



The Biologist (Lima)



ORIGINAL ARTICLE / ARTÍCULO ORIGINAL

PROGNOSIS OF COVID-19 THROUGH REGRESSIVE OBJECTIVE REGRESSION METHODOLOGY IN VILLA CLARA AND CUBA

PRONOSTICO DE LA COVID-19 POR MEDIO DE LA METODOLOGÍA DE REGRESIÓN OBJETIVA REGRESIVA EN VILLA CLARA Y CUBA

Ricardo Osés-Rodríguez^{1*}; Claudia Osés-Llanes²; Rigoberto Fimia-Duarte³; Alfredo González-Meneses⁴ & José Iannacone^{5,6}

¹Centro Meteorológico Provincial de Villa Clara, Cuba. E-mail: ricardo.oses@vcl.insmet.cu

²Departamento de Enfermedades Transmisibles, Unidad Municipal de Higiene y Epidemiología de Santa Clara, Villa Clara, Cuba. E-mail: liah140613@nauta.cu

³Facultad de Tecnología de la Salud y Enfermería (FTSE). Universidad de Ciencias Médicas de Villa Clara (UCM-VC), Cuba. E-mail: rigobertofd@infomed.sld.cu

⁴Empresa Constructora de la Industria Eléctrica de Villa Clara (ECIE)

⁵Laboratorio de Ecología y Biodiversidad Animal (LEBA). Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas (FCNNM). Universidad Nacional Federico Villarreal (UNFV). El Agustino, Lima, Perú.

⁶Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Ricardo Palma (URP). Santiago de Surco, Lima, Perú.
E-mail: joseiannacone@gmail.com

*Corresponding author: ricardo.oses@vcl.insmet.ci

ABSTRACT

The COVID-19 pandemic affecting planet earth has had a peculiar development in Cuba. The objective of the research was to model, using the Regressive Objective Regression (ROR) methodology, a set of parameters (confirmed cases, severe, critical and deaths) inherent to the SARS CoV-2 (COVID-19) pandemic, so far in 2020 in Cuba. The parameters analyzed were: deaths, serious and critical cases, as well as confirmed cases in the municipality of Santa Clara, Villa Clara province and Cuba. Mathematical models were obtained through ROR methodology that explain the behaviour of these cases, depending on the variable to be studied, 6, 4, 10 and 14 days in advance. This made it possible to make long-term forecasts, allowing measures to be taken in clinical services, and thus avoiding and reducing the number of deaths and complications in patients. It is concluded that COVID-19, despite being a new disease in the world, can be followed by means of ROR mathematical modeling, which allows to reduce the number of dead, serious and critical patients for a better management of the pandemic.

Keywords: COVID-19 – Cuba – mathematical models – pandemic – Regressive Objective Regression – Villa Clara

doi:10.24039/rtb2020182754

RESUMEN

La pandemia del COVID-19 que afecta al planeta tierra ha tenido un desarrollo peculiar en Cuba. El objetivo de la investigación consistió en modelar mediante la metodología de la Regresión Objetiva Regresiva (ROR) un conjunto de parámetros (casos confirmados, graves, críticos y fallecidos) inherentes a la pandemia SARS CoV-2 (COVID-19), en lo que va del año 2020 en Cuba. Los parámetros analizados fueron: casos fallecidos, los graves y los críticos, así como los casos confirmados del municipio Santa Clara, provincia Villa Clara y Cuba. Se obtuvieron modelos matemáticos mediante la metodología ROR que explican el comportamiento de los mismos, dependiendo estos de 6, 4, 10 y 14 días de antelación en dependencia de la variable a estudiar, lo cual permitió realizar pronósticos a largo plazo, permitiendo tomar medidas en los servicios clínicos, y así evitar y disminuir el número de fallecidos y complicaciones en los enfermos. Se concluye que la COVID-19 pese a ser una enfermedad nueva en el mundo puede ser seguida mediante la modelación matemática ROR, esto permite disminuir la cantidad de pacientes fallecidos, graves y críticos para un mejor manejo de la pandemia.

Palabras clave: COVID-19 – Cuba – modelos matemáticos – pandemia – Regresión Objetiva Regresiva – Villa Clara

INTRODUCCIÓN

Desde los comienzos de la civilización, las enfermedades infecciosas han afectado a los humanos (Gubler, 2002; Bangs *et al.*, 2006; Yang *et al.*, 2020). La historia temprana de estas enfermedades se caracterizó por brotes súbitos e impredecibles, con frecuencia de proporciones epidémicas (Lambrechts *et al.*, 2010; Gould *et al.*, 2017; Abdullah *et al.*, 2020), por lo que la situación actual que está viviendo el planeta a causa del nuevo coronavirus, es un desencadenante más, producto de múltiples factores, con una alta cuota derivada de la actividad antropogénica (Fimia *et al.*, 2015; Osés *et al.*, 2017b). Se han descrito dos grandes epidemias, el síndrome respiratorio agudo grave por coronavirus (SARS-CoV) en el 2002 y el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS-CoV) en el 2012, hasta que en diciembre del 2019 apareció en China el SARS-CoV-2 o COVID-19 (del inglés “Enfermedad por Infección por Coronavirus”), que en lo sucesivo será denominado en este artículo como coronavirus (Fan *et al.*, 2019; Prem *et al.*, 2020; Salas *et al.*, 2020; Sun *et al.*, 2020).

Los coronavirus pertenecen a la familia *Coronaviridae*. El tamaño de los genomas varía entre 26 a 32 kilonucleótidos, siendo uno de los virus de tipo ARN positivos de mayor tamaño (Marín *et al.*, 2020; Zheng, 2020). Tienen una nucleocápside de simetría helicoidal con una envoltura que tiene unas estructuras glicoproteicas que parecen una corona de puntas (por ello se les ha llamado coronavirus). El virus puede medir de 120 a 160 nm de diámetro (Cortellis, 2020; Wang *et al.*, 2020).

Los coronavirus pueden producir enfermedades respiratorias y digestivas, tanto en aves como en mamíferos, incluyendo al hombre, en el cual pueden producir enfermedades, desde un resfriado común a cuadros más severos como bronquitis, bronquiolitis y neumonía (Khan *et al.*, 2020; Singhal, 2020). Los síntomas más frecuentes son los respiratorios (Singhal, 2020; Yi *et al.*, 2020); al inicio hay fiebre (se presenta en más del 90% de casos), seguida de tos seca (70%). También son frecuentes al inicio de los síntomas los dolores musculares (mialgias), dolor de cabeza, sensación de fatiga o cansancio (40%) y síntomas digestivos, como vómitos o diarreas (Fang *et al.*, 2020; Huang

et al., 2020). Menos frecuente parece ser el dolor de garganta. Debido a que otras enfermedades respiratorias pueden presentar síntomas similares, es importante que el paciente informe de posibles contactos con enfermos o personas que hayan estado en zonas que se hayan identificado como lugares con alta frecuencia de coronavirus (Wu & Mc. Googan, 2020). El monitoreo y comunicación con el equipo médico es fundamental, para detectar tempranamente la dificultad respiratoria (Wu *et al.*, 2020).

