, hospitalization, vaccination, multiple variants, heterogeneity, and time-varying parameters, as well as forecasting limitations. SIR and SEIR remain useful because they are interpretable, but contemporary use requires updated data, consideration of prior immunity, validation, and explicit uncertainty analysis. New variants do not make these models obsolete; they require continuous parameterization and evaluation.

KEYWORDS: SIR model, SEIR model, COVID-19, SARS-CoV-2 variants, mathematical epidemiology.

TRANSFORMACIÓN DIGITAL Y CONOCIMIENTO

Recepción: 01/10/2026

Aceptación: 17/10/2026

Publicación: 31/12/2026

AUTOR/ES

-  MSc. Cabrera Romero Martha Julissa
-  MSc. Faican Labanda Janine Elizabeth
-  Lic. Espinoza Velez Victoria Fernanda
-  Lic. Leon Zumba Sabrina Zulema

-  juliicabrera22@gmail.com
-  janine.faican@educacion.gob.ec
-  vikiespinozav@gmail.com
-  leon.zulema@gmail.com

-  Unidad Educativa Fiscomisional
-  Hualcopo Duchicela
-  Unidad Educativa Fiscomisional
-  Hualcopo Duchicela
-  Colegio Primero De Mayo
-  Investigador Independiente

-  Zamora Chinchipe - Ecuador
-  Zamora Chinchipe - Ecuador
-  Zamora Chinchipe - Ecuador
-  Zamora Chinchipe - Ecuador

CITACIÓN:

Cabrera, M. Faican, J. Espinoza, V. & León, S. (2026). Una revisión de la evolución de los modelos SIR y SEIR desde el COVID-19 hasta las variantes actuales. Revista InnovaSciT. 4 (2.). p. 1419 – 1426.

INTRODUCCIÓN

Los modelos matemáticos de enfermedades infecciosas representan de forma simplificada cómo una infección se propaga en una población. Los modelos compartimentales dividen a las personas según su estado epidemiológico. El SIR distingue susceptibles, infecciosos y recuperados; el SEIR añade una etapa de exposición o latencia antes de que una persona se vuelva infecciosa. Aunque ambos modelos son anteriores a la pandemia, COVID-19 renovó su relevancia al exigir estimaciones rápidas sobre contagios, tiempos de transmisión, intervenciones y demanda sanitaria.

Durante las primeras fases de la pandemia, los modelos operaron con datos incompletos, pruebas limitadas, incertidumbre sobre la transmisión presintomática y cambios rápidos en las políticas públicas. Saldaña y Velasco-Hernández (2021) describen cómo la epidemiología matemática amplió los modelos clásicos para estudiar heterogeneidad, eventos de superpropagación, intervenciones no farmacológicas, vacunación, evolución viral y escape inmunitario. La pandemia no sustituyó los principios de SIR y SEIR, sino que mostró los límites de sus versiones más simples.

La aparición de variantes alteró sucesivamente los parámetros y supuestos. Alpha y Delta se asociaron con cambios relevantes en la transmisión; Omicron y sus descendientes plantearon desafíos adicionales por su expansión en poblaciones con inmunidad derivada de infección o vacunación. Para modelar estos cambios es necesario distinguir transmisibilidad, escape inmunitario, duración de la protección y gravedad clínica.

A octubre de 2026, la Organización Mundial de la Salud (OMS) mantiene la vigilancia de los linajes de SARS-CoV-2. Su resumen para el periodo del 16 de agosto al 13 de septiembre de 2026 enumera JN.1 como variante de interés y XFG, NB.1.8.1, PQ.16.1.1 y BA.3.2 entre las variantes bajo seguimiento (World Health Organization [WHO], 2026a, 2026b). Estas categorías son dinámicas y no indican por sí solas que cada linaje tenga mayor gravedad.

El objetivo de este artículo es revisar la evolución de los modelos SIR y SEIR desde el comienzo de COVID-19 hasta las variantes monitorizadas en la actualidad, describir sus extensiones y analizar sus fortalezas, limitaciones y criterios de uso. La pregunta orientadora es: ¿qué modificaciones metodológicas permiten que los modelos compartimentales sigan siendo útiles ante variantes, inmunidad cambiante y datos imperfectos?

