



**Cuba Salud**

IV Convención  
Internacional de Salud  
17-21 de octubre, 2022

## **MODELACIÓN DE CASOS CONFIRMADOS POR COVID-19 MEDIANTE LA REGRESIÓN OBJETIVA REGRESIVA EN EL POLICLÍNICO “MARTA ABREU”, SANTA, VILLA CLARA, CUBA.**

Dr. Fernando Martínez Fernández<sup>1</sup>

Dra. Melba Zayas González<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Policlínico Docente Marta Abreu/Departamento de Docencia, Santa Clara, Cuba, E-mail: fernan23754@gmail.com

<sup>2</sup> Universidad de Ciencias Médicas de Villa Clara/Departamento: Ciencias-Clínicas, Santa Clara, Cuba, E-mail: melbazg@nauta.cu

Evento: II Simposio. La Atención Primaria de Salud y la Medicina Familiar

Tema: Papel de la Atención Primaria de Salud en la respuesta a la COVID-19

### **RESUMEN**

*Introducción:* El uso de modelos predictivos para la evolución de la pandemia es de gran ayuda para la toma de decisiones por parte de las autoridades.

*Objetivo:* El objetivo fundamental del presente trabajo fue obtener a través de la Regresión Objetiva Regresiva, predicciones de casos confirmados de Covid-19 en el Policlínico Docente Marta Abreu de la ciudad de Santa Clara.

*Materiales y métodos:* En este trabajo se utilizaron los datos diarios desde enero hasta marzo correspondientes al año 2021 de la cantidad de casos positivos a la covid-19 en el Policlínico Marta Abreu de Villa Clara Cuba, un total de 3294 casos de ellos 58 positivos.

*Resultados:* En la modelación a corto plazo el modelo fue significativo al 19.7 % con un error de 0.12. las variables, dicotómicas, diente de sierra y diente de sierra invertida y del riesgo regresado en 1,3, y 12 casos la tendencia es negativa y no significativa.

*Conclusiones:* Podemos concluir que se obtuvo un resultado perfecto en el largo plazo con la metodología ROR. El modelo ROR a corto plazo depende de los casos de covid-19 en el caso anterior, 3 casos atrás y 12 casos atrás sin tendencia significativa. El modelo a largo plazo es perfecto y depende de los casos de covid-19 en 12 casos atrás, con una tendencia negativa.

**Palabras Claves:** Coronavirus, Covid-19, modelación matemática, modelo ROR

## I. INTRODUCCIÓN

El mundo se ha visto envuelto en una crisis epidemiológica producida por el nuevo coronavirus SARS-CoV-2 que dio origen a la contagiosa y mortal enfermedad Covid-19<sup>1</sup>.

Desde los primeros casos diagnosticados en la ciudad de Wuhan capital de la provincia de Hubei, China, ha ido aumentando la cifra de contagiados y de fallecidos, lo que determinó que la Organización Mundial de la Salud (OMS) el 11 de marzo del 2020 declara estado de pandemia por la Covid-19. (MINSAP, 2020) (WHO, 2020)<sup>1,2</sup>.

Las enfermedades infecciosas han tenido históricamente un gran impacto en la morbilidad y en la mortalidad, lo que seguramente propició que desde hace siglos se hicieran predicciones sobre la evolución de las epidemias.

Actualmente los nuevos avances tecnológicos en biomedicina hacen que la creación de equipos multidisciplinarios sea de vital importancia. Estos grupos pueden estar formados por clínicos, epidemiólogos, matemáticos, estadísticos, informáticos, biólogos, físicos, etc.

El gran desarrollo adquirido por diferentes ciencias, como la epidemiología, las matemáticas, la estadística, la informática, ha propiciado que actualmente se hayan generado nuevas técnicas en procedimientos emergentes y recurrentes en el campo de la bioestadística y bioinformática (estadística espacial, redes neuronales y análisis de datos funcionales, entre otros) para describir la importancia de los modelos matemáticos en las enfermedades infecciosas. (Martí Casals K G, Caylà J A, 2009)<sup>3,6</sup>.

Durante esta batalla anti epidémica, al lado de médicos y la investigación biológica, los estudios teóricos basados en modelos estadísticos o matemáticos pueden también jugar un papel para nada despreciable en el entendimiento de las características de la epidemia, para la predicción del punto de inflexión, el tiempo final, (Liangrong Peng, et al, 2020) futuro crecimiento potencial, ayuda para estimar el riesgo a otros países (Funk S et al, 2020) y en decidir las medidas que contribuyan a frenar la propagación de la enfermedad<sup>7-9</sup>.

La estimación de los cambios en la transmisión a través del tiempo puede proveer una comprensión dentro de la situación epidemiológica, y la estimación identifica si las medidas de control están teniendo un efecto deseado.