El nuevo coronavirus (2019-nCoV) identificado el 31 de diciembre de 2019 en Wuhan, China, actualmente oficializado como SARS-CoV2, produce la COVID-19. Además, este virus es el primero de su familia que ha sido declarado pandemia por la Organización Mundial de la Salud (OMS) el 11 de marzo de 2020 (OMS, 2020). Los estudios epidemiológicos mundiales del coronavirus (CoV) durante 15 años han demostrado que los murciélagos de Asia, Europa, África, América y Australia albergan una amplia variedad de virus, que abrigan y diseminan estos agentes infecciosos con bastante facilidad, aumentando su capacidad de transmisión (Fang *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2019; Woo & Lau, 2019).

Según el Grupo de Investigación Modelos Matemáticos en Ciencia y Tecnología: Desarrollo, Análisis, Simulación Numérica y Control (MOMAT) del Instituto de Matemáticas Interdisciplinarias de la Universidad Complutense de Madrid, España, la aplicación del modelo Be-CoDiS (Between-Countries Disease Spread) en el análisis de la pandemia COVID-19 proyecta numéricamente, que este fenómeno viral estará presente durante un prolongado espacio de tiempo en el mundo (Ivorra & Ramos, 2020).

Se han aplicado varios modelos y metodologías en el estudio, análisis y modelación de la COVID-19 en el mundo, donde resaltan: Ecuación Diferencial Ordinaria de Primer Orden (EDOPO), tipo lineal; Simple linear Regression model; Generalized Logistic Growth Model (GLM); *S t r u c t u r e d* Susceptible-Exposed-Infected-Removed (SEIR)/SEIR model; el Modelo Matemático de Probabilidad Bayesiana; SIRD model (también empleado en Cuba); Modelo Conceptual y el Modelo de Simulación, entre otros tantos (Rue *et al.*, 2017; Simpson *et al.*, 2017; Anastassopoulou *et*

al., 2020; Roosa *et al.*, 2020; Zhao & Chen, 2020; Zhao *et al.*, 2020ab). En virtud de ello es importante estimar la tendencia en el comportamiento de la curva epidemiológica de la pandemia COVID-19 (Saez *et al.*, 2020; Zhao & Musa, 2020; Zhao *et al.*, 2020ab).

El objetivo del estudio consistió en modelar matemáticamente un conjunto de parámetros de la pandemia COVID-19, entre ellos, los casos confirmados en el municipio Santa clara, así como los fallecidos, graves y los críticos en Cuba, de tal manera que se tenga una antelación suficiente que le permita a los médicos que tratan con estos pacientes tomar decisiones oportunas y salvar vidas.

MATERIALES Y MÉTODOS

En el trabajo se utilizaron los datos de la pandemia de casos fallecidos, graves y críticos para Cuba y los casos confirmados para el municipio Santa Clara, provincia Villa Clara (Fig. 1).

El pronóstico se realizó con el uso de la metodología de Regresión Objetiva Regresiva (ROR) que ha sido implementada en diferentes variables como los virus y bacterias que circulan en la provincia Villa Clara (Osés *et al.*, 2017abcd; Sánchez *et al.*, 2017).

La modelación Objetiva Regresiva (ROR), se basa en una combinación de variables Dummy con modelación ARIMA, donde se crean dos variables Dummy solamente y se obtiene la tendencia de la serie, requiere de pocos casos para ser utilizada y permite utilizar también, variables exógenas que posibilitan modelar y pronosticar a largo plazo, en dependencia de la variable exógena, ha dado mejores resultados que la ARIMA en algunas variables, como son la modelación de VIH, entidades de etiología viral/arbovirosis y entidades parasitarias (Osés & Grau, 2011; Fimia *et al.*, 2015; Osés *et al.*, 2017abc).

En la metodología ROR, se crean en un primer paso, variables dicotómicas DS, DI y NoC, donde: NoC: Número de casos de la base,

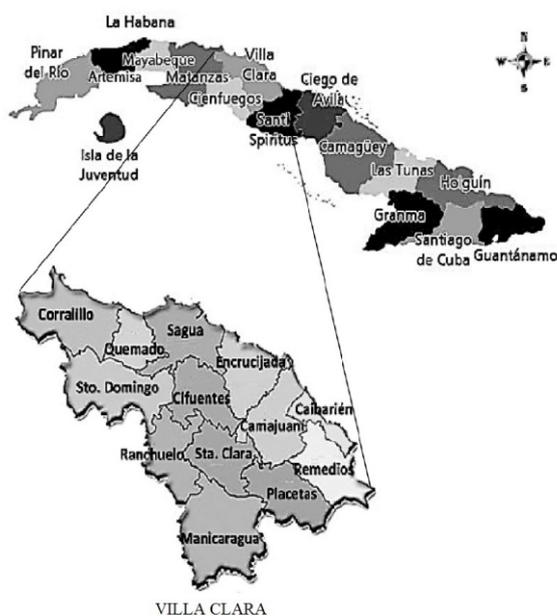


Figura 1. Mapa político administrativo de la provincia Villa Clara y Cuba.

DS = 1, si NoC es impar; DI = 0, si NoC es par, cuando DI=1, DS=0 y viceversa.

Posteriormente se ejecuta el módulo correspondiente al análisis de Regresión del paquete estadístico SPSS versión 19.0 (Compañía IBM, 2010), específicamente el método ENTER donde se obtiene la variable pronosticada y el ERROR.

Luego se obtendrán los autocorrelogramas de la variable ERROR, con atención a los máximos de las autocorrelaciones parciales significativas PACF. Se calculan entonces las nuevas variables atendiendo al Lag significativo del PACF. Finalmente, se incluyen en la nueva regresión estas variables regresadas en un proceso de aproximaciones sucesivas hasta la obtención de un ruido blanco en los errores de la regresión.

Las corridas de los datos están hechas hasta el día 23 de abril del 2020, según datos tomados del trabajo publicado en el periódico local de Villa Clara (Vilches, 2020), quien a su vez usó la fuente del Ministerio de Salud de Cuba (MINSAP). Hasta la fecha de la investigación, había 3 393 personas ingresadas en hospitales para vigilancia clínico-epidemiológica al COVID-19; se vigilaban en sus hogares desde la atención primaria de salud 6 727 personas, con 1 283 casos confirmados con el virus,

el 69 % eran casos activos y el 36 % casos cerrados. Todo el análisis se realizó con la ayuda del paquete estadístico SPSS, Versión 19,00, de la compañía IBM.

