

MODELO MATEMÁTICO PARA PRONÓSTICO DE SUPERVIVENCIA DE CASOS DE COVID-19 EN EL ESTADO DE MÉXICO (Proyecto 313400)



Responsable técnico

David Joaquín Delgado Hernández (UAEMEX)

Equipo de investigación

Aarón Caro Guzmán (UAEMEX)

Everado Guitrón Díaz Leal (ISEM)

Eduardo Hernández Garduño (ISSEMyM)

David Ibarra González (UAEMEX)

Luis Horacio Martínez Martínez (UAEMEX)

Miguel Ángel Mendoza Lugo (TU Delft)

Josué Arturo Minor Castilla (UMB)

Oswaldo Morales Nápoles (TU Delft)

DIRECTORIO DE LA UAEM

DR. EN ED. ALFREDO BARRERA BACA
RECTOR

M. EN E. U. Y R. MARCO ANTONIO LUNA PICHARDO
SECRETARIO DE DOCENCIA

DR. EN C.I. AMB. CARLOS EDUARDO BARRERA DÍAZ
**SECRETARIO DE INVESTIGACIÓN Y ESTUDIOS
AVANZADOS**

DR. EN HUM. JUVENAL VARGAS MUÑOZ
SECRETARIO DE RECTORÍA

DR. EN A. JOSÉ EDGAR MIRANDA ORTIZ
SECRETARIO DE DIFUSIÓN CULTURAL

DRA. EN ED. SANDRA CHÁVEZ MARÍN
SECRETARIA DE EXTENSIÓN Y VINCULACIÓN

DR. EN ED. OCTAVIO CRISÓFORO BERNAL RAMOS
SECRETARIO DE FINANZAS

M. EN DIS. JUAN MIGUEL REYES VIURQUEZ
SECRETARIO DE ADMINISTRACIÓN

DR. EN C.C. JOSÉ RAYMUNDO MARCIAL ROMERO
SECRETARIO DE PLANEACIÓN Y DESARROLLO INSTITUCIONAL

M.EN L.A. MARÍA DEL PILAR AMPUDIA GARCÍA
SECRETARIA DE COOPERACIÓN INTERNACIONAL

DRA. EN DIS. MONICA MARINA MONDRAGÓN IXTLAHUAC
SECRETARIA DE CULTURA FÍSICA Y DEPORTE

DR. EN C. S. LUIS RAÚL ORTIZ RAMÍREZ
ABOGADO GENERAL

M. EN E. JAVIER GONZÁLEZ MARTÍNEZ
SECRETARIO TÉCNICO DE LA RECTORÍA

M. EN P. Y D.C. GASTÓN PEDRAZA MUÑOZ
DIRECTOR GENERAL DE COMUNICACIÓN UNIVERSITARIA

M. EN A. P. GUADALUPE OFELIA SANTAMARÍA GONZÁLEZ
**DIRECTORA GENERAL DE CENTROS UNIVERSITARIOS Y UNIDADES
ACADÉMICAS PROFESIONALES**

M. EN D.F. JORGE ROGELIO ZENTENO DOMÍNGUEZ
DIRECTOR GENERAL DE EVALUACIÓN Y CONTROL DE LA GESTIÓN UNIVERSITARIA

EQUIPO DE INVESTIGACIÓN

Nombre	Estudios	Adscripción
Aarón Caro Guzmán (CVU 538025)	Doctor en Ciencias de la Ingeniería	Universidad Autónoma del Estado de México
David Ibarra González (CVU 377788)	Doctor en Diseño	Universidad Autónoma del Estado de México
David Joaquín Delgado Hernández (CVU 40472)	Doctor en Ingeniería (SNI-I)	Universidad Autónoma del Estado de México
Everardo Guitron Díaz Leal (CVU 1062348)	Maestro en Salud Pública y Administración Hospitalaria	Instituto de Salud del Estado de México
Eduardo Hernández Garduño (CVU 450187)	Doctor en Ciencias de la Salud (SNI-I)	Instituto de Seguridad Social del Estado de México y Municipios
Josué Arturo Minor Castilla (CVU 839746)	Maestro en Gestión Educativa	Universidad Mexiquense del Bicentenario
Luis Horacio Martínez Martínez (CVU 1062911)	Ingeniero Civil enfocado a la evaluación de riesgos	Universidad Autónoma del Estado de México
Miguel Ángel Mendoza Lugo (CVU 784544)	Maestro en Ciencias de la Ingeniería y Candidato a Doctor	Universidad Tecnológica de Delft (Países Bajos)
Oswaldo Morales Nápoles (CVU 224384)	Doctor en matemáticas aplicadas (SNI-I)	Universidad Tecnológica de Delft (Países Bajos)

Contenido

Interfaz Gráfica de usuario (GUI) Red Bayesiana COVID-19 Pacientes Hospitalizados México

- 1. Acerca de este manual
- 2. Instalación
- 3. Capeta Usuario Final
- 4. Ejemplo hipotético
- 5. Capeta Investigador
- 6. Ejemplo Hugin

Anexos

- A. Revisión de modelos Covid-19
- B. Scripts en Matlab de la interfaz grafica

1. Acerca de este manual

Este programa se ha diseñado para su uso como aplicación del proyecto 313400 financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). La investigación se denomina: **“Modelo matemático para pronóstico de supervivencia de casos de Covid-19 en el Estado de México”**. Fue aprobado en la convocatoria “apoyo para proyectos de investigación científica, desarrollo tecnológico e innovación en salud ante la contingencia por Covid-19” del 2020.

Se trata, básicamente, de un programa para la plataforma Hugin, Matlab y Python. Por tanto, puede ejecutarse en cualquier equipo con sistema operativo Windows o MacOS. El modelo matemático propiamente dicho, es una red bayesiana con la tipología que se mostrará mas adelante (ver Figura 41), en la sección correspondiente al ejemplo de Hugin. Pero por ahora, primero se describen los pasos para instalar las rutinas desarrolladas



INSTALACIÓN



2. Instalación

Para el correcto funcionamiento del programa es necesario tener cubiertos una serie de requisitos, tanto de hardware como de software. Los requisitos previos de software instalado para poder ejecutar el programa serán:

- MATLAB versión 2019a o superior (<https://www.mathworks.com/products/matlab.html>)
- Anaconda (<https://www.anaconda.com/products/individual>)
- Winrar (<https://www.win-rar.com/download.html?&L=0>)
- HUGIN lite (<https://www.hugin.com/index.php/hugin-lite/>)

Los requisitos mínimos de hardware serán los siguientes:

- Memoria RAM 4 GB.
- Cualquier procesador Intel o AMD x86-64.
- 3.5 GB de espacio en disco duro (HDD) para MATLAB.

La Interfaz Gráfica de usuario (GUI) llamada “Red Bayesiana COVID-19 Pacientes Hospitalizados México” se pudo descargar. Se encuentra en un archivo comprimido de extensión *zip*, el cual se puede localizar de cualquiera de las siguientes direcciones en internet:

- UAEMex (<https://covid19.uaemex.mx>)
- Github (https://github.com/delgadoh01/Covid_19_BBN)

Una vez descargado el archivo *RED_BAYESIANA_COVID_MEX.zip* el usuario deberá dar clic derecho en el archivo y posteriormente dar clic en la opción *extraer aquí*, como se muestra a continuación.

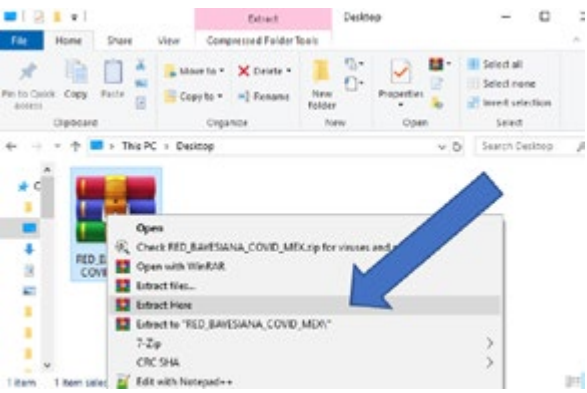


Figura 1. Descarga del archivo RED_BAYESIANA_COVID_MEX.zip

Al descomprimir el archivo aparecerá una carpeta llamada *RED_BAYESIANA_COVID_MEX*, que cuenta en su interior con dos carpetas: Investigador y Usuario Final. En ellas se encuentran los archivos necesarios para utilizar la *Interfaz Gráfica de usuario (GUI) Red Bayesiana COVID-19 Pacientes Hospitalizados México*. En las siguientes figuras se ilustran las pantallas que el usuario debe generar.

Si se desea utilizar la interfaz gráfica inmediatamente, se deberá de abrir la carpeta *Usuario_Final*. Ahora bien, si el usuario desea actualizar la base de datos con la cual se programó la interfaz deberá de abrir la carpeta *Investigador*. Ambas se explican con detalle en seguida.

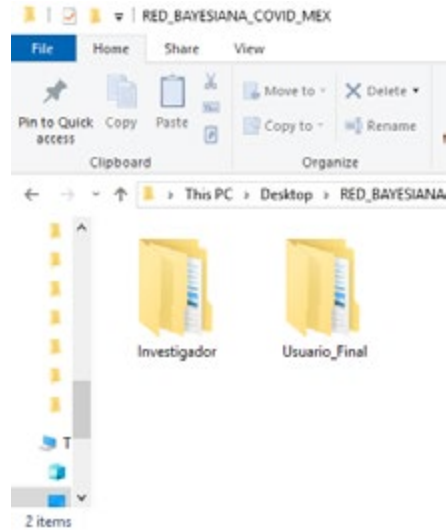
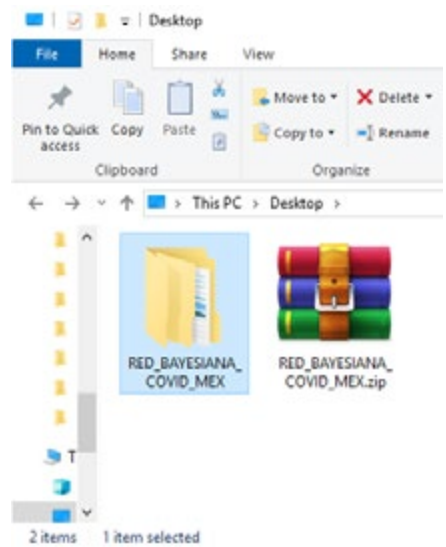


Figura 2. Descompresión del archivo RED_BAYESIANA_COVID_MEX.zip



USUARIO FINAL CARPETA



3. Carpeta Usuario_Final

A continuación se describen los pasos a seguir para utilizar la *Interfaz Gráfica de Usuario (GUI) Red Bayesiana COVID-19 Pacientes Hospitalizados México*.

La rutina principal tiene por nombre *INICIO_Interfaz_grafica.m*. Para que se pueda ejecutar de manera correcta, serán necesarios los siguientes archivos:

- **BN_Matlab_Toolbox:** carpeta de archivos que incluye la caja de herramientas para el cálculo de redes bayesianas (Bayes Net Toolbox).
- **Funciones:** carpeta que incluye los archivos:
 - *Datos_RBS_entidades.mat*: archivo de datos que contiene la información de los modelos de redes bayesianas correspondientes a las 32 entidades de la república mexicana más una red bayesiana correspondiente al territorio nacional en su conjunto (generados con la base de datos COVID-19 al 28/02/2021).
 - *Codigo_interfaz_grafica.m*: rutina de Matlab que contiene el código fuente de la GUI.
 - *calcula_rbs.m*: función de Matlab que contiene el código necesario para realizar los cálculos de inferencia de las 33 redes bayesianas.

Cabe mencionar que cualquier modificación a las líneas del código, como el cambio de nombres de los archivos, arruinarían el funcionamiento de la interfaz gráfica o harían imposible la realización de los cálculos de manera correcta. Si se diera esa situación, lo más recomendable es volver a descargar el archivo RED_BAYESIANA_COVID_MEX.zip y comenzar el proceso descrito en este manual nuevamente.

Uso

1. Una vez abierta la carpeta *Usuario_Final*, en su interior se encontrará una carpeta de archivos llamada *Funciones* y dos archivos (*Datos_RBS_entidades.mat* e *INICIO_Interfaz_grafica.m*). En la Figura 3 se observa la pantalla que debe visualizarse.

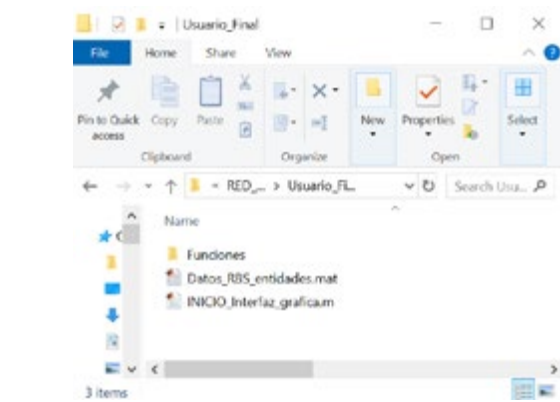


Figura 3. Carpeta y archivos incluidos en *Usuario_Final*

2. Acto seguido, el usuario deberá ejecutar el programa Matlab, dando clic en el botón “abrir”, como se ilustra en la Figura 4.

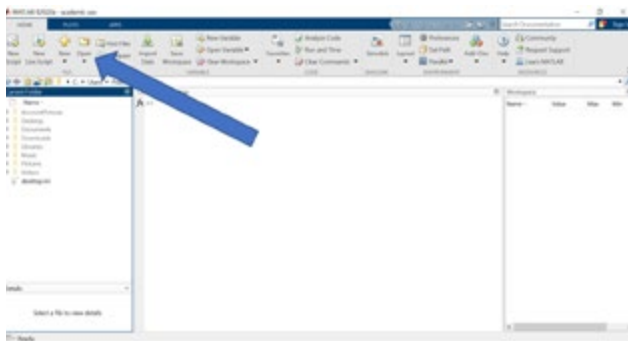


Figura 4. Botón “abrir” en Matlab

3. Ahora es necesario dirigirse hasta la ruta de la carpeta *Usuario_Final*, para seleccionar el archivo *INICIO_Interfaz_grafica.m* y dar clic en “abrir”, tal y como se ilustra en la Figura 5.

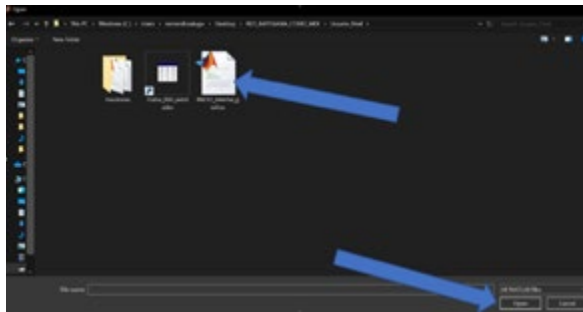


Figura 5. Selección y apertura del archivo *INICIO_Interfaz_grafica.m*

4. Para iniciar la interfaz gráfica solo es necesario ejecutar la rutina principal *INICIO_Interfaz_grafica.m* presionando el botón “run” en la pestaña “editor” de Matlab, como se observa en la Figura 6.

