

Estimación del Número Básico de Reproducción para los Estados en México

Joaquín Salas

26 julio, 2020

Introducción

A medida que aumenta la interacción entre las personas, se materializa la amenaza inminente de los brotes de COVID-19, y existe una inclinación a aplicar bloqueos. En este contexto, es esencial tener indicadores fáciles de usar para que las personas los usen como referencia. El número básico de reproducción de positivos confirmados, R_t , cumple ese rol. Este documento propone un enfoque basado en datos para el pronóstico inmediato R_t basado en el comportamiento estadístico de observaciones anteriores. A medida que llega más información, el método naturalmente se vuelve más preciso sobre el recuento final de positivos confirmados. La fortaleza de nuestro método es que se basa en el inicio de síntomas autoinformados, en contraste con otros métodos que utilizan el recuento diario para inferir esta cantidad. Creemos que el empleo de R_t puede ser la base para determinar indicadores útiles de seguimiento de epidemias.

NOTA

El número básico de reproducción, R_t representa el número promedio de contagios que una persona infectada realiza. Un valor de $R_t > 1$ significa que el número de infectados está creciendo, y se duplicarán en un periodo estimable, mientras que un valor de $R_t < 1$ significa que el número de infectados tiende a ser menor en el tiempo.

Aproximación

El presente trabajo está basado en una idea de Carlo Tomasi, Profesor en la Universidad de Duke, para explotar el patrón de regularidad con la que se actualizan las cifras de confirmados positivos a COVID-19 (Salas 2020). En nuestra aproximación, construimos funciones de probabilidad que permiten estimar cual será el número de confirmados positivos para un cierto día habiéndose dado actualizaciones para esa misma fecha. Ya con el número estimado de confirmados positivos, se construyen posibles series de evolución del número de confirmados positivos.

Para la determinación del número básico de reproducción para una de esas series de tiempo, nos basamos en la librería para **R** (el lenguaje) *EpiEstim*, la cual se construye alrededor del trabajo de Cori *et al.* (2013). Cori *et al.* asumieron que la tasa a la que una persona infectada contagia a otras sigue un proceso de Poisson. Enseguida utilizan un proceso de inferencia bayesiano en donde asumen un *prior* en la forma de una distribución Gamma, lo cual resulta en un *posterior* que también sigue una distribución Gamma. Este documento describe la media y desviación estándar resultante como elemento más verosímil del comportamiento y la incertidumbre del estimado. Siguiendo la recomendación de Cori *et al.* solo calculamos R_t cuando el número de casos es mayor a 12 infectados. Además, siguiendo un estudio de periodicidad propio, calculamos τ como una semana. Finalmente, usando la investigación de Aghaali *et al.* (2020) asignamos una media de 4.55 y una desviación estándar de 3.30 al *prior* Gamma. Notando que la caracterización del intervalo serial varía ampliamente y posiblemente requiera valores que reflejen la dinámica del país (Griffin et al. 2020). La estimación de R_t que proporcionamos tiene la media y desviación estándar en ese momento.

Esta implementación toma en cuenta la transmisión pre-sintomática, *i.e.*, el periodo de incubación, o el

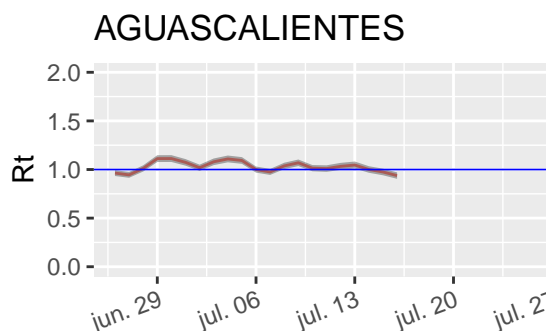
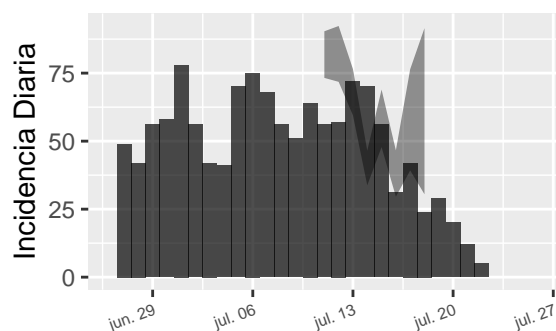
tiempo que toma a un infectado comenzar a mostrar síntomas, es mayor al periodo latente, o el tiempo a partir del cual un infectado puede contagiar a otros. Siguiendo Bar-On *et al.* (2020) asumimos que el periodo latente dura tres días y el periodo de incubación cinco días.

Términos y Condiciones

Términos y condiciones: Este reporte ha sido elaborado por “el autor” y se proporciona al público estrictamente para la salud pública, la educación, y la investigación académica. El reporte se basa en datos hechos públicos por la Secretaría de Salud y código que está disponible en el blog de información: <https://tinyurl.com/calculo-Rt>. “El autor” declara que no ofrece garantías con respecto al reporte, incluida la precisión, la idoneidad para el uso, y la fiabilidad. Se prohíbe estrictamente confiar en el reporte para obtener orientación médica o usar el reporte para fines comerciales. También se prohíbe estrictamente el uso de este reporte, su información y la documentación puesta a disposición con fines promocionales o comerciales. Consulte la información oficial de la Secretaría de Salud en donde expertos ayudan a mejorar la comprensión del virus SARS-CoV-2, informar al público, formular políticas para guiar una respuesta, mejorar la atención y salvar vidas.

Mayor Información:

Joaquín Salas. salas@ieee.org. Profesor del Instituto Politécnico Nacional. Cerro Blanco 141, Colinas del Cimatario, Querétaro. Tel. 442.1223.829



```
##      Rt      sd      fecha
## 1 0.937 0.0331 2020-07-16
```

Aghaali, Mohammad, Goodarz Kolifarhood, Roya Nikbakht, Hossein Mozafar Saadati, and Seyed Saeed Hashemi Nazari. 2020. “Estimation of the Serial Interval and Basic Reproduction Number of COVID-19 in Qom, Iran, and Three Other Countries: A Data-Driven Analysis in the Early Phase of the Outbreak.” *Transboundary and Emerging Diseases*. Wiley Online Library.

Bar-On, Yinon M, Avi Flamholz, Rob Phillips, and Ron Milo. 2020. “Science Forum: SARS-CoV-2 (COVID-19) by the numbers.” *Elife* 9. eLife Sciences Publications Limited: e57309.

Cori, Anne, Neil Ferguson, Christophe Fraser, and Simon Cauchemez. 2013. “A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers during Epidemics.” *American Journal of Epidemiology* 178 (9). Oxford University Press: 1505–12.

Griffin, John, Aine Collins, Kevin Hunt, David McEvoy, Miriam Casey, Andrew Byrne, Conor McAloon, Ann Barber, Elizabeth Ann Lane, and Simon More. 2020. “A Rapid Review of Available Evidence on the Serial Interval and Generation Time of COVID-19.” *medRxiv*. Cold Spring Harbor Laboratory Press.

Salas, Joaquín. 2020. “Improving the Estimation of the COVID-19 Basic Reproduction Number using Nowcasting.” *arXiv:2007.09800*.