Aspectos éticos

La investigación estuvo sujeta a normas éticas, donde toda la información recopilada y brindada se utilizó solo con la finalidad declarada. No implicó afectaciones físicas, ni psicológicas, para de esta forma, poder generar nuevos conocimientos sin violar los principios éticos establecidos para estos casos. Por otra parte, todos los autores involucrados en la investigación, publicación y difusión de los resultados, somos responsables de la confiabilidad y exactitud de los resultados mostrados (DHAMM, 2013).

RESULTADOS

A continuación (Fig. 2), se reflejan los datos de fallecidos en Cuba en la pandemia de COVID-19 según padecimientos de salud anteriores, donde el mayor porcentaje de fallecidos lo constituyó, la Hipertensión arterial, seguido de la Diabetes mellitus.

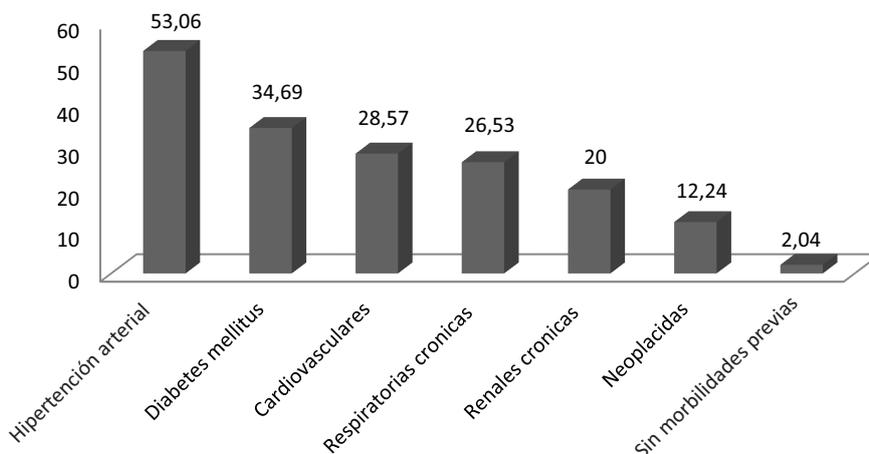


Figura 2. Datos de fallecidos en Cuba en la pandemia de COVID-19, según padecimientos de salud anteriores.

En relación con el porcentaje de fallecidos por grupos de edades, resultó ser, el grupo de 60 a 79 el

que mayor por ciento reporta, seguido del grupo de más de 80 años (Fig. 3).

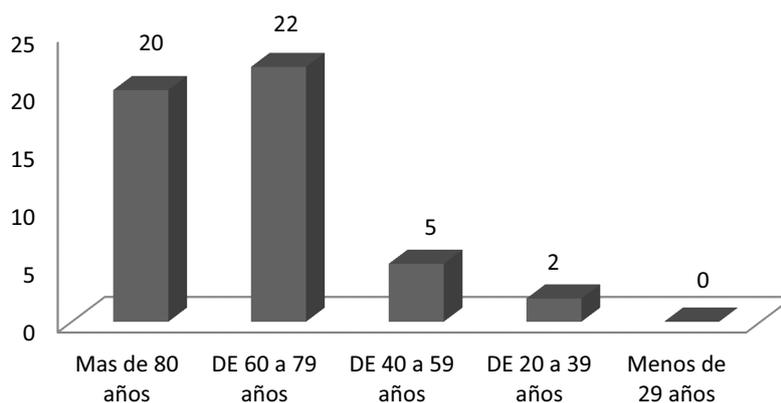


Figura 3. Fallecidos en Cuba por COVID-19 según grupos etarios.

Resultados de los fallecidos, graves y casos críticos con su pronóstico para los próximos días Según la metodología ROR

En la tabla 1 se explica el 88,9 % de los fallecidos para Cuba con un error de 1,14 casos.

Tabla 1. Modelo ROR de fallecidos en Cuba.

Resumen del modelo ^{c,d}					
Modelo	R	R cuadrado ^b	R cuadrado corregida	Error típ. de la estimación	Durbin-Watson
1	0,88 ^a	0,79	0,75	1,14	1,97

a. Variables predictoras: Lag14Fallecidos, DI, DS, NoC

b. Para la regresión a través del origen (el modelo sin término de intersección), R cuadrado mide la proporción de la variabilidad de la variable dependiente explicado por la regresión a través del origen. NO SE PUEDE comparar lo anterior con la R cuadrado para los modelos que incluyen una intersección.

c. Variable dependiente: Fallecidos.

d. Regresión lineal a través del origen.

En la tabla 2 se aprecia el modelo obtenido según ROR, la tendencia es positiva significativa al 99 %, los demás parámetros aportan varianza explicada al modelo, aunque no son significativos. Este modelo depende de los fallecidos 14 días atrás, y el

valor tiene un valor negativo, lo que indica que de 14 días hasta ahora, la tendencia de fallecidos es negativa o sea a la disminución, lo que indica que los proceder en las salas de atención de estos pacientes es altamente valorada.

Tabla 2. Coeficientes del modelo ROR de Fallecidos para Cuba.

		Coeficientes ^{a,b}				
Modelo		Coeficientes no estandarizados		Coeficientes tipificados	t	Sig.
		B	Error típ.	Beta		
1	DS	-0,63	0,86	-0,19	-0,73	0,47
	DI	-1,27	0,91	-0,40	-1,39	0,17
	Tendencia	0,11	0,03	1,57	3,46	,002
	Lag14Fallecidos	-0,62	0,26	-0,41	-2,31	0,03

a. Variable dependiente: Fallecidos.
 b. Regresión lineal a través del origen.

A continuación, se realizó un pronóstico de los fallecidos (Fig. 4), como se observa existen altibajos que el modelo describe con certeza.