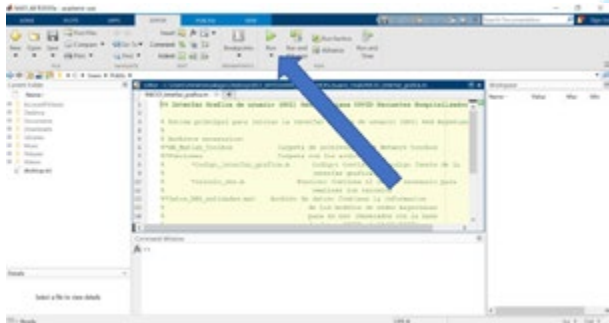


Figura 6. Ejecución del programa *INICIO_Interfaz_grafica.m*

5. Aparecerá un mensaje preguntado si se desea cambiar al folder donde se encuentra el archivo *INICIO_Interfaz_grafica.m*. Seleccionar la opción “cambiar folder”, tal y como se aprecia en la Figura 7.

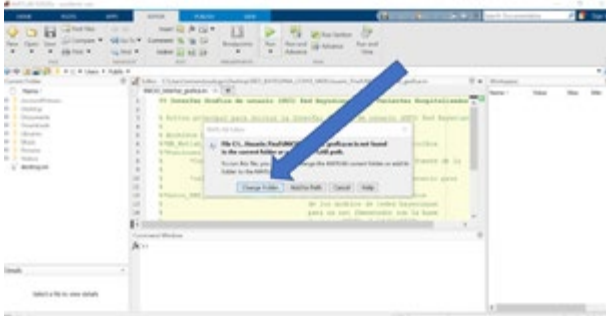


Figura 7. Cambio de folder para ubicar la ruta en la carpeta donde se encuentra el programa *INICIO_Interfaz_grafica.m*

6. A continuación, se iniciará la herramienta Bayes Net mostrando la leyenda en la ventana Command Window de Matlab “Bayes Net Toolbox se ha iniciado con éxito”. Esto significa que la caja de herramientas puede ser utilizada. Posteriormente, aparecerá la ventana principal de la interfaz gráfica, como se puede ver en la Figura 8.



Figura 8. Ventana de inicio de la interfaz gráfica de usuario

La interfaz gráfica cuenta, en su parte superior, con dos listas desplegables llamadas variable objetivo y entidad. Esto se ilustra en la Figura 9. En ellas el usuario puede elegir la entidad de la república mexicana de interés, así como la variable de la cual desea conocer las probabilidades condicionales.

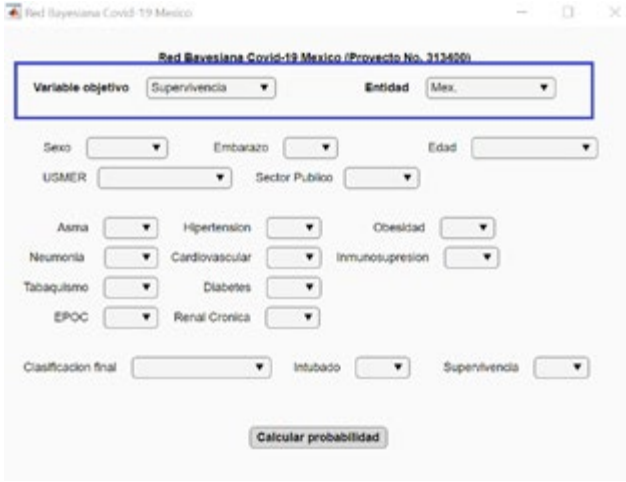


Figura 9. Variable objetivo y Entidad en la interfaz gráfica de usuario

En la parte central se encuentran 18 listas desplegables mas, que corresponden a las características que pudiera presentar un paciente. Aquí, el usuario puede escoger entre 3 posibles opciones: vacía, estado 1 y estado 2 de la variable en cuestión. La descripción de cada una de las variables, así como sus posibles estados se encuentran descritos en la Tabla 1, presentada más adelante para su consulta. En la Figura 10, se muestra una imagen que señala la ubicación de las 18 variables consideradas en el modelo matemático.



Figura 10. Variables consideradas en la construcción del modelo matemático

Finalmente, en la parte inferior se encuentra un botón denominado “Calcular probabilidad”. Ver la Figura 11. Al presionarlo, se calculará la probabilidad correspondiente a los estados de la variable objetivo dadas las condiciones previamente establecidas por el usuario. Para aterrizar las ideas hasta ahora expresadas, se describe en la siguiente sección un ejemplo hipotético que muestra de forma práctica el uso de la interfaz gráfica de usuario.



Figura 11. Botón para calcular la probabilidad búsqueda en la interfaz gráfica de usuario

Tabla 1 Variables utilizadas en el modelo matemático

Nombre de la Variable	Descripción	Estados	
		Mujer	Hombre
Sexo	Identifica al género del paciente.	Mujer	Hombre
Embarazo	Identifica si la paciente está embarazada.	No	Si
Edad	Identifica si el paciente está dentro de la edad de alto riesgo (65 años o mayor).	Menor de 65 años	65 años o mayor
Sector Publico	Identifica el tipo de institución del Sistema Nacional de Salud que brindó la atención. El negativo corresponde al sector privado.	No	Si
USMER	La vigilancia centinela se realiza a través del sistema de unidades de salud monitoras de enfermedades respiratorias (USMER). Las USMER incluyen unidades médicas del primer, segundo o tercer nivel de atención. También participan como USMER las unidades de tercer nivel que por sus características contribuyen a ampliar el panorama de información epidemiológica, entre ellas las que cuentan con especialidad de neumología, infectología o pediatría.	Fuera de USMER	USMER
Asma	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de asma.	No	Si
Neumonía	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de Neumonía.	No	Si
Tabaquismo	Identifica si el paciente tiene hábito de tabaquismo.	No	Si
EPOC	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de EPOC (Enfermedad Pulmonar Obstructiva Crónica).	No	Si
Hipertensión	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de hipertensión.	No	Si
Cardiovascular	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de enfermedades cardiovasculares.	No	Si
Diabetes	Identifica si el paciente tiene un diagnóstico de diabetes.	No	Si
Renal crónica	Identifica si el paciente tiene diagnóstico de insuficiencia renal crónica.	No	Si
Obesidad	Identifica si el paciente tiene diagnóstico de obesidad.	No	Si
Inmunosupresión	Identifica si el paciente presenta inmunosupresión.	No	Si
Clasificación Final	Identifica si el paciente es un caso de Covid-19 según el catálogo "CLASIFICACION_FINAL" de la base de datos de la Secretaría de Salud < https://www.gob.mx/salud/documentos/datos-abiertos-152127 >.	Negativo Covid-19	Positivo Covid-19
Intubado	Identifica si el paciente requirió de intubación.	No	Si
Supervivencia	Identifica si el paciente sobrevivió.	No	Si

E
J
E
M
P
L
O

H
I
P
O
T
É
T
I
C
O

4. Ejemplo hipotético

Se presenta un caso ilustrativo para conocer la probabilidad de supervivencia (variable objetivo) de un paciente con las siguientes condiciones:

Hombre, atendido en una unidad del sector público ubicada el territorio nacional, presentando tabaquismo y diabetes. Se desconoce si presenta las demás condiciones. Se desconoce el resultado de la prueba de Covid-19 y se desconoce si será intubado o no.

Para poder obtener la probabilidad de supervivencia del caso hipotético presentado, el usuario deberá de ingresar las condiciones iniciales en la interfaz gráfica. De esta forma, se elige la variable de interés y las condiciones deseadas. En las Figuras 12 a 16 se ilustra paso por paso el proceso.

Por default la variable objetivo es Supervivencia y la Entidad de inicio corresponde al Estado de México, en virtud de que el objetivo inicial del estudio estaba limitado al territorio Mexiquense. Sin embargo, se reitera que el alcance ha sido ampliado, y es posible elegir cualquiera de los otros 30 estados del país y la Ciudad de México.



Figura 12. Seleccionar variable Sexo: Hombre

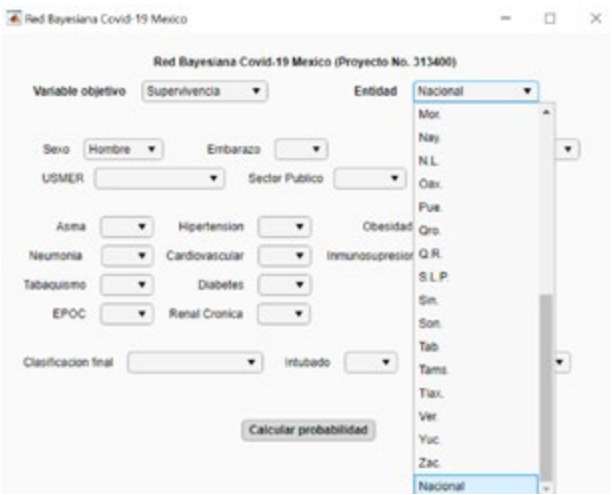


Figura 13. Seleccionar variable Entidad: Nacional.

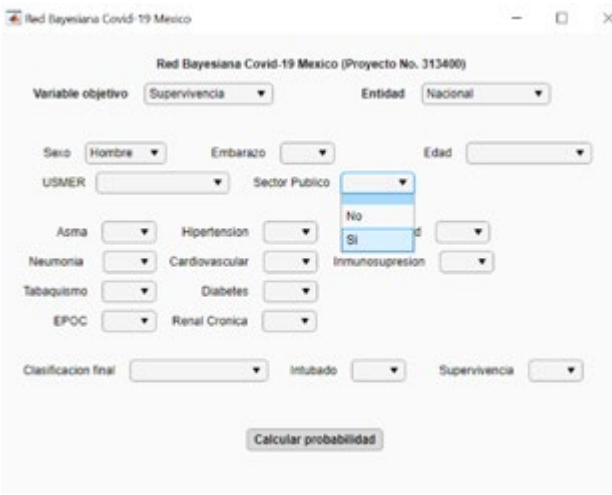


Figura 14. Seleccionar variable Sector Publico: Si

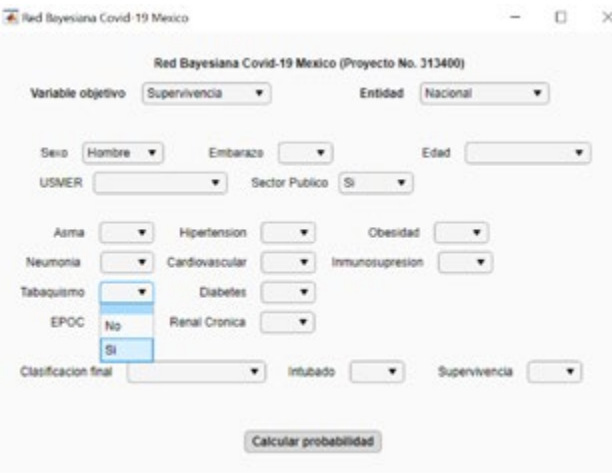


Figura 15. Seleccionar variable Tabaquismo: Si

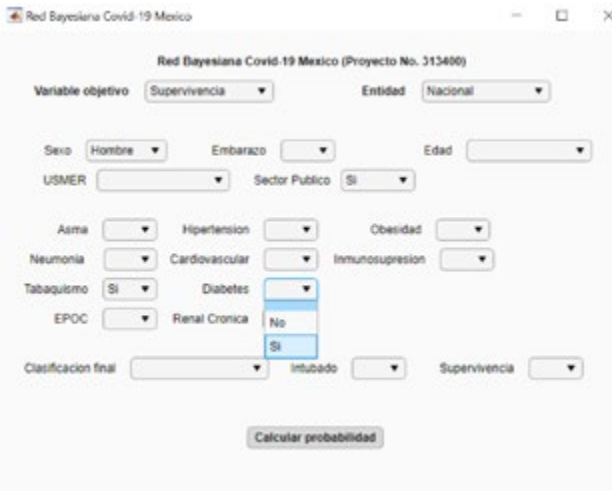


Figura 16. Seleccionar variable Diabetes: Si

Una vez seleccionadas las condiciones anteriores, se deberá dar clic en el botón “calcular probabilidad”, como se puede ver en la Figura 17.

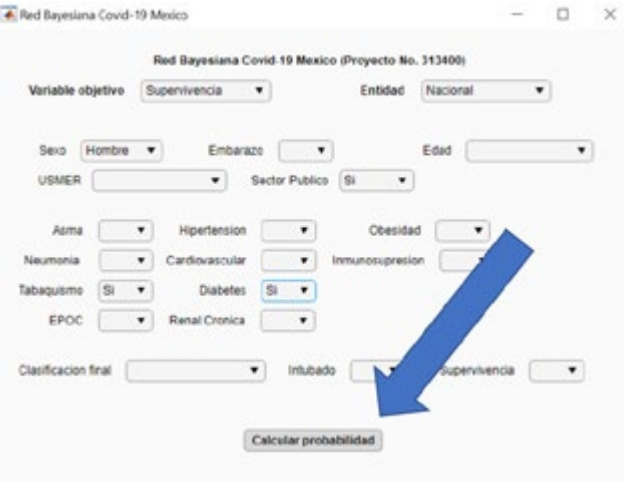


Figura 17. Cálculo de la probailidad de supervivencia para las condiciones dadas en el ejemplo hipotético

Al accionar el botón, aparecerá un gráfico de barras con la probabilidad de supervivencia y la probabilidad de no supervivencia dadas las condiciones ingresadas. En la Figura 18 se observa el resultado generado.