MÉTODO Y MATERIALES

Se realizó una revisión bibliográfica narrativa de publicaciones entre 2020 y 2026. Se consideraron artículos científicos sobre modelización matemática de COVID-19 y sus variantes, revisiones de epidemiología matemática y fuentes institucionales de vigilancia de SARS-CoV-2. La búsqueda dirigida empleó términos como modelo SIR, modelo SEIR, COVID-19 mathematical modelling, multi-strain SEIR, Omicron, variant dynamics, immune escape y SARS-CoV-2 variant tracking.

Se priorizaron fuentes que explicaran supuestos de los modelos, presentaran aplicaciones a COVID-19 o describieran la vigilancia de variantes. La síntesis se organizó en cinco temas: modelos clásicos, adaptaciones iniciales, vacunación e inmunidad, modelos multivariante y situación actual, y límites de interpretación. Esta revisión no constituye una revisión sistemática exhaustiva ni un metaanálisis; no se combinaron estimaciones numéricas de estudios con poblaciones y supuestos distintos.

ANÁLISIS DE RESULTADOS

1. Fundamentos de los modelos SIR y SEIR

El modelo SIR divide a la población en S (susceptibles), I (infecciosos) y R (recuperados o personas retiradas de la transmisión). En su formulación clásica, la población total se considera constante y las transiciones se representan mediante ecuaciones diferenciales. La tasa de transmisión regula el paso de susceptibles a infectados, mientras que la tasa de recuperación determina la salida del compartimento infeccioso.

El SEIR añade E, un compartimento de personas infectadas que se encuentran en fase de latencia antes de convertirse en infecciosas. Esta distinción resulta importante para COVID-19, pues existe un intervalo entre adquirir la infección y poder transmitirla. Sin embargo, E no significa necesariamente ausencia absoluta de transmisión: depende de la definición epidemiológica del modelo.

El número reproductivo básico R_0 representa el número esperado de infecciones secundarias que genera una persona infecciosa en una población completamente susceptible bajo condiciones especificadas. El número reproductivo efectivo R_t refleja condiciones cambiantes, incluidas inmunidad, conducta e intervenciones. Ninguno es una propiedad inmutable del virus: ambos dependen del contexto, la población, el periodo y los supuestos.

Los modelos básicos son transparentes y relativamente fáciles de comunicar, pero simplifican la realidad. Suelen asumir mezcla homogénea, parámetros constantes y estados epidemiológicos definidos de manera clara. Durante una pandemia, estas hipótesis pueden ser poco realistas debido a diferencias de edad, movilidad, ocupación, inmunidad y acceso a pruebas. La evolución metodológica consistió en conservar la estructura compartimental y añadir complejidad cuando los datos y la pregunta lo justificaban.

2. Primera etapa de COVID-19: medidas no farmacológicas

En 2020, SIR y SEIR se adaptaron para representar la propagación de SARS-CoV-2 bajo incertidumbre. Los modelos SEIR incorporaban la latencia; otros añadieron estados para casos detectados, aislamiento, hospitalización, cuidados intensivos y fallecimientos. La estructura dependía de la pregunta: estimar transmisión comunitaria no requiere el mismo detalle que proyectar camas hospitalarias.

Las medidas no farmacológicas —distanciamiento, mascarillas, aislamiento y cambios de movilidad— se representaron mediante parámetros de transmisión variables en el tiempo o

redes de contacto. Saldaña y Velasco-Hernández (2021) destacan que la heterogeneidad de contactos y los eventos de superpropagación ayudan a explicar por qué la transmisión no se distribuye uniformemente. Un único promedio puede ocultar diferencias entre hogares, centros laborales, escuelas y reuniones masivas.

Los primeros pronósticos enfrentaron problemas de observación. Los casos notificados dependían de las pruebas disponibles, las definiciones de caso y los retrasos de reporte; por ello, los casos observados no equivalían al total real de infecciones. Distintos conjuntos de parámetros podían producir curvas parecidas, lo que dificulta identificar de manera única los mecanismos reales. Se hizo necesario contrastar los resultados con hospitalizaciones, seroprevalencia, mortalidad y otras fuentes.