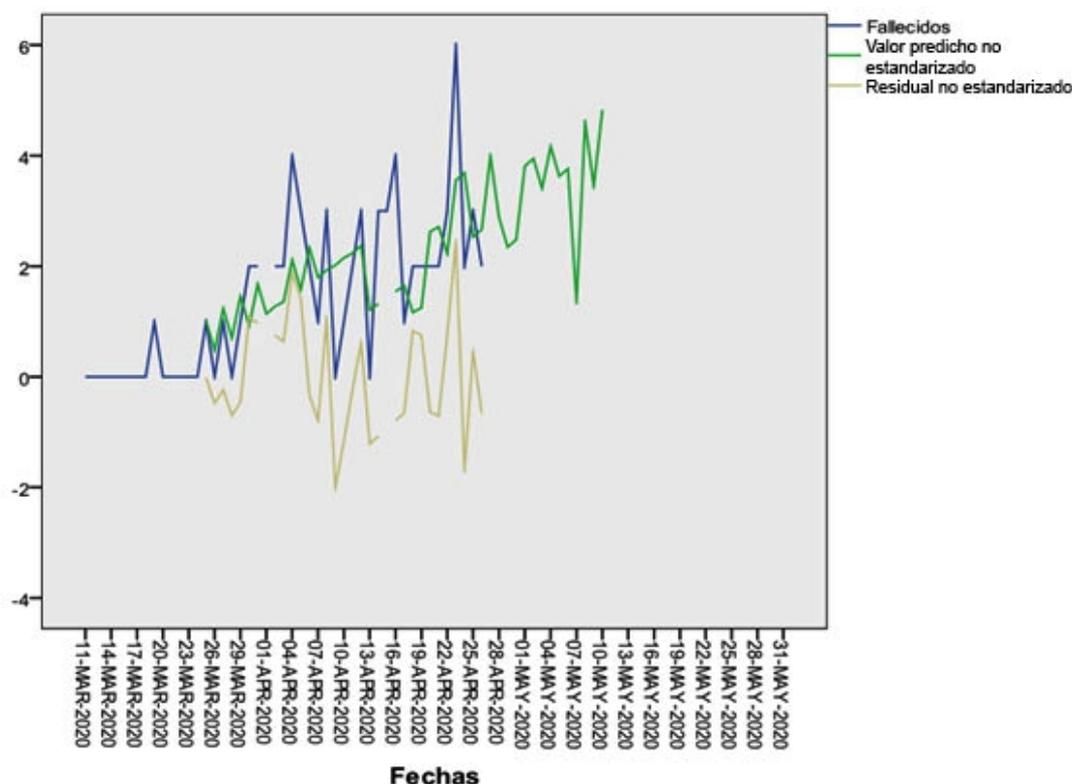


Figura 4. Pronostico de fallecidos para los próximos 14 días.

En el caso de los pacientes graves, el modelo explica el 96,4 % de la varianza con un error de 1,98 casos (Tabla 4).

El modelo de casos graves depende de los casos seis días atrás (Lag6Graves) y presenta una tendencia al aumento, aunque no significativa

(Tabla 5). Como se sabe DS y DI son parámetros que describen los altibajos de la serie y mantienen los datos dentro de cierto rango.

Tabla 4. Resultados del modelo para casos graves en Cuba por COVID-19.

Resumen del modelo ^{c,d}					
Modelo	R	R cuadrado ^b	R cuadrado corregida	Error típ. de la estimación	Durbin-Watson
1	0,96 ^a	0,93	0,91	1,98	1,23

a. Variables predictoras: Lag6Graves, DI, DS, NoC.

b. Para la regresión a través del origen (el modelo sin término de intersección), R cuadrado mide la proporción de la variabilidad de la variable dependiente explicado por la regresión a través del origen. NO SE PUEDE comparar lo anterior con la R cuadrado para los modelos que incluyen una intersección.

c. Variable dependiente: Graves.

d. Regresión lineal a través del origen.

Tabla 5. Modelo de casos graves en Cuba por COVID-19.

		Coeficientes ^{a,b}				
		Coeficientes no estandarizados		Coeficientes tipificados	t	Sig.
Modelo		B	Error típ.	Beta		
1	DS	6,01	3,60	0,65	1,66	0,11
	DI	4,85	3,71	0,50	1,30	0,21
	Tendencia	0,07	0,12	0,43	0,61	0,55
	Lag6Graves	-0,33	0,29	-0,31	-1,13	0,27

a. Variable dependiente: Graves.

b. Regresión lineal a través del origen.

En la figura 5 se aprecia el pronóstico de casos graves para los próximos seis días, se nota un ligero aumento en los próximos días lo que conlleva a

tomar medidas en los hospitales que atiende este grupo de casos.

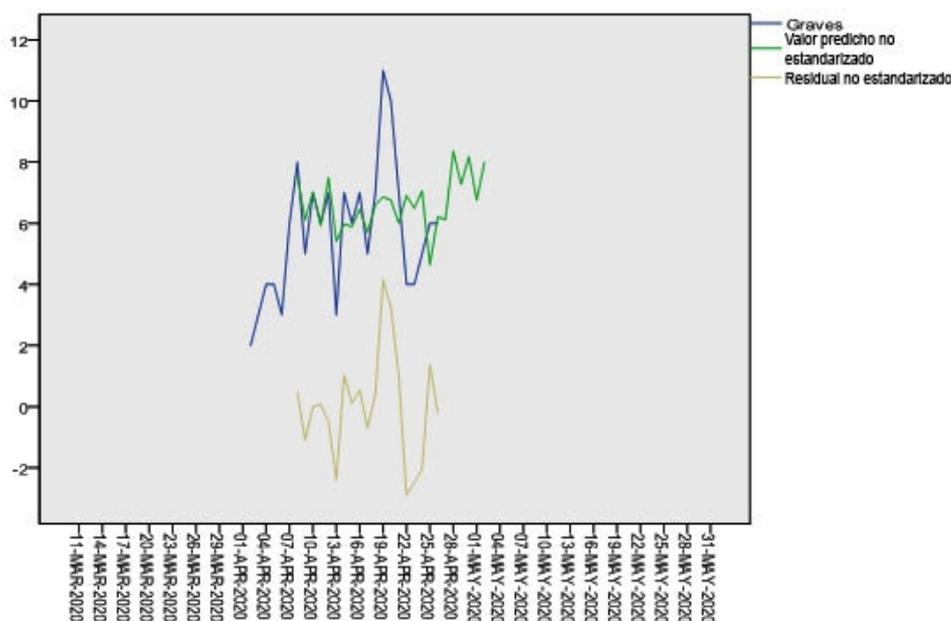


Figura 5. Pronostico de graves por COVID-19 para los próximos seis días.

Este modelo explica el 98,3 % de los casos con un error de 1,73 casos, este modelo depende de los casos críticos cuatro días atrás (Lag4Criticos) y presenta una tendencia a la disminución lo que

indica un buen trabajo de los equipos médicos y de un trabajo efectivo con este tipo de pacientes (Tabla 6).

Tabla 6. Modelo ROR para Cuba de casos críticos.

		Coeficientes ^{a,b}				
Modelo		Coeficientes no estandarizados		Coeficientes tipificados	t	Sig.
		B	Error típ.	Beta		
1	DS	13,44	2,69	1,15	4,97	0,00
	DI	13,93	2,75	1,14	5,05	0,00
	Tendencia	-0,04	0,06	-0,20	-0,69	0,49
	Lag4Criticos	-0,44	0,25	-0,45	-1,74	0,09

a. Variable dependiente: Críticos.

b. Regresión lineal a través del origen.