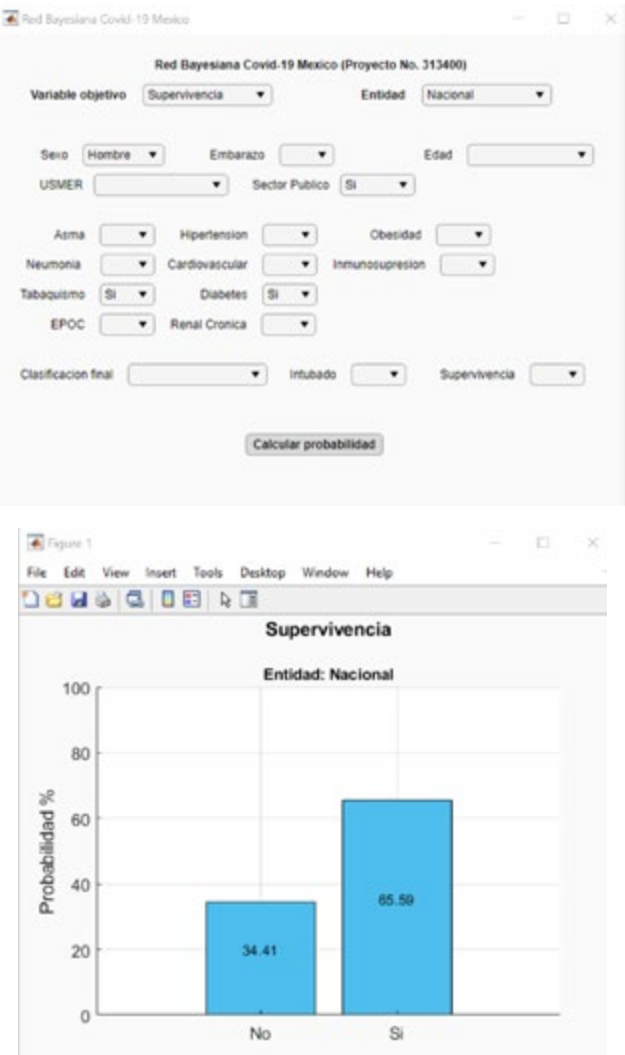


Figura 18. Resultado del ejemplo hipotético

Como se puede observar, la probabilidad de supervivencia del paciente con las condiciones descritas, es de 65.59 %. Es decir, 2 de cada 3 varones con antecedentes de tabaquismo y diabetes sobreviven a la enfermedad.

Para actualizar esta información, supongase que se sabe, además, que el paciente dió positivo a Covid-19. Así, se ingresa esa condición en la interfaz gráfica y se re-calcula la probabilidad de supervivencia. El resultado se muestra en la Figura 19, que indica que la posibilidad de sobrevivir se ve disminuida, y llega a ser de apenas el 58.94 %.

Más aún, surge la pregunta: ¿qué pasaría si el paciente se encontrara intubado?. Al ingresar la condición y calcular nuevamente la probabilidad, se puede apreciar en la Figura 20 que el porcentaje ahora es del 19.38 %. En otras palabras, sólo 1 de cada 5 pacientes que están confirmados para Covid-19 y son intubados, viven. Los otros 4, de acuerdo con las estadísticas de la Secretaría de Salud, pierden la vida bajo estas condiciones críticas.

Como se puede apreciar, la herramienta desarrollada es muy flexible. Permite hacer el análisis de multiples escenarios y situaciones. Ayuda a los tomadores de decisiones como médicos, directores de hospital y familiares, a determinar prioridades al momento de recibir pacientes nuevos en alguna clínica Covid-19.

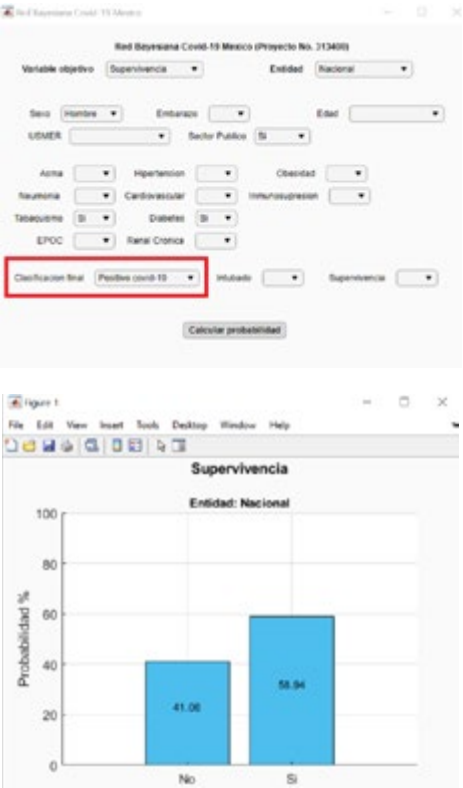


Figura 19. Resultado del ejemplo hipotético al añadir la condición “Positivo Covid-19”

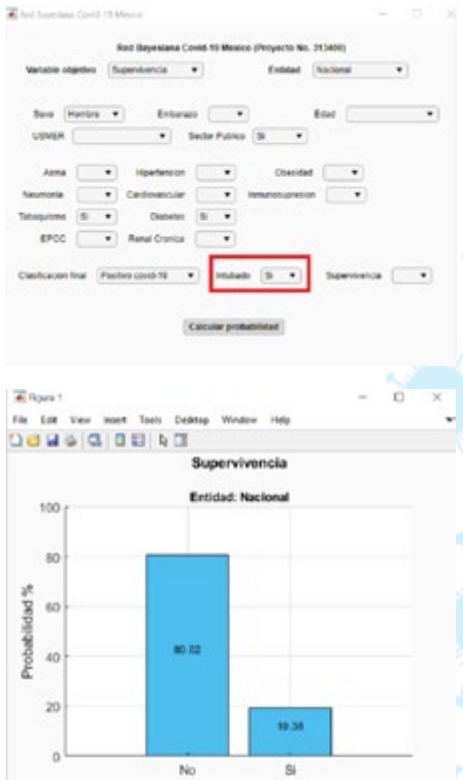


Figura 20. Resultado del ejemplo hipotético al añadir la condición “Intubado”

Estos resultados, provienen de la topología de la red bayesiana considerada en la presente investigación, e ilustrada más adelante en la sección correspondiente al programa Hugin. De tal suerte que, si la variable objetivo es supervivencia y se condiciona en la variable positivo Covid-19 y la variable intubado, cualquier evidencia en las demás variables no tendrá efecto alguno en el resultado, como se puede observar en la Figura 21.

Como se puede apreciar, la probabilidad de supervivencia permanece en el valor previamente obtenido de 19.38 %. Entoces, aunque se inserte evidencia indicando que el paciente tiene asma, neumonía y padece de EPOC, el porcentaje se mantiene constante. Es decir, una vez con Covid-19 e intubado, cualquier otra condición es irrelevante.



Figura 21. Resultado del ejemplo hipotético al condicionar sobre asma, neumonía, tabaquismo, EPOC, positivo covid-19 e intubado

Los cálculos también pueden arrojar 0% de probabilidad en los dos estados. Si esto sucede es debido a que la condición ingresada no existe en la base de datos con la cual fue creada la red bayesiana. Como se muestra en la Figura 23, el resultado de la probabilidad de supervivencia dado que el paciente es un hombre embarazado, es nulo.

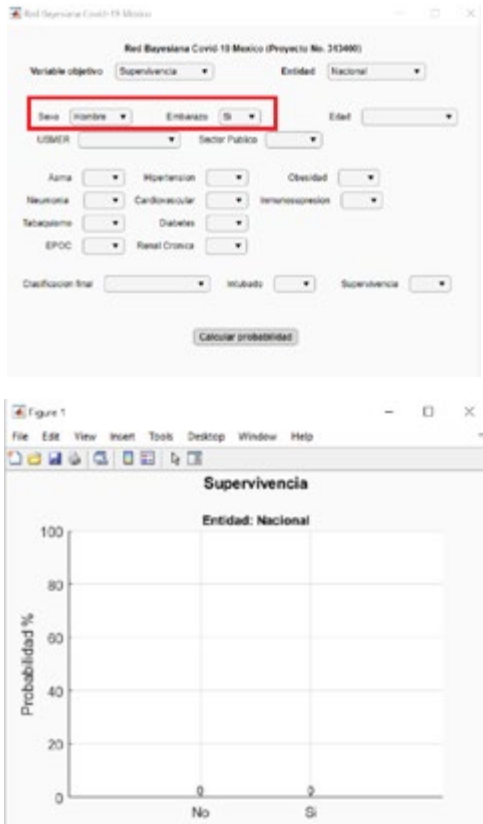


Figura 23. Resultado del ejemplo hipotético al seleccionar condiciones no existentes

Además, si el usuario condiciona en la variable objetivo, el resultado será su primer estado con una probabilidad de 100 %. Para comprender mejor la razón, si se analiza con detalle, esto no tendría sentido dado que el usuario le estaría brindando a-priori el resultado al programa. Para ilustrar esta idea, obsevese como en la Figura 22 se pretende calcular la probabilidad de supervivencia en la parte superior de la interfaz. Pero al mismo tiempo, en la sección de abajo se le brinda una negativa a la variable de interés. Entonces el resultado que rige es el de la condición dada en la zona inferior de la interfaz.

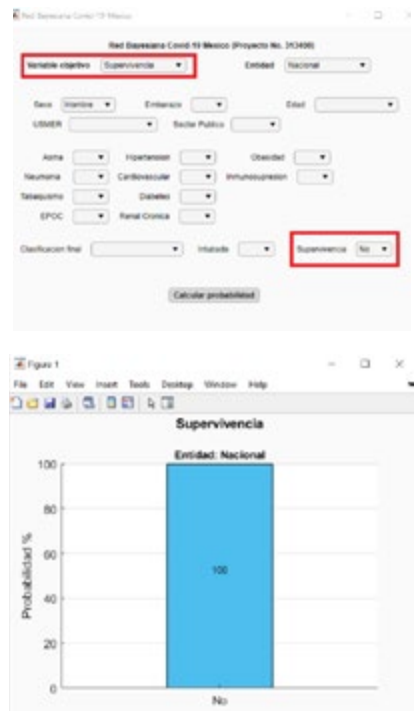


Figura 22. Resultado del ejemplo hipotético al condicionar sobre la variable objetivo



I N V E S T I G A D O R C A R P E T A



5. Capeta Investigador

A continuación, se presentan los pasos a seguir para actualizar la *Interfaz Gráfica de Usuario (GUI) Red Bayesiana COVID-19 Pacientes Hospitalizados México* con los datos más recientes publicados por la Secretaría de Salud a través de su Dirección General de Epidemiología.

Dentro de la carpeta llamada “Investigador” existen los siguientes siete folders:

- **01_Base_de_datos:** folder en el cual se guardará la base de datos y la base de datos modificada para su uso en la red bayesiana.
- **02_Modificar_base_de_datos_PYTHON:** se encuentra el código *Inicio_mod_bd.py* que sirve para modificar la base de datos original para su uso en la red bayesiana.
- **03_Calculos_para_Interfaz_grafica:** se encuentra el código *RB_ENTIDADES.m* el cual sirve para calcular los datos necesarios de las redes bayesianas para su uso en la interfaz gráfica.
- **04_Interfaz_Grafica_de_Usuario:** se encuentra el archivo *INICIO_Interfaz_grafica.m*, un código que sirve para iniciar la interfaz gráfica de usuario. También incluye el archivo *Datos_RBS_entidades.mat*. Es el archivo de datos que contiene la información de los modelos de las redes bayesianas. Incluye a las 32 entidades de la república mexicana, más una red adicional correspondiente al territorio completo en su conjunto.
- **BN_Matlab_Toolbox:** carpeta de archivos que incluye la caja de herramientas para el cálculo de las redes bayesianas (Bayes Net Toolbox).
- **Ejemplo_RB_NACIONAL:** contiene los archivos *BN_COVID_NAC_HOSPITALIZADOS.oobn*, *BN_COVID_NAC_HOSPITALIZADOS.hgl* y *RB_COVID_Nacional.m*, que son necesarios para calcular y actualizar las tablas de probabilidad del ejemplo de red bayesiana elaborada en el programa Hugin lite. **Más detalles de se presentarán en las secciones subsecuentes.**
- **Funciones:** carpeta de archivos que incluye las funciones necesarias para realizar todos los cálculos requeridos por el modelo matemático desarrollado.

Las capetas están identificadas del 01 al 04, como se puede ver en la Figura 24. Esta nomenclatura obedece a los pasos a seguir para obtener los cálculos con la base de datos más reciente. Las capetas sin numeración (*BN_Matlab_Toolbox* y *Funciones*) son carpetas que el usuario no deberá modificar, ya que como se mencionó previamente, estas incluyen las herramientas y funciones necesarias para el correcto funcionamiento y realización de los cálculos pertinentes.

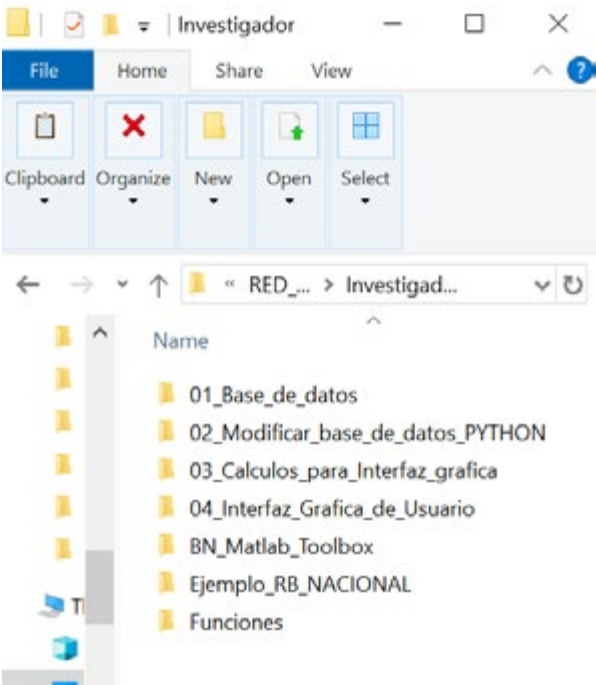


Figura 24. Contenido de la carpeta *Investigador*

Actualización en la interfaz gráfica de usuario

1. Para obtener la base de datos de pacientes Covid-19 del gobierno de México, es necesario descargar la versión actual de la página web de la Dirección General de Epidemiología: <https://www.gob.mx/salud/documentos/datos-abiertos-152127> y pulsar sobre el botón “VER”, ubicado frente la leyenda “Base de Datos”. La Figura 25 muestra una captura de pantalla del sitio en cuestión.



Figura 25. Página de la Secretaría de Salud con los datos mas recientes de casos Covid-19

2. Una vez descargado el archivo, es posible tener acceso a un documento con valores separados por coma (csv). Su nombre incluye dígitos, más la leyenda COVID19MEXICO y la extensión “csv”. Los dígitos representan la fecha de la última actualización de los datos. Por ejemplo, para el 14 de Enero de 2021, el nombre del archivo es 210114COVID19MEXICO.csv, tal como se observa en la Figura 26. Este archivo se deberá guardar en la carpeta *01_Base_de_datos*.

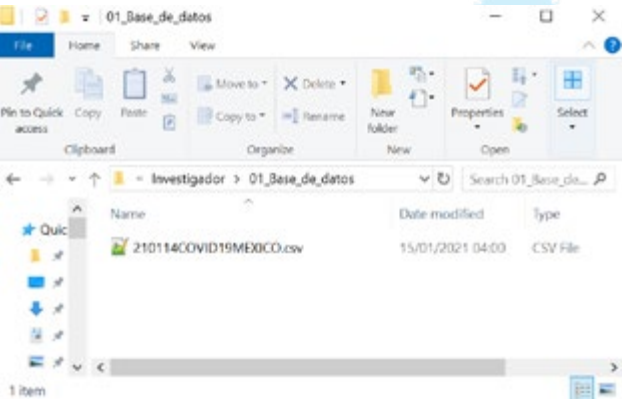


Figura 26. Archivo con los datos de Covid-19 en México para el 14 de Enero de 2021

- Posteriormente se abrirá el archivo de python *Inicio_mod_bd.py*. Este, se ubica en la carpeta *02_Modificar_base_de_datos_PYTHON*. Después se ejecuta el entorno de escritorio integrado (IDE) llamado Spyder, el cual está preinstalado en el software Anaconda. En la Figura 27 se ilustra la forma en la que se puede lanzar.