El aprendizaje central fue que una curva de casos no constituye por sí sola una explicación del mecanismo epidémico. Las proyecciones deben explicitar supuestos e incertidumbre y entenderse como escenarios condicionales —qué ocurriría si se mantienen determinadas condiciones—, no como predicciones infalibles.

3. Vacunación, inmunidad y estructura por edad o riesgo

Con el despliegue de vacunas y la acumulación de infecciones previas, las versiones básicas resultaron insuficientes para representar la heterogeneidad de la inmunidad. Se incorporaron compartimentos para personas vacunadas, parcialmente protegidas, previamente infectadas y susceptibles de reinfección. Algunos modelos diferenciaron protección frente a infección, enfermedad sintomática, hospitalización y muerte, porque estos efectos no son equivalentes.

La inmunidad menguante puede representarse mediante transiciones desde un estado protegido hacia otro de mayor susceptibilidad. También pueden incorporarse dosis de refuerzo y tiempo desde la vacunación. Sin embargo, cada compartimento adicional requiere datos y parámetros; si la información es escasa, un modelo más complejo puede aparentar precisión sin mejorar las estimaciones.

La estratificación por edad y riesgo clínico permite diferenciar contactos, probabilidad de enfermedad grave y uso de servicios sanitarios. Para proyectar hospitalizaciones es importante separar la dinámica de infección de la probabilidad de progresar a enfermedad grave. La inmunidad previa, los tratamientos, las comorbilidades y la distribución de edades pueden modificar la carga hospitalaria incluso cuando aumentan las infecciones.

Estas extensiones muestran que la estructura debe elegirse según el objetivo. Un modelo de transmisión requiere caracterizar contactos y susceptibilidad; uno para planificación hospitalaria necesita traducir infecciones en ingresos, estancia y ocupación; y uno para comparar vacunación debe representar cobertura, efectividad y tiempo desde la dosis.

4. Variantes de SARS-CoV-2 y modelos multivariante

La evolución viral hizo necesario representar varias variantes circulando simultáneamente. Los modelos multivariante dividen a las personas infecciosas por linaje y permiten que personas susceptibles se infecten con diferentes variantes. Para cada linaje pueden estimarse parámetros de transmisión y duración infecciosa; también pueden añadirse diferencias en escape inmunitario y gravedad si los datos las respaldan. La competencia entre variantes puede explicar el reemplazo de un linaje, aunque el crecimiento observado también depende de inmunidad y patrones de contacto.

Kim et al. (2024) desarrollaron un modelo SEIR para múltiples variantes de preocupación, ilustrando cómo se amplía el marco compartimental. Negi et al. (2024) analizaron la dinámica de dos variantes en India mediante modelos compartimentales. Estos estudios muestran que una tasa promedio para todo SARS-CoV-2 puede resultar insuficiente cuando los linajes difieren en características epidemiológicas. Omicron y sus descendientes reforzaron la necesidad de separar transmisibilidad y escape inmunitario. Una variante puede expandirse porque se transmite con mayor facilidad, porque evade parcialmente la inmunidad existente o por una combinación de factores. Los modelos que atribuyen todo el crecimiento a mayor transmisibilidad pueden confundir mecanismos distintos. Para diferenciarlos se necesitan datos de secuenciación, historia de vacunación e infección y estimaciones de riesgo por variante.

En 2026, la OMS mantiene un sistema de seguimiento de variantes que se actualiza conforme cambia la evidencia. El tablero global para el periodo del 16 de agosto al 13 de septiembre de 2026 señala JN.1 como variante de interés y XFG, NB.1.8.1, PQ.16.1.1 y BA.3.2 como variantes bajo seguimiento (WHO, 2026a, 2026b). Estas etiquetas son una fotografía temporal de la vigilancia, no una medida directa de gravedad. Los modelos deben actualizar los linajes representados según la circulación y los datos disponibles. Cuando no hay suficientes datos para estimar parámetros independientes, puede ser más robusto agrupar variantes con características semejantes. Incluir demasiados linajes y parámetros puede hacer que el ajuste sea inestable. La elección entre un modelo de dos cepas, varios linajes o grupos de variantes debe basarse en la pregunta, la secuenciación disponible y la evidencia de diferencias epidemiológicas.