En la figura 6 se muestra el pronóstico de los próximos cuatro días. Se aprecia una pequeña subida.

El modelo a largo plazo para el municipio Santa Clara explica el 96,8 % con un error de 1,76 casos, el estadístico de Durbin Watson es cercano a 2, por lo que estamos ante un modelo donde los errores son un ruido blanco y puede considerarse un buen modelo (Tabla 7).

Resultados para el municipio Santa Clara, provincia Villa Clara

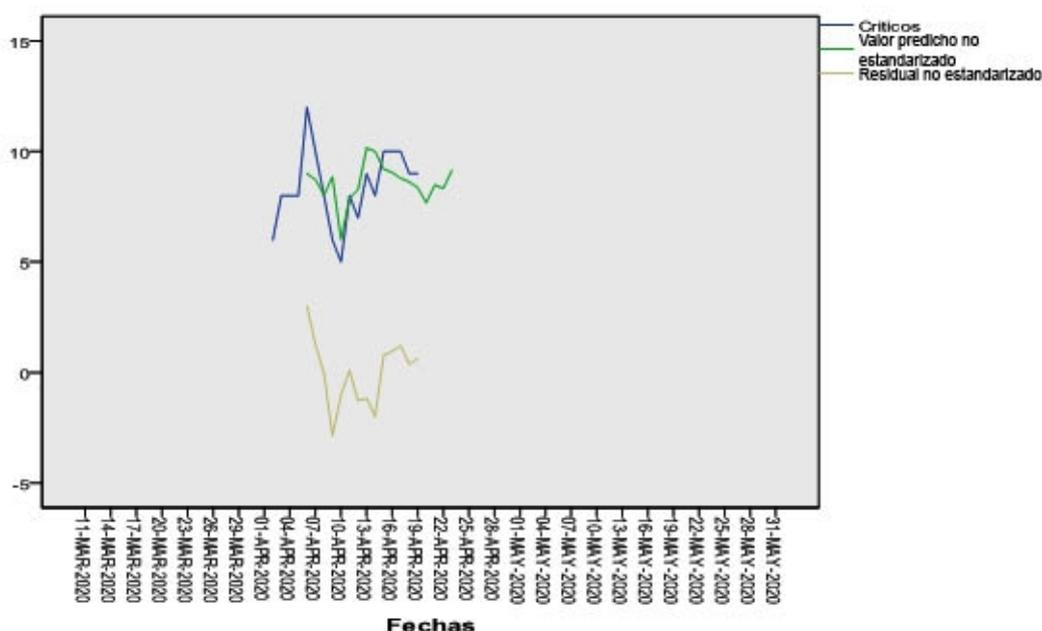


Figura 6. Pronostico de casos críticos por COVID-19 para los próximos cuatro días.

Tabla 7. Modelo a largo plazo para casos confirmados de COVID-19 en el municipio Santa Clara, Cuba.

Resumen del modelo ^{c,d}					
Modelo	R	R cuadrado ^b	R cuadrado ajustado	Error estándar de la estimación	Durbin-Watson
1	0,96 ^a	0,93	0,91	1,76	1,75

a. Predictores: Step38, Step36, Step37, Step17, Step27, Lag10CONFIRMados, DI, DS, NoC.

b. Para la regresión a través del origen (el modelo sin interceptación), R cuadrado mide la proporción de la variabilidad en la variable dependiente sobre el origen explicado por la regresión. Esto NO SE PUEDE comparar con el R cuadrado para los modelos que incluyen interceptación.

c. Variable dependiente: Confirmados.

d. Regresión lineal a través del origen.

A continuación, se plasman los parámetros del modelo para confirmados de COVID-19 en Santa Clara (Tabla 8).

Es necesario esperar hasta el día 6 de mayo para ver si no se obtiene otro pico máximo; es decir, el máximo de los casos, y por ende, los confirmados desaparecen, pero aun así, hay que mantener las medidas de aislamiento físico y social, hasta que disminuyen los casos a cero por dos periodos consecutivos de 10 días; de lo contrario, se habrá alcanzado el máximo de los confirmados, el día 16 de abril. Se debe esperar hasta el 6 de mayo para ver

si se ha obtenido. El modelo depende de los casos confirmados 10 días atrás (Lag10Confirmados) y presenta una tendencia ligeramente al aumento, las variables Step corresponden a los números de casos que han sido significativos a lo largo del proceso de la serie, por ejemplo, Step 17 corresponde al caso del día 17 después de haber comenzado la enfermedad y así sucesivamente.

Por último, se muestra en la figura 7 el pronóstico a largo plazo para los confirmados de COVID-19 en el municipio Santa Clara.

Tabla 8. Modelo de confirmados de covid-19 según metodología ROR para municipio Santa Clara, Cuba.

Coeficientes ^{a,b}						
Modelo		Coeficientes no estandarizados		Coeficientes estandarizados		Sig.
		B	Error estándar	Beta	t	
1	DS	-1,48	0,98	-0,16	-1,51	0,14
	DI	-1,61	0,97	-0,18	-1,66	0,10
	Tendencia	0,11	0,03	0,59	3,64	0,00
	Step27	2,27	1,83	0,05	1,23	0,22
	Step17	4,48	1,85	0,11	2,41	0,02
	Lag10CONFIRMados	-0,19	0,06	-0,18	-3,07	0,00
	Step37	25,71	1,83	0,66	13,98	0,00
	Step36	13,37	1,85	0,34	7,23	0,00
	Step38	12,10	1,83	0,31	6,59	0,00

a. Variable dependiente: Confirmados.

b. Regresión lineal a través del origen.