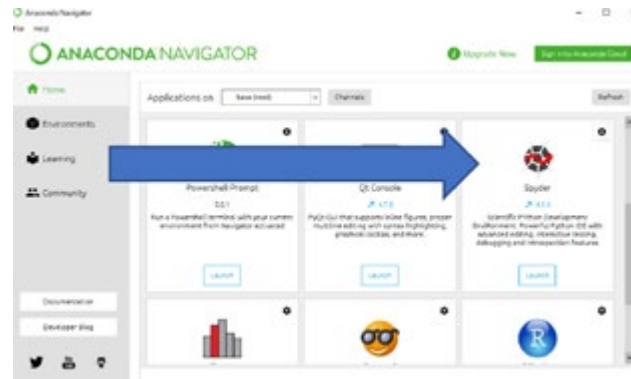


Figura 27. Programa Spyder para el uso de Phyton, en el ambiente Anaconda

- Una vez abierto el código, que se ve como en la Figura 28, el usuario deberá seleccionar el sistema operativo de su equipo de cómputo. Siendo 1 Windows, y 2 si el equipo utiliza MacOS (ver línea 8). También colocará la ruta del directorio de la carpeta llamada *Investigador* en la línea 11. Así mismo, actualizará el nombre del archivo de la base de datos descargada con su extensión correspondiente (ver línea 13).

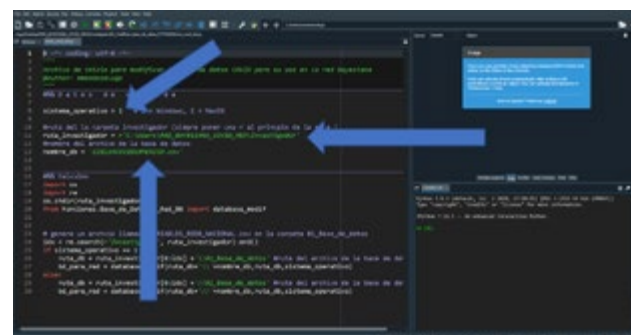


Figura 28. Rutina *Inicio_mod_bd.py* en la que se convierten los datos de la Secretaría de Salud al formato requerido en Matlab por el modelo matemático desarrollado

- Una vez actualizada la información, se deberá ejecutar el código dando clic en botón “run file”, como se muestra en la Figura 29.

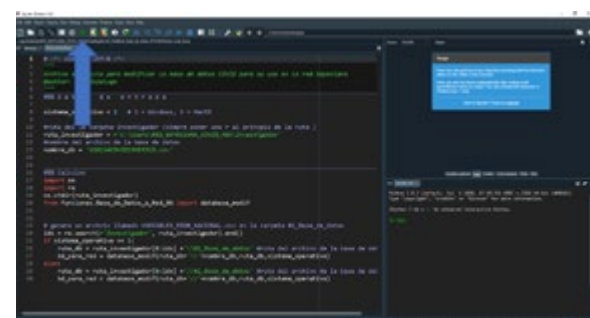


Figura 29. Ejecución del programa *Inicio_mod_bd.py*

- Como resultado, se generará un archivo en la carpeta *01_Base_de_datos* denominado “*VARIABLES_REDB_NACIONAL.csv*”. Este corresponde a la base de datos preparada para su uso en los cálculos posteriores para generar las redes bayesianas en Matlab. En la Figura 30 se aprecia el archivo respectivo.

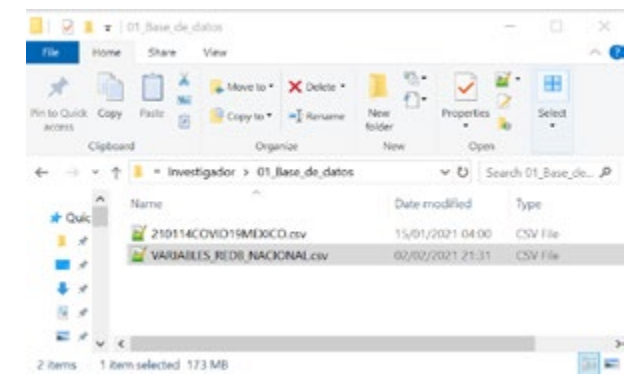


Figura 30. Creación del archivo *VARIABLES_REDB_NACIONAL.csv*

- Posteriormente, se deberá abrir el archivo de Matlab denominado *RB_ENTIDADES.m* ubicado en la capeta *03_Calculos_para_Interfaz_grafica*. Aquí también es necesario seleccionar el sistema operativo del equipo de cómputo en el que se está trabajando. Siendo 1 para Windows y 2 para MacOS (ver línea 7), y se ejecutará el código dando clic en “run” como se ve en la Figura 31.

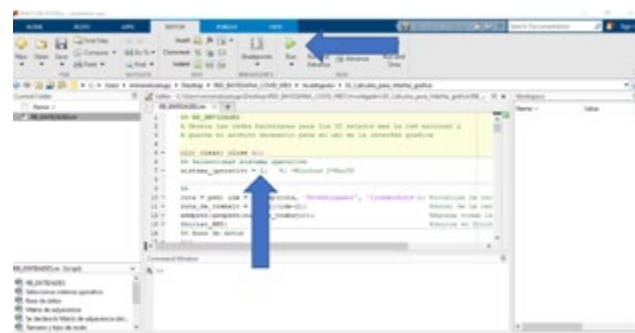


Figura 31. Ejecución del programa *RB_ENTIDADES.m* en Matlab

- Una vez ejecutado el código, se mostrarán en pantalla los tiempos de ejecución de los cálculos. En esencia, la rutina declara la topología de las redes bayesianas, y marca tanto el tiempo para calcular las tablas de probabilidad de los datos (CPT), como el tiempo en generar el archivo de datos. En la Figura 32 se muestra el final del proceso, cuando ya se ha generado el archivo de datos.



Figura 32. Tiempos invertidos en la creación del archivo de datos con las probabilidades de supervivencia de Covid-19 en el contexto mexicano

9. Se creará un archivo de datos llamado *Datos_RBS_entidades.mat* en la carpeta *04_Interfaz_Grafica_de_Usuario*. En la Figura 33 se puede ver el documento generado, que es la fuente de información para que trabaje el modelo implementado en Matlab.

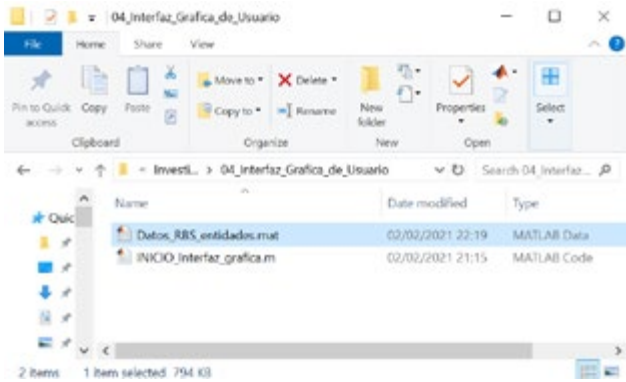


Figura 33. Creación del archivo *Datos_RBS_entidades.mat*

10. Finalmente, se reitera que el archivo *Datos_RBS_entidades.mat* contiene la información de los modelos de redes bayesianas correspondientes a las 32 entidades de la república mexicana, más otra correspondiente al territorio nacional en su conjunto. El archivo *INICIO_Interfaz_grafica.m* ubicado en la carpeta *04_Interfaz_Grafica_de_Usuario* puede ahora ser ejecutado como se indicó en los pasos 2 al 6 de la sección de la carpeta *Usuario_Final*. En la Figura 34 se observa el archivo a ejecutar.

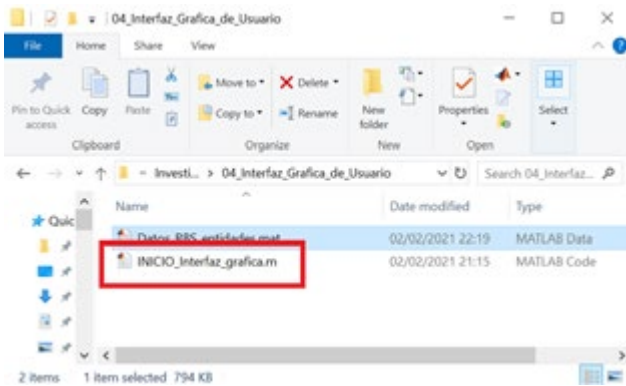


Figura 34. Ubicación de la rutina *INICIO_Interfaz_grafica.m*

Una vez seguidos los pasos anteriores, se puede utilizar la interfaz gráfica de usuario con los datos más recientes previamente descargados. En la Figura 35 se aprecia de nuevo la interfaz gráfica de usuario, pero ya con los datos más recientes. Este proceso se tendría que repetir cada vez que se quisiera contar con la última información de la Secretaría de Salud sobre el Covid-19.

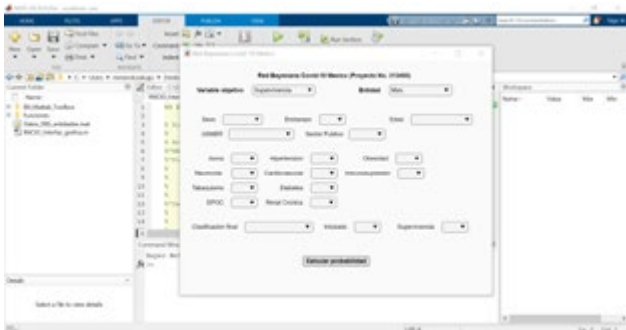


Figura 35. Interfaz gráfica de usuario con los datos actualizados de Covid-19 en México

6. Ejemplo Hugin

El folder *Ejemplo_RB_NACIONAL* contiene los archivos *BN_COVID_NAC_HOSPITALIZADOS.oobn*, *BN_COVID_NAC_HOSPITALIZADOS.hgl* y *RB_COVID_Nacional.m*, que son necesarios para calcular y actualizar las tablas de probabilidad del ejemplo de red bayesiana elaborado en Hugin. En la Figura 36 se observa el contenido de la carpeta. Así, los pasos son los que a continuación se exponen.

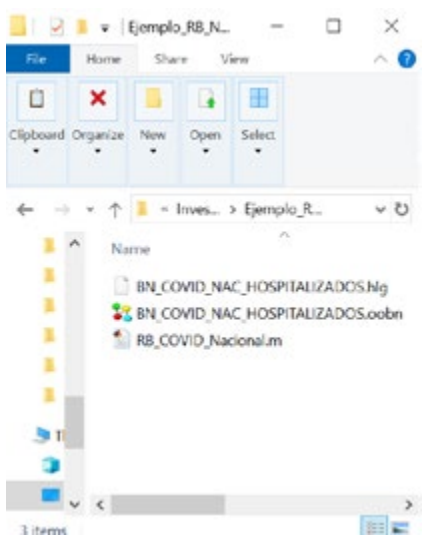


Figura 36. Contenido de la carpeta *Ejemplo_RB_NACIONAL*

1. El usuario deberá descargar la base de datos mas reciente de pacientes Covid-19 del gobierno de México. Y deberá seguir los pasos 1 a 6 de la sección **Actualización en la interfaz gráfica de usuario**. Ver las Figuras 25 a 30.
2. Posteriormente, deberá abrir y ejecutar el archivo llamado *RB_COVID_Nacional.m* (ver Figura 37) como lo indican los pasos 2 al 5 de la sección **Capeta Usuario_Final**. Consultar las Figuras 4 a 7.

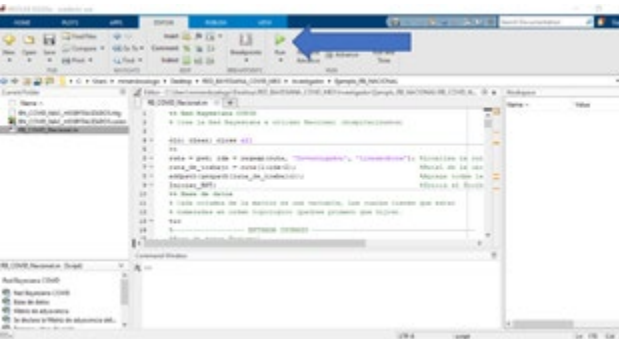


Figura 37. Ejecución de la rutina *RB_COVID_Nacional.m*

3. Al ejecutarlo, el archivo *RB_COVID_Nacional.m* generará dos variables en el worksapce llamadas: *cpt_hugin* y *variables*. Estas se encuentran normalmente en el lado derecho de la ventana de Matlab, como se aprecia en el Figura 38.

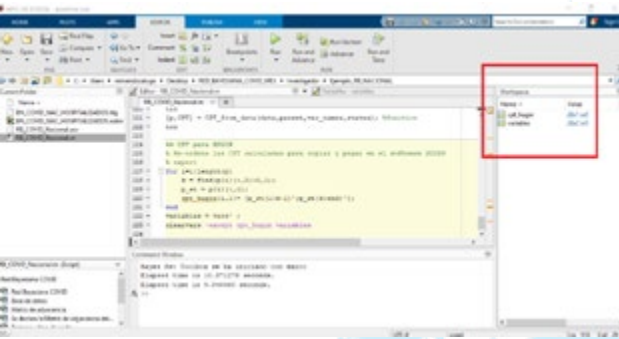


Figura 38. Ubicación de *cpt_hugin* y *variables*

A continuación se presentan los pasos a seguir para actualizar las tablas de probabilidad del ejemplo de red bayesiana para pacientes hospitalizados a nivel nacional. Esto, tomando la información de la base de datos más reciente que se haya publicado en el portal de la Secretaria de Salud. Es decir, siguiendo los pasos descritos en la sección previa (Carpeta Investigador).

- Ahora, es necesario dar doble clic en *cpt_hugin* para mostrar la información de la variable. En ella, se incluyen las tablas de probabilidad para cada una de las variables de la red bayesiana desarrollada en Hugin. La Figura 39 muestra el listado de las 20 tablas generadas, y que son la fuente de información del modelo matemático o red bayesiana.