5. De modelos deterministas a enfoques estocásticos, de redes y basados en datos

Los modelos deterministas generan una trayectoria para un conjunto de parámetros iniciales y son útiles para tendencias agregadas en poblaciones grandes. Los modelos estocásticos incorporan azar en los eventos de transmisión y pueden ser más apropiados para brotes pequeños, fases iniciales o situaciones en las que el azar influye en la expansión o extinción. Ambos enfoques pueden usar una estructura SIR o SEIR. Los modelos basados en agentes representan personas individuales con características, contactos y decisiones; los

modelos de redes describen quién contacta con quién, en lugar de suponer mezcla homogénea. Permiten explorar diferencias por edad, ocupación, movilidad o estructura familiar, pero requieren más datos y pueden ser difíciles de calibrar. La mayor complejidad no garantiza automáticamente mayor precisión.

Los enfoques híbridos combinan ecuaciones compartimentales con datos de movilidad, secuenciación, aguas residuales o aprendizaje estadístico. Los parámetros pueden variar en el tiempo para reflejar cambios en contactos, conducta, vacunación o composición de variantes. Sin embargo, los algoritmos no corrigen automáticamente sesgos de vigilancia ni sustituyen el razonamiento epidemiológico. La evaluación retrospectiva de pronósticos compara las estimaciones con datos que no se utilizaron para calibrar el modelo. Es importante documentar errores, actualizar parámetros y ofrecer intervalos o escenarios. La transparencia sobre incertidumbre aumenta la utilidad de los modelos para salud pública.

6. Fortalezas, limitaciones y criterios de selección

La principal fortaleza de SIR y SEIR es su interpretabilidad. Los compartimentos corresponden a estados comprensibles y permiten relacionar cambios en transmisión, recuperación y susceptibilidad con la dinámica epidémica. Son útiles como modelos base, herramientas de enseñanza y marcos para construir versiones más realistas.

Sus limitaciones incluyen mezcla homogénea, parámetros constantes, medición imperfecta de infecciones, representación simplificada de inmunidad y dificultad para separar los efectos de políticas, conducta y evolución viral. Los modelos deterministas pueden ocultar variabilidad de brotes pequeños; los modelos excesivamente complejos pueden ser imposibles de identificar con los datos disponibles. El reto es equilibrar realismo, parsimonia y validación.

Para seleccionar una estructura se recomienda definir primero el resultado deseado, identificar los mecanismos relevantes, verificar qué datos existen, añadir compartimentos solo cuando representan diferencias importantes y comprobar sensibilidad a parámetros inciertos. Para estudiar competencia de variantes puede ser necesario un modelo multivariante; para hospitalizaciones, estados de gravedad; para inmunidad menguante, transiciones de susceptibilidad; y para brotes localizados, modelos estocásticos o de contactos.

Los modelos no deben utilizarse aisladamente para tomar decisiones sanitarias. Deben integrarse con vigilancia epidemiológica, secuenciación genómica, datos clínicos, evaluación de intervenciones y conocimiento contextual. Un modelo informa decisiones, pero no elimina la incertidumbre ni determina por sí mismo qué medidas son social y éticamente aceptables.

DISCUSIÓN

La evolución del SIR/SEIR clásico hacia modelos con múltiples variantes refleja adaptación, no sustitución completa. Las estructuras compartimentales siguen siendo útiles para explicar mecanismos y explorar escenarios. La pandemia evidenció que los modelos simples no responden todas las preguntas, pero también que añadir complejidad sin datos

adecuados puede generar una falsa sensación de precisión. Las variantes hacen necesario modelar con mayor cuidado la heterogeneidad biológica y de inmunidad. La expansión de un linaje no demuestra por sí sola mayor gravedad ni revela una única causa de ventaja evolutiva. Se requieren análisis que separen transmisibilidad, escape inmunitario, duración de protección y desenlaces clínicos. Las fuentes de la OMS aportan información sobre linajes bajo seguimiento, mientras que los estudios matemáticos muestran cómo incorporar varias cepas. También cambió la función práctica de los modelos. Al comienzo de la pandemia, la atención se centró en el crecimiento de casos y la saturación sanitaria. Con vacunación e inmunidad acumulada, la modelización ha tenido que distinguir infecciones, enfermedad grave y demanda hospitalaria. Esto exige combinar modelos de transmisión con componentes de progresión clínica y datos para calibrar cada etapa. Entre las limitaciones de esta revisión están su carácter narrativo y la diversidad de preguntas, poblaciones y supuestos de los estudios. No es apropiado comparar directamente valores de R_0 obtenidos en periodos distintos sin considerar contexto, inmunidad y método. Asimismo, el seguimiento de variantes cambia con rapidez; la lista de 2026 debe interpretarse según la fecha consultada y actualizarse en futuras versiones.