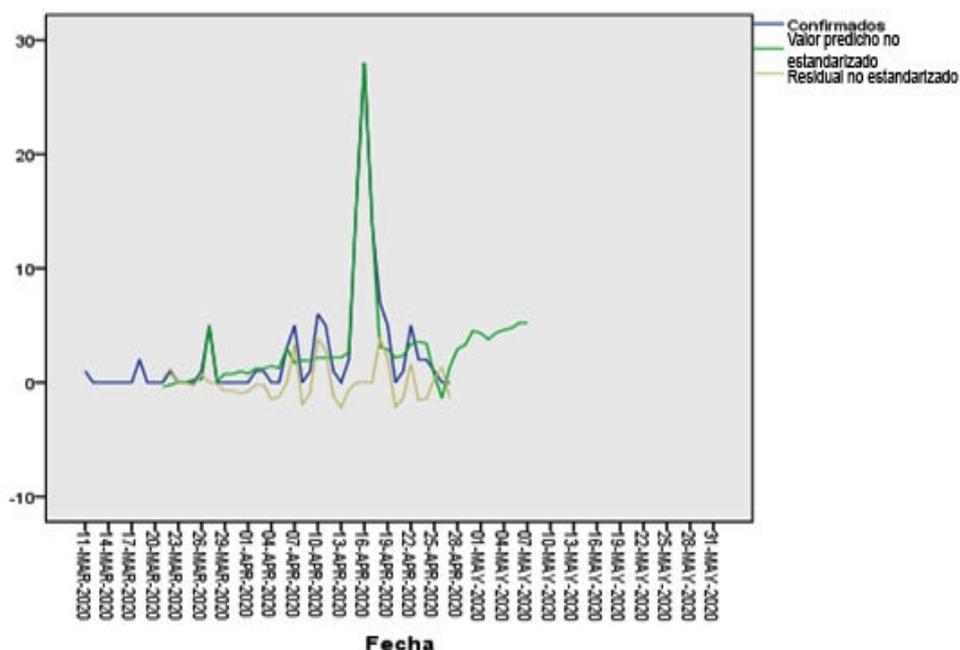


Figura 7. Pronóstico a largo plazo de los casos confirmados de COVID-19 en el municipio Santa Clara a partir del 28 de abril de 2020 hasta el 7 de mayo de 2020.

DISCUSIÓN

Al analizar el modelo a largo plazo con 10 días de antelación (Este modelo explica el 88,5 % de los casos), podemos apreciar, que todas las medidas de aislamiento han tenido efecto positivo y el proceso se ha comportado, tal y como predice el modelo matemático; o mejor, el modelo matemático ha seguido lo que ocurre en la realidad, por lo que este es el resultado más importante, lo cual coincide con resultados obtenidos en años anteriores para otras entidades y organismos vivos (Fimia *et al.*, 2017ab; Osés *et al.*, 2017b; Fimia *et al.*, 2018), concordando también, con otros modelos aplicados para la COVID-19, en otras latitudes geográficas, incluida China (Prem *et al.*, 2020; Roosa *et al.*, 2020; Saez *et al.*, 2020; Zhao & Chen, 2020; Zhao *et al.*, 2020b).

Todo parece indicar, que dicha pandemia guarda una estrecha relación con las variables climáticas (Khubeb *et al.*, 2020), y algo muy importante y a tener en cuenta, es que la temperatura máxima está aumentando y los casos disminuyendo respecto al pico de 8, lo cual se ha corroborado en

investigaciones realizadas en años anteriores para otras entidades y las propias IRA (Osés *et al.*, 2017b; Fimia *et al.*, 2017b; Osés *et al.*, 2017d; Khubeb *et al.*, 2020). Se hace necesario realizar estudios donde se correlacionen datos de variables meteorológicas o del comportamiento de las IRA a nivel Nacional para ver cómo se comportan las mismas, lo que pudiera dar un mejor entendimiento de la pandemia y su control e incluso, la aplicación de otros modelos y/o metodologías puede ser una fortaleza más para entender y actuar mucho mejor en los protocolos de actuación y tratamiento para la COVID-19 (Prem *et al.*, 2020; Rue *et al.*, 2017; Simpson *et al.*, 2017; Roosa *et al.*, 2020).

En la investigación se evidencia una disminución de la cantidad de casos nuevos, lo que indica que ya se pudo haber alcanzado el máximo de la cantidad de casos de la serie, el día 1^o de mayo y no el 17 de abril, que también fue un pico, por lo que de continuar con las medidas higiénico sanitarias y de distanciamiento físico y social que toma el gobierno, esta disminución pudiera seguir bajando hasta su control definitivo; es por esto que hay que extremar todas las precauciones y el estricto cumplimiento de todas las medidas de forma

sostenida, para que sigan disminuyendo los casos nuevos y se muestre más claramente una desaparición de los mismos, lo cual ha sido aplicado de forma exitosa en Cuba, no solo para el control de entidades de etiología viral, bacteriana y parasitaria, sino en aquellas donde median organismos vectores (Osés *et al.*, 2017a; Fimia *et al.*, 2017b; Osés *et al.*, 2017d; Fimia *et al.*, 2018; Fimia *et al.*, 2019).

Todo lo analizado, nos demuestra que el trabajo multidisciplinario y transdisciplinario es esencial para alcanzar el éxito en el enfrentamiento y control de esta pandemia que hoy azota al planeta e incluso, el intercambio de experiencias y resultados entre profesionales de diferentes especialidades médicas (Abdullah *et al.*, 2020; Khan *et al.*, 2020), grupos de trabajo de diferentes especialidades y ramas del saber científico y latitudes geográficas, con énfasis entre los grupos de nuestra área y de la región resulta primordial en el contexto epidemiológico actual, por similitudes climáticas y socioculturales en muchos casos (Fimia *et al.*, 2019; Khubeb *et al.*, 2020; Marín *et al.*, 2020; Salas *et al.*, 2020).

Se concluye que la COVID-19 pese a ser una enfermedad nueva en el mundo también puede ser seguida mediante la modelación ROR, esto permite disminuir la cantidad de pacientes fallecidos, graves y críticos para un mejor manejo de la pandemia. Por otra parte, es necesario realizar estudios donde se correlacionen datos de variables meteorológicas con la pandemia.