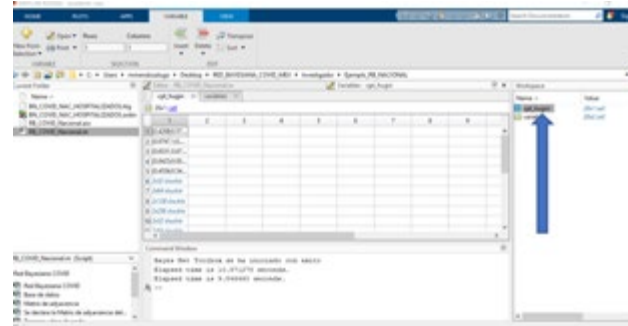


Figura 39. Contenido de la variable *cpt_hugin*

- Una vez visualizadas las tablas, se iniciará el programa Hugin lite. Después se dará clic en el icono para "abrir", navegando hasta la ubicación del archivo *BN_COVID_NAC_HOSPITALIZADOS.oobn* ubicado en la carpeta *Ejemplo_RB_NACIONAL*. En la Figura 40 se observa la captura de pantalla correspondiente.

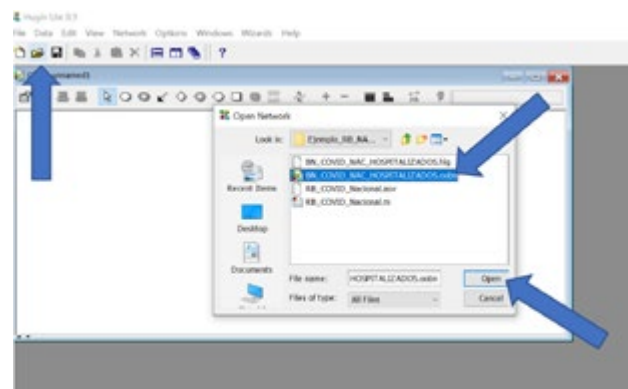


Figura 40. Apertura del archivo *BN_COVID_NAC_HOSPITALIZADOS.oobn* en Hugin lite

- Se mostrará la red bayesiana para los pacientes hospitalizados a nivel nacional, tal como se ilustra en la Figura 41.

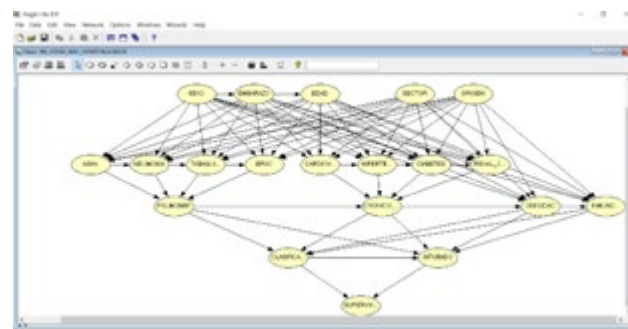


Figura 41. Topología de la red bayesiana desarrollada en el proyecto de investigación

- El orden de las variables en la red bayesiana presentada es la que se muestra en la Figura 42. Como se puede apreciar, son 20 variables en total, enumeradas de izquierda a derecha y de arriba hacia abajo.

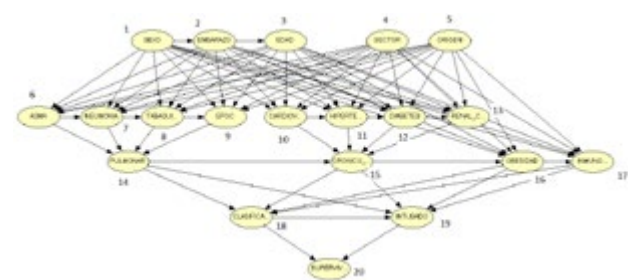


Figura 42. Orden de las variables consideradas en el modelo matemático

- Para actualizar las tablas de probabilidad de las variables de la red, se debe dar clic derecho en la variable deseada y seleccionar "open tables". Como ejemplo se puede apreciar en la Figura 43 la actualización de la tabla de probabilidades de la variable sexo.

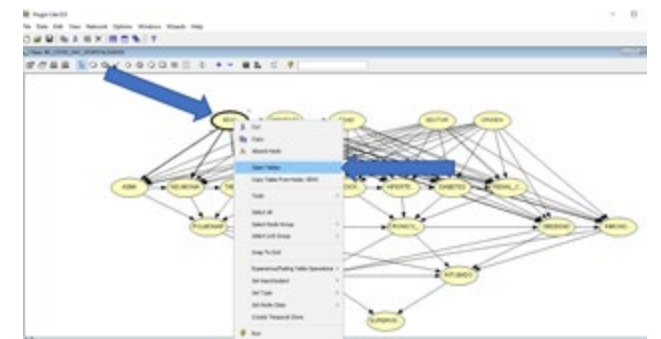


Figura 43. Actualización de la tabla de probabilidades de la variable Sexo

- En la parte superior de la red aparecerá otra ventana con la tabla de probabilidad correspondiente (ver la Figura 44).

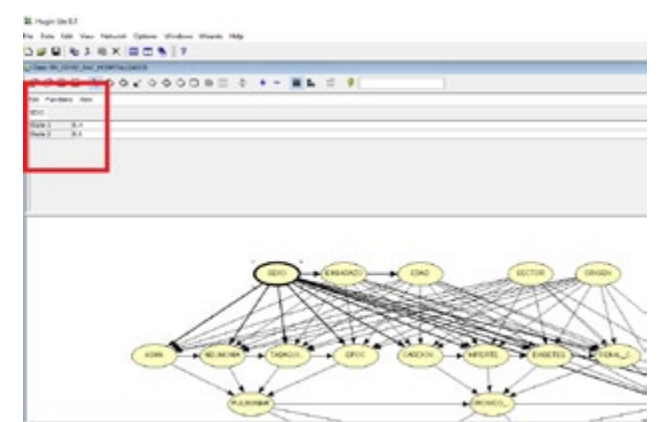


Figura 44. Tabla de probabilidades de la variable Sexo

- De acuerdo al orden de las variables en la red, se dará doble clic en la celda correspondiente de la variable *cpt_hugin* en Matlab. En este caso la variable sexo es la numero 1, por lo tanto se dará doble clic en la celda 1 de la variable *cpt_hugin*, tal como se aprecia en la Figura 45.

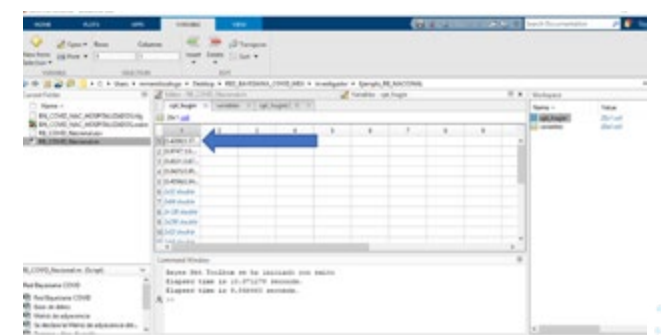


Figura 45. Ubicación de la tabla de probabilidades de la variable (1) Sexo en *cpt_hugin*

- Se mostrará el contenido de la celda, revelando las probabilidades buscadas. Observese la Figura 46.

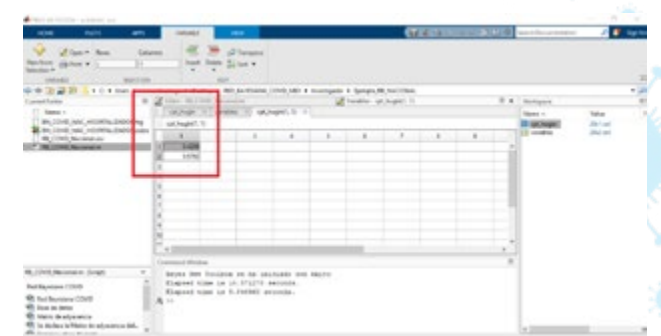


Figura 46. Tabla de probabilidades de la variable (1) Sexo

12. Ahora se deberá seleccionar el contenido de la tabla, se dará clic derecho y posteriormente se deberá copiar la información. En la Figura 47 se ha tomado una captura de pantalla de este proceso.

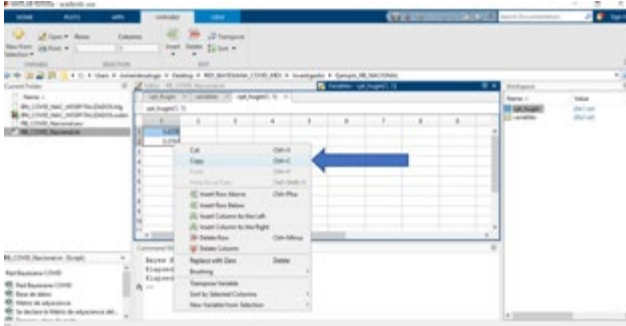


Figura 47. Copiado de la información de la tabla de probabilidades de la variable (1) Sexo

13. Se situará entonces el cursor en la parte superior de la tabla de probabilidades de la variable en Hugin lite, y se pegarán los valores copiados pulsando **ctrl+v**. Esto se ilustra en la Figura 48.

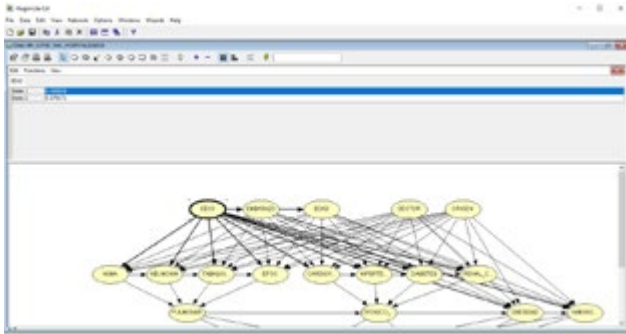


Figura 48. Actualización de la tabla de probabilidades de la variable Sexo en la red bayesiana generada en Hugin lite

14. El proceso se repite para el resto de las 19 variables incluidas en el modelo completo. Una vez actualizadas todas las tablas de probabilidades, se pulsará el icono en forma de rayo para pasar a modo de ejecución. En la Figura 49 se muestra su ubicación.



Figura 49. Red bayesiana en Hugin lite con las tablas actualizadas y lista para ejecutarse

15. Una vez en modo de ejecución la red bayesiana ya estará actualizada y lista para su uso. En la Figura 50 se muestra la forma en la que aparecen las variables consideradas en el modelo, del lado derecho.

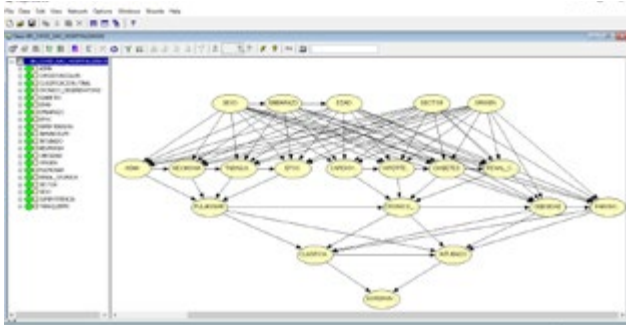


Figura 50. Red bayesiana en Hugin lista para calcular las probabilidades de supervivencia

A continuación, para corroborar y ejemplificar el uso de la red bayesiana en Hugin, el ejemplo presentado en la *Sección 4 Ejemplo hipotético* es ejecutado en ese programa.

16. Se ingresan las condiciones (Hombre, atendido en una unidad del sector público ubicada al lado de la variable de interés para mostrar los posibles estados de la variable (ver Figura 51).

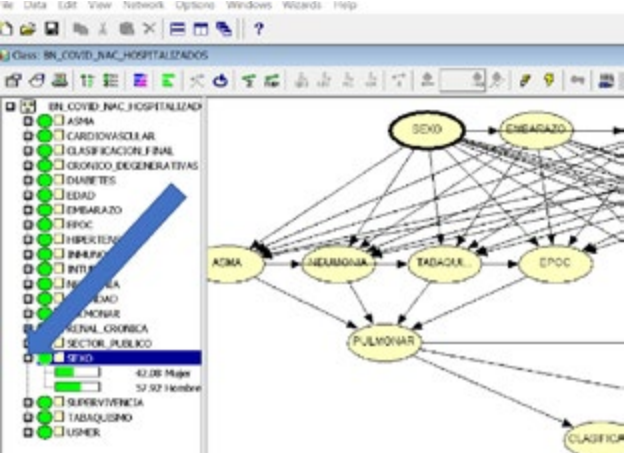


Figura 51. Despliegue de estados de la variable género del modelo en Hugin

17. Posteriormente se dará *doble clic* en la condición deseada de la variable, cambiando a rojo la condición seleccionada, tal y como se muestra en la Figura 52.

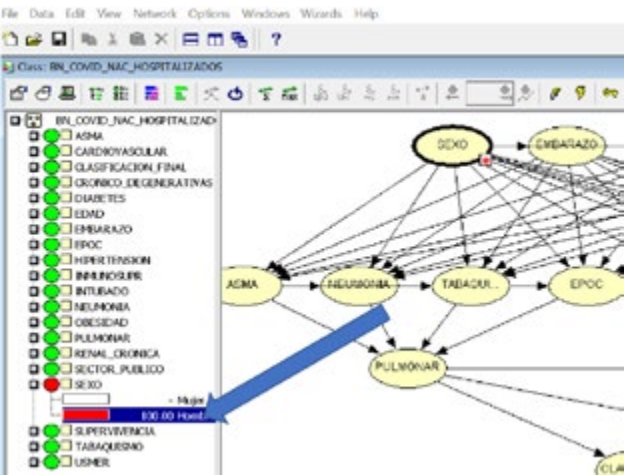


Figura 52. Asignación del estado hombre en la variable género del modelo en Hugin

18. Una vez ingresadas todas las condiciones, tal como se hizo con la variable género, se dará clic en la lista desplegable ubicada al lado de la variable objetivo (supervivencia) para observar el resultado de las probabilidades. La Figura 53 muestra el resultado de este paso.

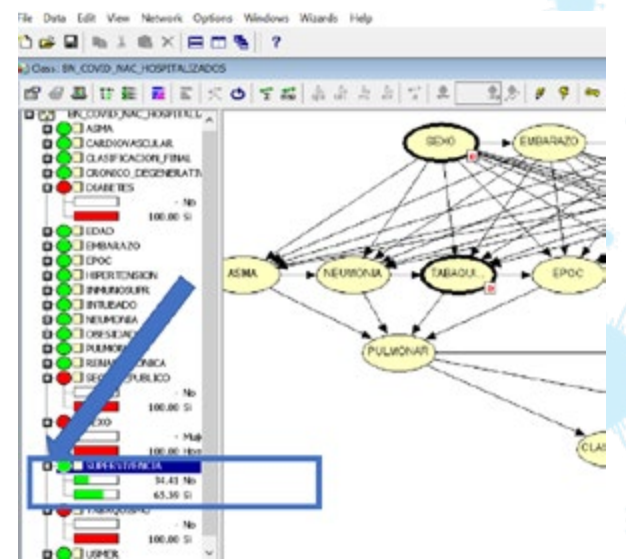


Figura 53. Despliegue de la variable objetivo "supervivencia"

19. Si se desea, se puede dar clic derecho en una de las variables condicionadas y seleccionar la opción *Show Monitor Window(s)* para tener una mejor vista de los resultados, como se ilustra en la Figura 54.