Conclusiones

Los modelos SIR y SEIR son bases importantes de la modelización epidemiológica aplicada a COVID-19. El SIR describe la transición entre susceptibilidad, infección y recuperación; el SEIR añade una etapa de exposición. Su utilidad reside en la claridad conceptual y en la posibilidad de construir extensiones adaptadas a preguntas concretas. Desde 2020, los modelos se ampliaron para representar medidas no farmacológicas, detección y aislamiento, hospitalización, vacunación, inmunidad menguante, estructura por edad y circulación simultánea de variantes. Las variantes reforzaron la necesidad de distinguir transmisibilidad, escape inmunitario y gravedad, en vez de tratar todo cambio epidemiológico como un único efecto.

En octubre de 2026, la vigilancia de la OMS continúa siguiendo JN.1 y diversos linajes bajo monitoreo, lo que confirma que la composición viral debe revisarse periódicamente. Las listas son dinámicas y deben incorporarse a los modelos con parámetros respaldados por datos adecuados. Una variante bajo seguimiento no implica automáticamente mayor severidad ni requiere siempre un modelo completamente nuevo.

Se recomienda utilizar SIR y SEIR como puntos de partida, seleccionar la complejidad según el objetivo, documentar supuestos, analizar incertidumbre y validar proyecciones frente a datos no usados en el ajuste. La modelización es más sólida cuando se integra con vigilancia genómica, datos clínicos y epidemiológicos, y comunicación transparente de escenarios. La lección principal es que los modelos no predicen el futuro de forma infalible: organizan la evidencia y permiten razonar sistemáticamente sobre futuros posibles.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bolaji, B., et al. (2025). Modelling the COVID-19 pandemic: Towards comparison of mathematical models and their applications to Delta and Omicron variants in Nigeria. BMC Infectious Diseases. <https://doi.org/10.1186/s12879-025-11925-z>
- Cai, M., Karniadakis, G. E., & Li, C. (2022). Fractional SEIR model and data-driven predictions of COVID-19 dynamics of Omicron variant. arXiv. <https://arxiv.org/abs/2205.11379>
- Centers for Disease Control and Prevention. (2025). Variants and genomic surveillance. <https://www.cdc.gov/covid/php/variants/variants-and-genomic-surveillance.html>
- European Centre for Disease Prevention and Control. (2026). SARS-CoV-2 variants of concern as of 25 September 2026. <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>
- Kim, Y. R., et al. (2024). A mathematical model of COVID-19 with multiple variants of concern. PLOS ONE. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11218976/>
- Negi, S. S., et al. (2024). Dual-strain dynamics of COVID-19 variants in India. Journal of Theoretical Biology. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0378111924004670>
- Saldaña, F., & Velasco-Hernández, J. X. (2021). Modeling the COVID-19 pandemic: A primer and overview of mathematical epidemiology. arXiv. <https://arxiv.org/abs/2104.08118>
- Shams Eddin, M. (2025). Systematic comparison of different compartmental models for COVID-19. Infectious Disease Reports, 6(3), Article 33. <https://www.mdpi.com/2673-3986/6/3/33>
- World Health Organization. (2026a). Tracking SARS-CoV-2 variants. <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>
- World Health Organization. (2026b). WHO COVID-19 dashboard: Summary—SARS-CoV-2 variant circulation, 16 August to 13 September 2026. <https://data.who.int/dashboards/covid19/summary>

CONFLICTO DE INTERÉS:

Los autores declaran que no existen conflicto de interés posibles.

FINANCIAMIENTO

No existió asistencia de financiamiento de parte de pares externos al presente artículo.

NOTA:

El artículo no es producto de una publicación anterior