AGRADECIMIENTOS

Quisiéramos agradecer a Luis B. Lecha Estela, por aportar parte de la base de datos con que hemos trabajado y a Ángel Félix Osés Gómez por el completamiento de los datos de la Televisión cubana, sin los cuales no habría sido posible correr los modelos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abdullah, A.; Faisal, S.; Jan, H.; Zainab, R.; Rahman, A.; Khan, A.; Bibi, B. & Ishaq, H. 2020. A Perspective study on oral-fecal transmission of COVID-19, its prevention and management. *International Cardiovascular Forum Journal*, 20: 10-15.
- Anastassopoulou, C.; Russo, L.; Tsakris, A. & Siettos, C. 2020. Data-based analysis, modeling and forecasting of the COVID-19 outbreak. *PLOS ONE*, 15: 1-21.
- Bangs, M.L.; Lavasati, R.P.; Corwin, A.L. & Wuryadi, S. 2006. Climatic factors associated with epidemic dengue in Palembang, Indonesia: Implications of short-term meteorological events on virus transmission. *Southeast Asian Journal of Tropical Medicine and Public Health*, 37:1103-1116.
- Cortellis, T.M. 2020. *Disease Briefing: Coronaviruses*. A Clarivate Analytics solution. 3.23.2020. 51 pp. En: <https://clarivates.com/w.content/uploads/dlm/uploads/2020/01/CORONAVIRUS-REPORT-23.3.2020.pdf>.
- DHAMM (Declaración de Helsinki de la AMM). 2013. *Principios éticos para las investigaciones médicas en seres humanos*. 64ª Asamblea General, Fortaleza, Brazil, octubre. World Medical Association, Inc. – All Rights reserved. 9 pp.
- Fan, Y.; Zhao, K.; Shi, Z.L. & Zhou, P. 2019. Bat Coronaviruses in China. *Viruses*, 11: 1-14.
- Fang, J.; Liehua, D.; Liangjing, Z.; Cai, Y.; Cheung, C.W. & Xia, Z. 2020. Review of the clinical characteristics of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). *The Journal of General Internal Medicine*, doi: 10.1007/s11606020-05762-w.
- Fimia, D.R.; Marquetti, F.M.; Iannacone, J.; Hernández, C.N.; González, M.G.; Poso del Sol, M. & Cruz, R.G. 2015. Factores antropogénicos y ambientales sobre la fauna de culícidos (Diptera: Culicidae) de la provincia Sancti Spíritus, Cuba. *The Biologist (Lima)*; 13: 41-51.
- Fimia, D.R.; Osés, R.R.; Iannacone, J.; Carmenate, R.A.; Diéguez, F.L.; González, G.R.; Gómez, C.L. & Cepero, R.O. 2017a. Modelación y predicción hasta el año 2020 para la angiostrongilosis total utilizando la Regresión Objetiva Regresiva. Villa Clara, Cuba. *The Biologist (Lima)*, 15, Suplemento Especial 1. Disponible en: <https://www.neotropicalhelminthology.co>

- m/libros-de-resumenes-de-eventos
- Fimia, D.R.; Osés, R.R.; Aldaz, C.J.W.; Artiles, S.J.M.; Iannacone, J.; Zaita, F.Y.; Gómez, C.L. & Cabrera, S.M.E. 2017b. Modelación y predicción de las Infecciones Respiratorias Agudas (IRA) utilizando las variables climáticas en la provincia Villa Clara, Cuba. *The Biologist (Lima)*, 2017, 15, Suplemento Especial 1.
- Fimia, D.R.; Osés, R.R.; Iannacone, J.; Armiñana, G.R.; Roig, B.B.V.; Aldaz, C.J.W. & Segura, O.J.J. 2018. Modelación matemática en función de la focalidad de mosquitos (Diptera: Culicidae) y la presión atmosférica en villa clara, mediante la Regresión Objetiva Regresiva. *The Biologist (Lima)*, 16, Suplemento Especial 2. Disponible en: <https://www.neotropicalhelminthology.com/libros-de-resumenes-de-eventos>
- Fimia, D.R.; Machado, V.I.; Osés, R.R.; Aldaz, C.J.W.; Armiñana, G.R.; Castañeda, L.W.; Argota, P.G.; Hernández, C.L. & Iannacone, J. 2019. Modelación matemática de la dinámica poblacional del mosquito *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) con algunas variables climáticas en Villa Clara, Cuba. 2007- 2017. *The Biologist (Lima)*, 17, jul-dic, Suplemento Especial 2. Disponible en: <https://www.neotropicalhelminthology.com/libros-de-resumenes-de-eventos>
- Gould, E.; Pettersson, J.; Higgs, S.; Charrel, R. & de Lamballerie, X. 2017. Emerging arboviruses: why today? *One Health*, 4: 1-13.
- Gubler, D.J. 2002. The global emergence/resurgence of arboviral diseases as public health problems. *Archives of Medical Research*, 33: 330-342.
- Huang, C.; Wang, Y.; Li, X.; Ren, L.; Zhao, J.; Hu, Y.; Zhang, L.; Fan, G.; Xu, J.; Gu, X.; Cheng, Z.; Yu, T.; Xia, J.; Wei, Y.; Wu, W.; Xie, X.; Yin, W.; Li, H.; Liu, M.; Xiao, Y.; Gao, H.; Guo, L.; Xie, J.; Wang, G.L.; Jiang, R.; Gao, Z.; Jin, Q.; Wang, J. & Cao, B. 2020. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*, 395 (10223): 497-506.
- Ivorra, B. & Ramos, A.M. 2020. Validation of the forecasts for the international spread of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) done with the Be-CoDiS mathematical model. Reporte Técnico Grupo MOMAT, Universidad Complutense de Madrid, 1-14. doi: <http://www.doi.org/10.13140/RG.2.2.31460.94081>
- Khan, S.; Jan, H.; Faisal, S.; Khan, A.; Ilyas, R.; Bibi, K. & Rehman, S. 2020. Association of COVID-19 and Cancer: Risk Statistics and Management of COVID-19 in Cancer Patients. *International Cardiovascular Forum Journal*, 20: 5-9.
- Khubeb, S.M.; Morales, M.R.; Kumar, G.P.; Iqbal, H.M.N.; Hussain, F.; Khatoun, K. & Ahmad, S. 2020. Correlation between temperature and COVID-19 (Suspected, Confirmed and Death) cases based on machine learning analysis. *Journal of Pure and Applied Microbiology*, 14 (Special Ed): Article 6201.
- Lambrechts, L.; Scott, T.W. & Gubler, D.J. 2010. Consequences of the expanding global distribution of *Aedes albopictus* for dengue virus transmission. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 4: e646.
- Marín, M.O.; Zambrano, C.A.W.; García, T.E.G.; Ortiz, G.J.I.; Vivas, R.D.E. & Marín, S.O. 2020. Modelamiento matemático del comportamiento epidemiológico de la pandemia COVID-19 en China. *The Biologist (Lima)*, 18: 83-89.
- OMS (Organización Mundial de la Salud). 2020. *Draft landscape of COVID-19 candidate vaccines*. En: <https://www.who.int/blueprint/prioritydiseases/key-action/novel-coronaviruslandscape-ncov-21march2020.PDF?ua=1> leído el 20 Marzo 2020.
- Osés, R. & Grau, R. 2011. *Modelación regresiva (ROR), versus modelación ARIMA usando variables dicotómicas en mutaciones del VIH*. Ed. Feijóo. pp. 7.
- Osés, R.R.; Fimia-Duarte, R.; Iannacone, J.; Argota-Pérez, G.; Cruz Camacho, L. & Domínguez-Hurtado, I. 2017a. Impact of temperature in the presence of respiratory infections of birds in a tropical country. *Biotempo*, 14: 17-25.
- Osés, R.R.; Fimia, D.R.; Iannacone, J.; Carmenate, R.A.; González, G.R.; Gómez, C.L.; Figueroa, C.Y. & Cabrera, S.M.E. 2017b. Modelación y predicción de la fasciolosis en