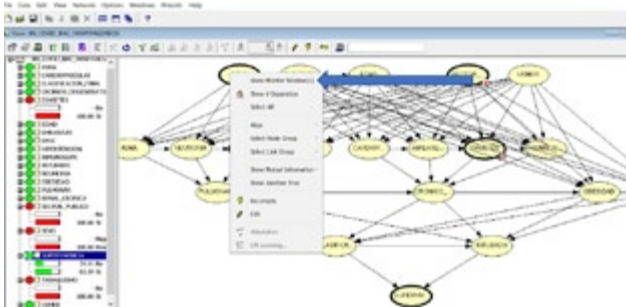


Figura 54. Menú emergente para mostrar la ventana de monitoreo de probabilidades

20. Como se puede observar en la Figura 55, en la red bayesiana se muestran ya las condiciones ingresadas en rojo y el resultado de las probabilidades de la variable objetivo en verde: Al comparar los resultados del modelo gráfico con el modelo de la interfaz de usuario, se concluye que tanto las obtenidas en este ejemplo como las de la *Sección 4 Ejemplo hipotético*, son iguales. En efecto, la probabilidad de supervivencia del paciente con las condiciones descritas, es de 65.59 %.

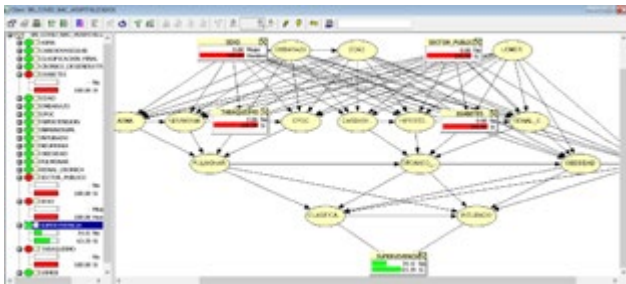


Figura 55. Probabilidad de supervivencia calculada en Hugin

Es así como se concluye la descripción del uso del modelo matemático generado para el proyecto de investigación planteado.

1. Estudios estadísticos de enfermedades infecciosas

La investigación sobre enfermedades infecciosas se basa en modelos epidemiológicos matemáticos, que intentan emular el dinamismo de la enfermedad y estimar los parámetros relacionados con ella, como la tasa de supervivencia.

La forma básica de este tipo de simulaciones son los modelos SIR basados en el supuesto de que la población se puede clasificar en tres grupos independientes (persona Susceptible, Infectada y Recuperada). El número y tipo de grupos se pueden modificar para reflejar mejor la dinámica específica de la enfermedad, como en los modelos SEIR (persona Susceptible, Expuesta, Infectada y Recuperada). Los modelos estudian de qué manera los individuos pueden progresar de un grupo al siguiente.

Se pueden diferenciar dos clases de modelos. Los deterministas, que se basan en ecuaciones diferenciales y que son frecuentemente utilizados para poblaciones grandes. Y los modelos gráficos, que se basan en procesos Bayesianos, relevantes para factores condicionales o con varios parámetros.

1.1 Modelos aplicados al análisis de supervivencia para Covid-19

Así, en este anexo se trata de identificar y describir brevemente los modelos matemáticos propuestos hasta el momento de la escritura del presente manual, que permiten identificar variables de riesgo asociadas al Covid-19.

1.2 Metodología

Se incluyen los modelos matemáticos estadísticos y cuantitativos, encontrados en el Centro Cochrane Iberoamerican; que son frecuentemente usados para asistir en la toma de decisiones en salud. <<https://es.cochrane.org/es/¿qué-ofrecen-los-modelos-matemáticos-para-estimar-la-necesidad-de-hospitalización-yo-tratamiento-en>>.

1.3 Modelo SEIR

Un modelo bastante utilizado es el SEIR, que tiene distintos enfoques para tratar al Covid-19. Algunas de sus aplicaciones mas importantes han sido propuestas por: la empresa Auquan <<https://covid19-infection-model.auquan.com/>> (modelo SEIR ajustado), el conglomerado CDDEP <<https://resistancemap.cddep.org/COVID19.php>> (modelo SEIR bayesiano), la Universidad de Columbia <<https://columbia.maps.arcgis.com/apps/webappviewer/index.html?id=ade6ba85450c4325a12a5b9c09ba796c>> (modelo SEIR de metapoblación), el consorcio de universidades <<https://covid19sim.org/>> (modelo SEIR), la organización Covid now <<https://covidactnow.org/?s=1583523>> (modelo SEIR ajustado), la Universidad de Harvard y Google <<https://cloud.google.com/blog/products/ai-machine-learning/google-cloud-is-releasing-the-covid-19-public-forecasts>> (modelo SEIR que se ajusta al aprendizaje automático), la empresa privada IEM <<https://iem-modeling.com/>> (modelo SEIR con aprendizaje automático), la Universidad Johns Hopkins <<https://buckymodel.com/>> (modelo SEIR de metapoblación), el MIT <<https://www.covidanalytics.io/projections>> (modelo SEIR), la compañía Microsoft <<https://www.microsoft.com/en-us/ai/ai-for-health/>> (modelo SEIR en una red espacio-temporal), la Universidad de California LA <<https://covid19.uclaml.org/>> (modelo SEIR modificado), la Universidad de California Merced <<https://mechatronics.ucmerced.edu/covid19>> (modelo SEIR), el Centro de investigación y desarrollo de ingeniería del ejército de los Estados Unidos <https://github.com/erdc-cv19/seir-model/blob/master/ERDC_SEIR_SI.pdf> (modelo SEIR), y el científico de datos Youyang Gu, del MIT <<https://covid19-projections.com/>> (modelo SEIR con aprendizaje automático para estimación de parámetros).

1.4 Aprendizaje Automático

Entre los modelos más avanzados, están los del aprendizaje automático desarrollados en los últimos años con la ayuda de los avances computacionales. Algunas de sus aplicaciones mas importantes han sido propuestas por: la empresa Facebook con su investigación de Inteligencia Artificial <https://scontent.fmex10-1.fna.fbcdn.net/v/t39.8562-6/120541583_341801006937641_9062899952287838655_n.pdf?nc_cat=103&ccb=2&nc_sid=ae5e01&nc_ohc=LwmTOyvvsuHIAx9WgFix&nc_ht=scontent.fmex10-1.fna&oh=335b86680c9eb8c9369cb3f16708f3f5&oe=6048BA2B> (modelo de aprendizaje automático, combinado con un modelo autoregresivo), el Instituto de Tecnología de Georgia <<https://deepcovid.github.io/>> (aprendizaje profundo), la Universidad Johns Hopkins en su Centro de Ciencia e Ingeniería de sistemas <<https://systems.jhu.edu/research/public-health/predicting-covid-19-risk/>> (aprendizaje automático), el MIT a través de su Laboratorio de Fisiología Computacional <<https://github.com/youyanggu/covid19-forecast-hub-evaluation>> (aprendizaje automático), la empresa Pandemia Central <<https://itsonit.com/>> (modelo de aprendizaje automático de bosque

aleatorio), la Universidad Estatal de Nueva York <<https://ylzhang29.github.io/UpstateSU-GRU-Covid/>> (aprendizaje automático), la Universidad de California San Diego <<https://datascience.ucsd.edu/COVID19/>> (modelo de metapoblación estructurado por edad con aprendizaje profundo), y la Universidad de California Santa Barbara <https://sites.cs.ucsb.edu/~xyan/covid19_ts.html> (un modelo de serie temporal del mecanismo de atención con aprendizaje profundo).

1.5 Modelo SIR

Otro modelo muy utilizado para las simulaciones de contagios es el SIR. Algunas de sus aplicaciones mas importantes han sido propuestas por: el MIT CovAlliance <<https://www.covidalliance.com/senior-facility-risk>> (modelo SIR), la compañía Oliver Wyman <<https://hlc-hlc21901.s3-us-west-2.amazonaws.com/public/White%20Paper%20OW%20Pandemic%20Navigator%20Core%20Model.pdf>> (modelo SIR dependiente del tiempo para casos detectados y no detectados), el Instituto Politécnico Rensselaer <<https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.07.25.20162016v1>> (ajuste del modelo SIR a los datos de movilidad), la Universidad Tecnológica de Texas <<https://github.com/fvbtu/squider/>> (Modelo SIR), el EpiGro de la Universidad de Arizona <<https://jocelinelega.github.io/EpiGro/>> (modelo SIR con asimilación de datos), y la Universidad del Sur de California <<https://scc-usc.github.io/ReCOVER-COVID-19/#/>> (modelo SIR).

1.6 Modelo autorregresivo de series de tiempo

Este modelo se ha usado de forma muy esporádica como el de la Universidad de Carnegie Mellon <https://delphi.cmu.edu/covidcast/?date=20210201&sensor=fb-survey-smoothed_wearing_mask®ion=42003> (modelo autorregresivo de series de tiempo).

1.7 Modelos Estadísticos

Estos modelos tienen variantes que, al ser usadas en el modelado de enfermedades infecciosas, muestran resultados de gran valor estadístico. Algunas de sus aplicaciones mas importantes han sido propuestas por: la Universidad de Columbia y la Universidad de Carolina del Norte <https://github.com/COVID19BIOSTAT/covid19_prediction> (modelo estadístico convolucional de supervivencia), el investigador Jonh Burant <<https://github.com/JohnBurant/COVID19-PRM/>> (modelo estadístico fenomenológico), el Laboratorio Nacional de los Álamos <<https://covid-19.bsvgateway.org/>> (modelo de crecimiento dinámico estadístico que toma en cuenta la susceptibilidad de la población), la Universidad de Georgia <<https://github.com/e3bo/random-walks>> (modelo estadístico de caminata aleatoria), y la Universidad de Ginebra <https://renkulab.shinyapps.io/COVID-19-Epidemic-Forecasting/_w_09eaca75/?tab=about> (modelos estadísticos exponenciales y lineales ajustados a la tasa de crecimiento reciente de muertes acumuladas).

1.8 Modelos Bayesianos

Otra herramienta utilizada se basa en el uso de la probabilidad bayesiana. Algunas de sus aplicaciones mas importantes han sido propuestas por: el investigador Mingyuan Zhou de la Universidad de Texas Austin <<https://dds-covid19.github.io/index.html>> (modelo jerárquico bayesiano), y la Universidad de Massachusetts <<https://reichlab.io/>> (modelo de compartimento bayesiano mecanicista). Es aquí donde se incluyó ahora el propuesto en el presente proyecto de investigación, desarrollado con el financiamiento del CONACYT.

1.9 Modelos Varios

Otros modelos utilizados para la modelización de la pandemia han sido propuestos por:: el grupo Yu de Berkeley <<https://covidseverity.com/>> (conjunto de predictores lineales y exponenciales combinados (CLEP), el Colegio Imperial de Londres <<https://mrc-ide.github.io/covid19-short-term-forecasts/index.html>> (modelos de transmisión mecánica, ajustados a diferentes supuestos de parámetros), el Instituto de Métricas y Evaluación de la Salud <<https://covid19.healthdata.org/united-states-of-america?view=total-deaths&tab=trend>> (combinación de un modelo mecanicista de transmisión de enfermedades y un enfoque de ajuste de curvas), la Universidad del Estado de Iowa <<https://covid19.stat.iastate.edu/>> (modelo espaciotemporal no paramétrico), el grupo de trabajo del Dr. Karlez <https://pypm.github.io/home/docs/studies/reports/Characterizing_spread.pdf> (ecuaciones de diferencia de tiempo discretas), el grupo de predicciones del MIT <<https://covidpredictions.mit.edu/>> (modelo de mezcla), y la Universidad Northeastern <<https://covid19.gleamproject.org/>> (metapoblación, modelo SLIR estructurado por edad).

Para resumir los estudios consultados, se han creado dos tablas que concentran los resultados de la revisión de los modelos matemáticos para pronósticar ya sea la supervivencia o los contagios por Covid-19.

Tabla 2. Estudios enfocados en la creación de modelos con base en el enfoque matemático adoptado.

Modelos	SEIR	Aprendizaje Automatico	SIR	Autoregresivo de series en el tiempo	Estadísticos	Bayesianos	Varios
Autores	X						
Empresa Auquan	X						
Conglomerado CDDEP	X						
Universidad de Columbia	X						
Organización Covid now	X						
Google y Harvard	X						
Empresa IEM	X						
Universidad John Hopkins	X						
MIT	X						
Microsoft	X						
Universidad de California LA	X						
Universidad de California Merced	X						
Centro de Investigacion y desarrollo del Ejercito de USA	X						
MIT Youyang Gu	X						
FaceBook		X					
Instituto de Tecnologia de Georgia		X					
Universidad de John Hopkins Centro de ciencia y sistemas		X					
MIT Laboratorio de Fisiología Computacional		X					
Empresa Pandemia Central		X					
Universidad Estatal de Nueva York		X					
Universidad de California San Diego		X					
Universidad de California Santa Barbara		X					
MIT Cov Alliance			X				
Modelo de Oliver Wyman			X				
Instituto Politecnico Renssealer			X				
Universidad Tecnologica de Texas			X				
Universidad de Arizona EpiGro			X				
Universidad del sur de California			X				
Universidad Carnegie Mellon				X			
Universidad de Columbia y Universidad de Carolina del Norte					X		
Jonh Burant					X		
Laboraratorio Nacional de los Alamos					X		
Universidad de Georgia					X		
Universidad de Ginebra					X		
Universidad de Texas Austin Dr. Mingyuan Zhou						X	
Universidad de Massachusetts						X	
Grupo Yu de Berkeley							X
Colegio Imperial de Londres							X
Instituto de métricas y evaluacion de la salud							X
Universidad del estado de Iowa							X
Grupo del Dr. Karlen							X
Grupo de predicciones del MIT							X
Universidad Northeastern							X

Tabla 3. Modelos matemáticos para pronosticar los contagios o probabilidades de supervivencia por Covid-19