- Villa Clara, Cuba. *Biotempo*, 14: 27-34.
- Osés, R.R.; Aldaz-Cárdenas, J.W.; Fimia-Duarte, R.; Segura-Ochoa, J.J.; Aldaz-Cárdenas, N.G.; Segura-Ochoa, J.J. & Osés-Llanes, C. 2017c. The ROR's methodology and its possibility to find information in a white noise. *International Journal of Current Research*, 9: 47378-47382.
- Osés, R.R.; Fimia-Duarte, R.; Aldaz-Cárdenas, J.W.; Iannacone, J.; Zaita-Ferrer, Y.; Osés-Llanes, C. & Cabrera-Suárez, M.E. 2017d. Modelación matemática del cólera por medio de la Regresión Objetiva Regresiva y su relación con las variables climáticas. Caibarién, Villa Clara, Cuba. *The Biologist (Lima)*, Vol. 15, jan-jun, Suplemento Especial 1. Disponible en: <https://www.neotropicalhelminthology.com/libros-de-resumenes-de-eventos>
- Prem, K.; Liu, Y.; Russell, T.M.; Kucharski, A.J.; Eggo, R.M.; Davies, N.; Jit, M. & Klepac, P. 2020. The effect of control strategies to reduce social mixing on outcomes of the COVID-19 epidemic in Wuhan, China: a modeling study. *The Lancet Public Health*, 5: 261-270.
- Roosa, K.; Lee, Y.; Kirpich, A.; Rothenberg, R.; Hyman, J.M. & Yan, P. 2020. Real-time forecasts of the COVID-19 epidemic in China from February 5th to February 24th, 2020. *Infectious Disease Modelling*, 5: 256-263.
- Rue, H.; Riebler, A.; Sarbye, H.; Illian, J.B.; Simpson, D.P. & Lindgren, F.K. 2017. Bayesian computing with INLA: a Review. *Annual Reviews of Statistics and its Applications*, 4: 395-421.
- Saez, M.; Tobias, A.; Varga, D. & Barceló, M.A. 2020. Effectiveness of the measures to flatten the epidemic curve of COVID-19. The case of Spain. *Science of the Total Environment*, 727: 138761.
- Salas, A.R.; Iannacone, O.J.; Guillén, O.A.; Tantaléan, D.J.; Alvaríño, F.L.; Castañeda, P.L. & Cuellar, P.L. 2020. Coronavirus Covid-19: Conociendo al causante de la pandemia. *The Biologist (Lima)*, 18: 9-27.
- Sánchez, Á.M.L.; Osés, R.R.; Fimia, D.R.; Gascón, R.B.C.; Iannacone, J.; Zaita, F.Y.; Osés L.C. & Burgos, A.I. 2017. La Regresión Objetiva Regresiva más allá de un ruido blanco para los virus que circulan en la provincia Villa Clara, Cuba. *The Biologist (Lima)*, 15, Suplemento Especial 1. Disponible en: <https://www.neotropicalhelminthology.com/libros-de-resumenes-de-eventos>
- Singhal, T. 2020. A review of Coronavirus Disease-2019 (COVID-19). *The Indian Journal of Pediatrics*, 87:281–286.
- Simpson, D.P.; Rue, H.; Martins, T.G.; Riebler, A. & Sarbye, S.H. 2017. Penalising model component complexity: a principled, practical approach to constructing priors. *Statistics Sciences*, 32: 1-46.
- Sun, Z.; Thilakavathy, K.T.; Kumar, S.S.; He, G. & Liu, S.V. 2020. Potential Factors Influencing Repeated SARS Outbreaks in China. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17: 1633.
- Vilches, M.C. 2020. COVID-19: *Modelos de pronósticos para Villa Clara*. Vanguardia. Sábado 2 de mayo de 2020; Infografía: 8.
- Wang, L.S.; Wang, Y.R.; Ye, D.W. & Liu, Q.Q. 2020. A review of the 2019 Novel Coronavirus (COVID-19) based on current evidence. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 55: 105948.
- Woo, P.C.Y. & Lau, S.K.P. 2019. Viruses and Bats. *Viruses*, 11: 880-884.
- Wu, F.; Zhao, S.; Yu, B.; Chen, Y.M.; Wang, W.; Song, Z.G.; Hu, Y.; Tao, Z.W.; Tian, J.H.; Pei, Y.Y.; Yuan, M.L.; Zhang, Y.L.; Dai, F.H.; Liu, Y.; Wang, Q.M.; Zheng, J.J.; Xu, L.; Holmes, E.C. & Zhang, Y.Z. 2020. Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome. *Nature*, 579 (7798): 265-269.
- Wu, Z. & Mc. Googan, J.M. 2020. Characteristics of and important lessons from the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in China: Summary of a report of 72 314 cases from the Chinese center for disease control and prevention. *The Journal of the American Medical Association*, 323: 1239-1242.
- Yang, S.; Cao, P.; Du, P.; Wu, Z.; Zhuang, Z.; Yang, L. Yu, X.; Zhou, Q.; Feng, X.; Wang, X.; Li, W.; Liu, E.; Chen, J.; Chen, Y. & Daihai, H. 2020. Early estimation of the case fatality rate of COVID-19 in mainland China: a data-driven analysis. *Annals of*

- Translational Medicine, 8: 121-128.
- Yi, Y.; Lagniton, N.P.P.; Ye, S.; Li, E. & Xu, R.H. 2020. COVID-19: what has been learned and to be learned about the novel coronavirus disease. *International Journal of Biological Sciences*, 16: 1753-1766.
- Zhao, S. & Chen, H. 2020. Modeling the epidemic dynamics and control of COVID-19 outbreak in China. *Quantitative Biology*, pp. 9.
- Zhao, S.; Lin, Q.; Ran, J.; Musa, S.S.; Yang, G.; Wang, W. Lou, Y.; Gao, D.; Yang, L.; He, D. & Wang, M.H. 2020a. Preliminary estimation of the basic reproduction number of novel coronavirus (2019-n CoV) in China, from 2019 to 2020: A data-driven analysis in the early phase of the outbreak. *International Journal of Infectious Diseases*, 92: 214-217.
- Zhao, S.; Musa, S.S.; Lin, Q.; Ran, J.; Yang, G.; Wang, W. Lou, Y.; Yang, L.; Gao, D.; He, D. & Wang, M.H. 2020b. Estimating the Unreported Number of Novel Coronavirus (2019-n CoV) Cases in China in the First Half of January 2020: A Data-Driven Modelling Analysis of the Early Outbreak. *Journal of Clinical Medicine*, 9: 388.
- Zheng, J. 2020. SARS-CoV-2: An emerging coronavirus that causes a global threat. *International Journal of Biological Sciences*, 16: 1678-1685.

Received May 15, 2020.
Accepted August 10, 2020.