Modelo matemático	País	Nombre del modelo	Parámetros considerados	Pronóstico
Aprendizaje automático	Estados Unidos	INQ	Expuestos, infectados, muertos	Infectados, muertes
Aprendizaje automático	Estados Unidos	OneQuietLight	Expuestos, infectados, muertos	Infectados
Aprendizaje automático	Estados Unidos	PandemicCentral	Demografía, factores de riesgo para la salud, movilidad social, infectados, muertos	Infectados
Aprendizaje automático	Estados Unidos	QJHong	Expuestos, infectados, muertos, movilidad	Infectados, muertes
Aprendizaje automático	Estados Unidos	UpstateSU	Demografía, movilidad social, infectados, muertos	Infectados, muertes
Aprendizaje automático	Estados Unidos	YYG	Expuestos, infectados, recuperados, muertos, movilidad, demografía	Muertes
Aprendizaje automático	Estados Unidos	GT-DeepCOVID	Expuestos, infectados, muertos	Hospitalizados, muertes
Autoregresivo de series de tiempo	Estados Unidos	CMU	Expuestos, infectados, muertos	Infectados, muertes
Autoregresivo de series de tiempo	Estados Unidos	SignatureScience	Expuestos, infectados, muertos	Infectados, muertes
Autoregresivo de series de tiempo	Estados Unidos	UM	Demografía, infectados, muertos, movilidad	Infectados, muertes
Autoregresivo de series de tiempo	Estados Unidos	Facebook	Demografía, factores de riesgo para la salud, movilidad social	Infectados
Bayesiano	México	CONACYT-Udelft-UAEMex	Hospitalizados, infectados, recuperados, muertos, factores de riesgo para la salud	Infectados, supervivencia
Bayesiano	Estados Unidos	DDS	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, muertes
Bayesiano	Estados Unidos	ESG	Infectados, muertos, recuperados	Infectados, muertes
Bayesiano	Estados Unidos	UMass-MB, Ensemble	Demografía, movilidad social, expuestos, infectados, muertos	Infectados, muertes
Bayesiano	Estados Unidos	UT	Movilidad social, expuestos, infectados, muertos	Muertes
Bayesiano	Estados Unidos	CDDEP	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados
Bayesiano	India	Wadhwan	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, muertes
Crecimiento logístico	Estados Unidos	Walmart	Hospitalizados, infectados, muertos	Infectados, muertes
Ecuaciones diferenciales discretas	Estados Unidos	Karlen	Hospitalizados, infectados, muertos	Infectados, hospitalizados, muertes
Espaciotemporal no paramétrico	Estados Unidos	ISU	Infectados, muertos, movilidad	Infectados, muertes
Estadístico fenomenológico	Estados Unidos	Columbia-UNC	Infectados, muertos	Infectados, muertes
Estadístico fenomenológico	Estados Unidos	ICB	Infectados, muertos	Muertes
Estadístico fenomenológico	Inglaterra	ISHTM	Infectados, muertos	Muertes
Estadístico fenomenológico	Estados Unidos	LANL	Demografía, infectados, muertos, movilidad	Infectados, hospitalizados, muertes
Estadístico fenomenológico	Estados Unidos	MOBS	Demografía, disponibilidad de recursos sanitarios, factores de riesgo para la salud, movilidad social	Hospitalizados, muertes
Estadístico fenomenológico	Estados Unidos	STH	Demografía, infectados, muertos, movilidad	Muertes
Estadístico fenomenológico	Estados Unidos	CovidComplete	Demografía, infectados, muertos	Muertes
Estadístico fenomenológico	Estados Unidos	UCA-CEID	Demografía, infectados, muertos, movilidad	Infectados, muertes
Estadístico fenomenológico	Estados Unidos	Gompertz	Demografía, movilidad social, expuestos, infectados, muertos	Infectados, muertes
Estadístico fenomenológico	México	Gompertz	Infectados, demografía, movilidad social	Infectados
Mecánica de transmisión	Inglaterra	Imperial	Expuestos, infectados, muertos	Muertes
Mecánica de transmisión	Estados Unidos	IBF	Expuestos, infectados, muertos	Infectados, hospitalizados, muertes
Mecánica de transmisión	Estados Unidos	IHME	Hospitalizados, infectados, muertos, movilidad	Infectados, hospitalizados, muertes
Predictores lineales y exponenciales combinados	Estados Unidos	Grupo Yu de Berkeley	Demografía, disponibilidad de recursos sanitarios, factores de riesgo para la salud, movilidad social	Infectados, muertes
Red neuronal artificial	Estados Unidos	IQVIA	Demografía, infectados, muertos, movilidad	Infectados
Red neuronal artificial	Estados Unidos	Facebook	Demografía, factores de riesgo para la salud, movilidad social	Infectados
Red neuronal artificial	México	ANNI	Infectados	Infectados
SEIR	Inglaterra	Auquan	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Muertes
SEIR	México	AWA	Expuestos, infectados, hospitalizados, recuperados	Hospitalizados
SEIR	Estados Unidos	Columbia	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, hospitalizados, muertes
SEIR	Estados Unidos	Covid19Sim	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, hospitalizados, muertes
SEIR	Estados Unidos	CAN	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Hospitalizados, muertes
SEIR	Estados Unidos	Google-HSPH	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, hospitalizados, muertes
SEIR	Estados Unidos	IEM	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados
SEIR	Estados Unidos	IHU-APL	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, hospitalizados, muertes
SEIR	Estados Unidos	MIT-ORC	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, muertes
SEIR	Estados Unidos	Microsoft	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, muertes
SEIR	Estados Unidos	NotreDame-Mobility	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Muertes
SEIR	Estados Unidos	PSI	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Muertes
SEIR	Estados Unidos	UCLA	Expuestos, infectados, recuperados, muertos, movilidad, demografía	Infectados, hospitalizados, muertes
SEIR	Estados Unidos	UCF	Expuestos, infectados, recuperados, muertos, movilidad, demografía	Infectados
SEIR	Estados Unidos	Uchicago	Expuestos, infectados, recuperados, muertos, movilidad, demografía	Muertes
SEIR	Estados Unidos	UVA	Expuestos, infectados, recuperados, muertos, movilidad, demografía	Infectados
SEIR	Estados Unidos	ERDC	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados, hospitalizados, muertes
SEIR	Estados Unidos	CDDEP	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Infectados
SEIR	Estados Unidos	YYG	Expuestos, infectados, recuperados, muertos	Muertes
SEIR	India	Wadhwan	Expuestos, infectados, recuperados, muertos, movilidad, demografía	Infectados, muertes
SIR	Estados Unidos	BPagano	Expuestos, infectados, muertos	Muertes
SIR	Estados Unidos	Oliver Wyman	Expuestos, infectados, muertos, movilidad	Infectados, muertes
SIR	Estados Unidos	RPI-UW	Expuestos, infectados, muertos, movilidad	Muertes
SIR	Estados Unidos	TTU	Demografía, movilidad social, expuestos, infectados, muertos	Infectados
SIR	Estados Unidos	UA	Demografía, infectados, recuperados, muertos, movilidad, demografía	Muertes
SIR	Estados Unidos	USC	Demografía, infectados, recuperados, muertos, movilidad, demografía	Infectados, hospitalizados, muertes



A N E X O B

**Script en Matlab
de la interfaz
gráfica**

Interfaz Grafica de usuario (GUI) Red Bayesiana COVID Pacientes Hospitalizados Mexico

```
% Rutina principal para iniciar la Interfaz Grafica de usuario (GUI)
Red Bayesiana COVID
%
% Archivos necesarios:
%*BN_Matlab_Toolbox          Carpeta de archivos: Bayes Network
toolbox
%*Funciones                  Carpeta con los archivos:
%      *Codigo_interfaz_grafica.m      Codigo: Contiene el codigo
fuente de la
%
%                                interfaz grafica
%      *calculo_rbs.m              Funcion: Contiene el codigo
necesario para
%
%                                realizar los calculos
%*Datos_RBS_entidades.mat      Archivo de datos: Contiene la informacion
%                                de los modelos de redes
bayesianas
%
%                                para su uso (Generados con la
base
%
%                                de datos COVID al 14/01/2020)
% Nota: No eliminar o cambiar nombres
% Uso: Para iniciar la interfaz grafica solo es necesario correr la
rutina

clc; clear; close all
ruta = pwd; idx =
    regexp(ruta, 'RED_BAYESIANA_COVID_MEX', 'lineanchors'); %localiza la
ruta de la carpeta actual
ruta_de_trabajo = ruta(1:idx-2);                                %Rutal
de la carpeta principal
addpath(genpath(ruta_de_trabajo));                                %Agraga
todas las capetas y subcarpetas
Iniciar_BNT;

Codigo interfaz grafica;
```

GUI

```

classdef Codigo_interfaz_grafica < matlab.apps.AppBase

    % Properties that correspond to app components
    properties (Access = public)
        UIFigure                                matlab.ui.Figure
        BNCOVIDLabel                            matlab.ui.control.Label
        SexoDropDownLabel                       matlab.ui.control.Label
        SexoDropDown                            matlab.ui.control.DropDown
        EmbarazoDropDownLabel                   matlab.ui.control.Label
        EmbarazoDropDown                        matlab.ui.control.DropDown
        EdadDropDownLabel                      matlab.ui.control.Label
        EdadDropDown                            matlab.ui.control.DropDown
        AsmaDropDownLabel                      matlab.ui.control.Label
        AsmaDropDown                            matlab.ui.control.DropDown
        NeumoniaDropDownLabel                  matlab.ui.control.Label
        NeumoniaDropDown                       matlab.ui.control.DropDown
        TabaquismoDropDownLabel                matlab.ui.control.Label
        TabaquismoDropDown                     matlab.ui.control.DropDown
        EPOCDropDownLabel                     matlab.ui.control.Label
        EPOCDropDown                           matlab.ui.control.DropDown
        HipertensinDropDownLabel               matlab.ui.control.Label
        HipertensinDropDown                    matlab.ui.control.DropDown
        CardiovascularDropDownLabel            matlab.ui.control.Label
        CardiovascularDropDown                 matlab.ui.control.DropDown
        DiabetesDropDownLabel                  matlab.ui.control.Label
        DiabetesDropDown                       matlab.ui.control.DropDown
        RenalCronicaDropDownLabel              matlab.ui.control.Label
        RenalCronicaDropDown                   matlab.ui.control.DropDown
        ObesidadDropDownLabel                  matlab.ui.control.Label
        ObesidadDropDown                       matlab.ui.control.DropDown
        InmunosupresinDropDownLabel            matlab.ui.control.Label
        InmunosupresinDropDown                 matlab.ui.control.DropDown
        OrigenDropDownLabel                    matlab.ui.control.Label
        OrigenDropDown                         matlab.ui.control.DropDown
        SectorDropDownLabel                    matlab.ui.control.Label
        SectorDropDown                         matlab.ui.control.DropDown
        ClasificacionfinalDropDownLabel        matlab.ui.control.Label
        ClasificacionfinalDropDown             matlab.ui.control.DropDown
        SupervivenciaDropDownLabel             matlab.ui.control.Label
        SupervivenciaDropDown                  matlab.ui.control.DropDown
        IntubadoDropDownLabel                  matlab.ui.control.Label
        IntubadoDropDown                       matlab.ui.control.DropDown
        VariableobjetivoDropDownLabel          matlab.ui.control.Label
        VariableobjetivoDropDown               matlab.ui.control.DropDown
        EntidadDropDownLabel                   matlab.ui.control.Label
        EntidadDropDown                        matlab.ui.control.DropDown
        CalcularprobabilidadButton             matlab.ui.control.Button
    end

    % Callbacks that handle component events
    methods (Access = private)

```

```
% Button pushed function: CalcularprobabilidadButton
function CalcularprobabilidadButtonPushed(app, event)

    vrs{1} = app.SexoDropDown.Value;
    vrs{2} = app.EmbarazoDropDown.Value;
    vrs{3} = app.EdadDropDown.Value;
    vrs{4} = app.SectorDropDown.Value;
    vrs{5} = app.OrigenDropDown.Value;
    vrs{6} = app.AsmaDropDown.Value;
    vrs{7} = app.NeumoniaDropDown.Value;
    vrs{8} = app.TabaquismoDropDown.Value;
    vrs{9} = app.EPOCDropDown.Value;
    vrs{10} = app.CardiovascularDropDown.Value;
    vrs{11} = app.HipertensinDropDown.Value;
    vrs{12} = app.DiabetesDropDown.Value;
    vrs{13} = app.RenalCronicaDropDown.Value;
    vrs{14} = [];
    vrs{15} = [];
    vrs{16} = app.ObesidadDropDown.Value;
    vrs{17} = app.InmunosupresinDropDown.Value;
    vrs{18} = app.ClasificacionfinalDropDown.Value;
    vrs{19} = app.IntubadoDropDown.Value;
    vrs{20} = app.SupervivenciaDropDown.Value;

    itms{1} = app.SexoDropDown.Items;
    itms{2} = app.EmbarazoDropDown.Items;
    itms{3} = app.EdadDropDown.Items;
    itms{4} = app.SectorDropDown.Items;
    itms{5} = app.OrigenDropDown.Items;
    itms{6} = app.AsmaDropDown.Items;
    itms{7} = app.NeumoniaDropDown.Items;
    itms{8} = app.TabaquismoDropDown.Items;
    itms{9} = app.EPOCDropDown.Items;
    itms{10} = app.CardiovascularDropDown.Items;
    itms{11} = app.HipertensinDropDown.Items;
    itms{12} = app.DiabetesDropDown.Items;
    itms{13} = app.RenalCronicaDropDown.Items;
    itms{14} = [];
    itms{15} = [];
    itms{16} = app.ObesidadDropDown.Items;
    itms{17} = app.InmunosupresinDropDown.Items;
    itms{18} = app.ClasificacionfinalDropDown.Items;
    itms{19} = app.IntubadoDropDown.Items;
    itms{20} = app.SupervivenciaDropDown.Items;

    for i = 1:length(itms)
        if i == 14 | i == 15
            evidence{i} = [];
        else
            evidence{i} = find(strcmp(itms{i}, vrs{i}))-1;
        end
    end
```

```
        if evidence{i} == 0
            evidence{i} = [];
        end
    end

    entidad_v = app.EntidadDropDown.Value;
    target_var_v = app.VariableobjetivoDropDown.Value;

    calculo_rbs(entidad_v, evidence, target_var_v)

end
end
% Component initialization
methods (Access = private)

    % Create UIFigure and components
    function createComponents(app)

        % Create UIFigure and hide until all components are
        created
        app UIFigure = uifigure('Visible', 'off');
        app UIFigure.Position = [100 100 640 480];
        app UIFigure.Name = 'Red Bayesiana Covid-19 Mexico';
        app UIFigure.Color = [.98 .98 0.98];

        % Create BNCOVIDLabel
        app.BNCOVIDLabel = uilabel(app UIFigure);
        app.BNCOVIDLabel.FontWeight = 'bold';
        app.BNCOVIDLabel.Position = [161 439 364 22];
        app.BNCOVIDLabel.Text = 'Red Bayesiana Covid-19 Mexico
        (Proyecto No. 313400)';

        % Create SexoDropDownLabel
        app.SexoDropDownLabel = uilabel(app UIFigure);
        app.SexoDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
        app.SexoDropDownLabel.Position = [41 349 33 22];
        app.SexoDropDownLabel.Text = 'Sexo';

        % Create SexoDropDown
        app.SexoDropDown = uidropdown(app UIFigure);
        app.SexoDropDown.Items = {'', 'Mujer', 'Hombre'};
        app.SexoDropDown.Position = [89 349 82 22];
        app.SexoDropDown.Value = '';

        % Create EmbarazoDropDownLabel
        app.EmbarazoDropDownLabel = uilabel(app UIFigure);
        app.EmbarazoDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
        app.EmbarazoDropDownLabel.Position = [211 349 60 22];
        app.EmbarazoDropDownLabel.Text = 'Embarazo';
```



```
% Create EmbarazoDropDown
app.EmbarazoDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.EmbarazoDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.EmbarazoDropDown.Position = [286 349 55 22];
app.EmbarazoDropDown.Value = '';

% Create EdadDropDownLabel
app.EdadDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.EdadDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.EdadDropDownLabel.Position = [361 349 98 22];
app.EdadDropDownLabel.Text = 'Edad';

% Create EdadDropDown
app.EdadDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.EdadDropDown.Items = {'','Menor de 65', '65 o Mayor'};
app.EdadDropDown.Position = [474 349 127 22];
app.EdadDropDown.Value = '';

% Create OrigenDropDownLabel
app.OrigenDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.OrigenDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
%app.OrigenDropDownLabel.Position = [241 319 42 22];
app.OrigenDropDownLabel.Position = [41 319 48 22];
app.OrigenDropDownLabel.Text = 'USMER';

% Create OrigenDropDown
app.OrigenDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.OrigenDropDown.Items = {'','Fuera de USMER', 'USMER'};
%app.OrigenDropDown.Position = [298 319 133 22];
app.OrigenDropDown.Position = [100 319 135 22];
app.OrigenDropDown.Value = '';

% Create SectorDropDownLabel
app.SectorDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.SectorDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.SectorDropDownLabel.Position = [253 319 83 22];
app.SectorDropDownLabel.Text = 'Sector Publico';

% Create SectorDropDown
app.SectorDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.SectorDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.SectorDropDown.Position = [347 319 75 22];
app.SectorDropDown.Value = '';

% Create AsmaDropDownLabel
app.AsmaDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.AsmaDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.AsmaDropDownLabel.Position = [55 269 36 22];
app.AsmaDropDownLabel.Text = 'Asma';

% Create AsmaDropDown
app.AsmaDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.AsmaDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
```

```
app.AsmaDropDown.Position = [106 269 55 22];
app.AsmaDropDown.Value = '';

% Create NeumoniaDropDownLabel
app.NeumoniaDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.NeumoniaDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.NeumoniaDropDownLabel.Position = [27 239 60 22];
app.NeumoniaDropDownLabel.Text = 'Neumonia';

% Create NeumoniaDropDown
app.NeumoniaDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.NeumoniaDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.NeumoniaDropDown.Position = [107 239 54 22];
app.NeumoniaDropDown.Value = '';

% Create TabaquismoDropDownLabel
app.TabaquismoDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.TabaquismoDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.TabaquismoDropDownLabel.Position = [21 209 70 22];
app.TabaquismoDropDownLabel.Text = 'Tabaquismo';

% Create TabaquismoDropDown
app.TabaquismoDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.TabaquismoDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.TabaquismoDropDown.Position = [106 209 55 22];
app.TabaquismoDropDown.Value = '';

% Create EPOCDropDownLabel
app.EPOCDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.EPOCDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.EPOCDropDownLabel.Position = [51 179 40 22];
app.EPOCDropDownLabel.Text = 'EPOC';

% Create EPOCDropDown
app.EPOCDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.EPOCDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.EPOCDropDown.Position = [106 179 55 22];
app.EPOCDropDown.Value = '';
% Create HipertensinDropDownLabel
app.HipertensinDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.HipertensinDropDownLabel.HorizontalAlignment
= 'right';
app.HipertensinDropDownLabel.Position = [181 269 73 22];
app.HipertensinDropDownLabel.Text = 'Hipertension';

% Create HipertensinDropDown
app.HipertensinDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.HipertensinDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.HipertensinDropDown.Position = [269 269 55 22];
app.HipertensinDropDown.Value = '';

% Create CardiovascularDropDownLabel
app.CardiovascularDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
```

```

app.CardiovascularDropDownLabel.HorizontalAlignment
= 'right';
app.CardiovascularDropDownLabel.Position = [168 239 86
22];
app.CardiovascularDropDownLabel.Text = 'Cardiovascular';

% Create CardiovascularDropDown
app.CardiovascularDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.CardiovascularDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.CardiovascularDropDown.Position = [269 239 55 22];
app.CardiovascularDropDown.Value = '';

% Create DiabetesDropDownLabel
app.DiabetesDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.DiabetesDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.DiabetesDropDownLabel.Position = [201 209 53 22];
app.DiabetesDropDownLabel.Text = 'Diabetes';

% Create DiabetesDropDown
app.DiabetesDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.DiabetesDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.DiabetesDropDown.Position = [269 209 55 22];
app.DiabetesDropDown.Value = '';

% Create RenalCronicaDropDownLabel
app.RenalCronicaDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.RenalCronicaDropDownLabel.HorizontalAlignment
= 'right';
app.RenalCronicaDropDownLabel.Position = [171 179 82 22];
app.RenalCronicaDropDownLabel.Text = 'Renal Cronica';

% Create RenalCronicaDropDown
app.RenalCronicaDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.RenalCronicaDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.RenalCronicaDropDown.Position = [268 179 55 22];
app.RenalCronicaDropDown.Value = '';

% Create ObesidadDropDownLabel
app.ObesidadDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.ObesidadDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.ObesidadDropDownLabel.Position = [371 269 57 22];
app.ObesidadDropDownLabel.Text = 'Obesidad';

% Create ObesidadDropDown
app.ObesidadDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.ObesidadDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.ObesidadDropDown.Position = [443 269 55 22];
app.ObesidadDropDown.Value = '';

% Create InmunosupresinDropDownLabel
app.InmunosupresinDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.InmunosupresinDropDownLabel.HorizontalAlignment
= 'right';

```

```

app.InmunosupresinDropDownLabel.Position = [331 239 101
22];
app.InmunosupresinDropDownLabel.Text = ' Inmunosupresion';

% Create InmunosupresinDropDown
app.InmunosupresinDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.InmunosupresinDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.InmunosupresinDropDown.Position = [447 239 55 22];
app.InmunosupresinDropDown.Value = '';

% Create ClasificacionfinalDropDownLabel
app.ClasificacionfinalDropDownLabel =
uilabel(app.UIFigure);
app.ClasificacionfinalDropDownLabel.HorizontalAlignment
= 'right';
app.ClasificacionfinalDropDownLabel.Position = [21 129 98
22];
app.ClasificacionfinalDropDownLabel.Text = 'Clasificacion
final';

% Create ClasificacionfinalDropDown
app.ClasificacionfinalDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.ClasificacionfinalDropDown.Items = {'','Negativo
covid-19', 'Positivo covid-19'};
app.ClasificacionfinalDropDown.Position = [134 129 140
22];
app.ClasificacionfinalDropDown.Value = '';

% Create SupervivenciaDropDownLabel
app.SupervivenciaDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.SupervivenciaDropDownLabel.HorizontalAlignment
= 'right';
app.SupervivenciaDropDownLabel.Position = [441 129 81 22];
app.SupervivenciaDropDownLabel.Text = 'Supervivencia';

% Create SupervivenciaDropDown
app.SupervivenciaDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.SupervivenciaDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.SupervivenciaDropDown.Position = [537 129 55 22];
app.SupervivenciaDropDown.Value = '';

% Create IntubadoDropDownLabel
app.IntubadoDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.IntubadoDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.IntubadoDropDownLabel.Position = [291 129 52 22];
app.IntubadoDropDownLabel.Text = 'Intubado';

% Create IntubadoDropDown
app.IntubadoDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.IntubadoDropDown.Items = {'','No', 'Si'};
app.IntubadoDropDown.Position = [358 129 55 22];
app.IntubadoDropDown.Value = '';

% Create VariableobjetivoDropDownLabel

```

```

app.VariableobjetivoDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.VariableobjetivoDropDownLabel.HorizontalAlignment
= 'right';
app.VariableobjetivoDropDownLabel.FontWeight = 'bold';
app.VariableobjetivoDropDownLabel.Position = [31 409 101
22];
app.VariableobjetivoDropDownLabel.Text = 'Variable
objetivo';

% Create VariableobjetivoDropDown
app.VariableobjetivoDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.VariableobjetivoDropDown.Items =
{'Sexo', 'Embarazo', 'Edad',...

'Sector', 'Origen', 'Asma', 'Neumonia', 'Tabaquismo', 'EPOC',...
'Cardiovascular', 'Hipertension', 'Diabetes', 'Renal
Cronica',...
'Obesidad', 'Inmunosupresion', 'Clasificacion
final', 'Intubado', 'Supervivencia'};
app.VariableobjetivoDropDown.Position = [149 409 130 22];
app.VariableobjetivoDropDown.Value = 'Supervivencia';

% Create EntidadDropDownLabel
app.EntidadDropDownLabel = uilabel(app.UIFigure);
app.EntidadDropDownLabel.HorizontalAlignment = 'right';
app.EntidadDropDownLabel.FontWeight = 'bold';
app.EntidadDropDownLabel.Position = [363 409 49 22];
app.EntidadDropDownLabel.Text = 'Entidad';

% Create EntidadDropDown
app.EntidadDropDown = uidropdown(app.UIFigure);
app.EntidadDropDown.Items =
{ 'Ags.', 'B.C.', 'B.C.S.', 'Camp.', 'Coah.', 'Col.',...

'Chis.', 'Chih.', 'Cdmx.', 'Dgo.', 'Gto.', 'Gro.',...

'Hgo.', 'Jal.', 'Mex.', 'Mich.', 'Mor.', 'Nay.',...

'N.L.', 'Oax.', 'Pue.', 'Qro.', 'Q.R.', 'S.L.P.',...

'Sin.', 'Son.', 'Tab.', 'Tams.', 'Tlax.', 'Ver.',...
'Yuc.', 'Zac.', 'Nacional'};

app.EntidadDropDown.Position = [429 409 130 22];
app.EntidadDropDown.Value = 'Mex.';

% Create CalcularprobabilidadButton
app.CalcularprobabilidadButton =
uibutton(app.UIFigure, 'push');
app.CalcularprobabilidadButton.ButtonPushedFcn =
createCallbackFcn(app,...

@CalcularprobabilidadButtonPushed, true);

```

```

app.CalcularprobabilidadButton.BackgroundColor = [0.85
0.85 0.85];
app.CalcularprobabilidadButton.FontWeight = 'bold';
app.CalcularprobabilidadButton.Position = [252 59 138 22];
app.CalcularprobabilidadButton.Text = 'Calcular
probabilidad';

% Show the figure after all components are created
app.UIFigure.Visible = 'on';
end
end

% App creation and deletion
methods (Access = public)

% Construct app
function app = Codigo_interfaz_grafica

% Create UIFigure and components
createComponents(app)

% Register the app with App Designer
registerApp(app, app.UIFigure)

if nargin == 0
clear app
end
end

% Code that executes before app deletion
function delete(app)

% Delete UIFigure when app is deleted
delete(app.UIFigure)
end
end
end

```

Calculo RBs

Funcion llamada por la GUI para realizar los calculos correspondientes

```
function calculo_rbs(entidad_v,evidence,target_var_v)

%nombre de los estados
ent_names = { 'Ags.', 'B.C.', 'B.C.S.', 'Camp.', 'Coah.', 'Col.',...
               'Chis.', 'Chih.', 'Cdmx.', 'Dgo.', 'Gto.', 'Gro.',...
               'Hgo.', 'Jal.', 'Mex.', 'Mich.', 'Mor.', 'Nay.',...
               'N.L.', 'Oax.', 'Pue.', 'Qro.', 'Q.R.', 'S.L.P.',...
               'Sin.', 'Son.', 'Tab.', 'Tams.', 'Tlax.', 'Ver.',...
               'Yuc.', 'Zac.', 'Nacional'};

tgt_var = {'Sexo', 'Embarazo', 'Edad', 'Sector', 'Origen',...
           'Asma', 'Neumonia', 'Tabaquismo', 'EPOC', 'Cardiovascular',...
           'Hipertension', 'Daibetes', 'Renal Cronica', 'Pulmonar',...
           'Cronico degenerativa', 'Obesidad', 'Inmunosupresion',...
           'Clasificacion final', 'Intubado', 'Supervivencia'};

states_var = {{'Mujer', 'Hombre'}, {'No', 'Si'}, {'Menor de 65', '65 o Mayor'},...
              {'Privado', 'Publico'}, {'Fuera de USMER', 'USMER'}, {'No', 'Si'},
              {'No', 'Si'}, {'No', 'Si'},...
              {'No', 'Si'}, {'No', 'Si'}, {'No', 'Si'}, {'No', 'Si'},
              {'No', 'Si'}, {'No', 'Si'}, {'No', 'Si'},...
              {'No', 'Si'}, {'No', 'Si'}, {'Negativo covid-19', 'Positivo covid-19'}, {'No', 'Si'}, {'No', 'Si'}};

entidad = find(strcmp(ent_names,entidad_v));
target_var = find(strcmp(tgt_var,target_var_v));

for i = 1:33;
    [engine{i}, loglik{i}] = enter_evidence(engine{i}, evidence);
    marg{i,1} = marginal_nodes(engine{i}, target_var); %maginal dist
    for target variable
```

Datos del los modelos

```
load Datos_RBS_entidades %datos de las redes bayesianas de los 32 estados mas la red nacional
```

Calculos

```
mar_target(:,i)= marg{i}.T; %marginal of
target variable
end

k = find(~cellfun(@isempty,evidence));
ev = {var_names{k}};

st_ev = evidence(k);
for i= 1:length(st_ev)
    if st_ev{i}==1
        st_ev{i} = 'NO';
    else
        st_ev{i} = 'SI';
    end
end

evi={};
for i =1:length(ev)
    if i==length(ev)
        evi{i} = [ev{i} ' = ' st_ev{i}];
    else
        evi{i} = [ev{i} ' = ' st_ev{i} ','];
    end
end

Not enough input arguments.

Error in calculo_rbs (line 28)
entidad = find(strcmp(ent_names,entidad_v));
```

Figura

```
set(figure, 'Color', [0.98 0.98 0.98])
bar(mar_target(:,entidad)*100,'FaceColor',[0.3010 0.7450 0.9330])
xticks(1:length(mar_target(:,entidad)))
xticklabels(states_var{target_var});
ylabel('Probabilidad %')
ylim([0 100])
title([target_var_v, '\fontsize{11}', ['Entidad: ' entidad_v]])
grid on
text(1:length(mar_target(:,entidad)),mar_target(:,entidad)*50,...

    num2str(round(mar_target(:,entidad)*100,2)), 'vert', 'bottom', 'horiz', 'center');
set(gca, 'FontSize', 12)
box off

end
```

Published with MATLAB® R2020a

Este manual se terminó de imprimir en marzo
de 2021, en los Talleres Gráficos Santa Barbara,
Toluca, Estado de México, C.P. 50050.
Tels.: 722 215 1433, 722 214 0865