El empleo de modelos estadísticos predictivos en las ciencias de la salud ha crecido significativamente en los últimos años. Estos emergen como un vínculo importante entre la estadística y la práctica médica; son de gran ayuda en la toma de decisiones y permiten la creación de diversos sistemas y herramientas útiles para reducir las incertidumbres, garantizar mejores actuaciones y establecer eficaces medidas de control para la erradicación de las enfermedades (López Fernández, et al 2016) Los análisis de las predicciones pueden informar acerca del futuro crecimiento potencial y ayuda a estimar el riesgo a otros países. (Funk S, et al, 2017) Se han estado utilizando modelos estadísticos predictivos para las predicciones de la probable evolución de la COVID-19, entre los que se puede encontrar: Modelo de media móvil, integrado regresivo automático (ARIMA), y métodos de suavizado exponencial lineal de Brown / Holt (Prades Escobar, E., & Martín Sánchez, D., 2020)<sup>10</sup>.

Los científicos en el mundo comenzaron a trabajar en la modelación matemática de la epidemia provocada por el nuevo coronavirus SARS.CoV.2 causante de la COVID-19, utilizando diversas técnicas y modelos matemáticos. Han sido utilizadas diferentes vías para dicha modelación matemática: ○ Modelación clásica para las epidemias con modelos SIR basados en ecuaciones diferenciales ordinarias. In-

investigaciones en este sentido para la pandemia han sido: (Duyan Kangan, et al 2020) (Cagigal MA, Becario FP., 2020) (Bacaër N. 2020) ○ Modelación de la Covid-19 basadas en modelos estadísticos de series cronológicas. ○ Modelos predictivos a través del uso de internet. ○ Modelos basados en inteligencia artificial y Machine Learning. Las modelaciones antes expuestas tienen presente una serie de parámetros que permiten la inclusión de varios factores con el fin de expresar, lo mejor posible, las realidades de las epidemias (Medina-Mendieta J, et al, 2020)<sup>12</sup>.

El objetivo fundamental del presente trabajo es obtener a través de la Regresión Objetiva Regresiva (ROR) predicciones de casos confirmados de Covid-19 en el Policlínico Docente Marta Abreu de la ciudad de Santa Clara.

## II. MÉTODO

En este trabajo se utilizaron los datos diarios desde enero hasta marzo correspondientes al año 2021 de la cantidad de casos positivos a la covid-19 en el Policlínico Marta Abreu de Villa Clara Cuba, un total de 3294 casos de ellos 58 positivos.

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. 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. (Osés et al., 2020)

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

### 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).

### III. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Primeramente, se calcularon la estadística descriptiva del riesgo de contraer covid-19, se asignó el valor de cero si el PCR era negativo y si el PCR era positivo se le asignó el valor de Riesgo 1. (Tabla 1) observándose que presentan un valor medio de 0.0176 con una desviación típica de 0.13(Figura 1), el valor medio de esta variable corresponde a 19.33 casos con una desviación estándar de 12.01 casos. (Tabla 1).

Tabla 1. Estadística descriptiva de los confirmados en el Policlínico Marta Abreu Año 2021.

#### Estadísticos descriptivos

	N	Mínimo	Máximo	Media	Desv. típ.
RiesgoCovid19	3294	,00	1,00	,0176	,13154
N válido (según lista)	3294				

Tabla 2 Análisis de Varianza del modelo para Covid-19.

#### ANOVA<sup>c,d</sup>

Modelo	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
1 Re- gresión	2,019	6	,336	22,05	,000 <sup>a</sup>
Residual	49,981	3276	,015	2	
Total	52,000 <sup>b</sup>	3282			

a. Variables predictoras: Lag12Riesgo, Lag3Riesgo, Lag1Riesgo, DI, DS, NoC

b. Esta suma de cuadrados total no se ha corregido para la constante porque la constante es cero para la regresión a través del origen.

c. Variable dependiente: RiesgoCovid19

d. Regresión lineal a través del origen

El modelo fue significativo al 19.7 % con un error de 0.12. (Tabla 2.) con una F de Fisher de 22 significativa al 100 %. (Tabla 2)

A continuación, se corrió el modelo solamente con Lag12 Riesgo para tener una valoración a largo plazo entrando en el modelo la variable Step POSITIVO obteniéndose un modelo que explica el 100 % de la varianza del modelo (Tabla 3).

**Tabla 3. Resumen del modelo<sup>c,d</sup>**

Modelo	R	R cuadrado <sup>b</sup>	R cuadrado corregida	Error típ. de la estimación	Durbin-Watson
1	1,000 <sup>a</sup>	1,000	1,000	,00000	1,696

a. Variables predictoras: Step2133, Step1656, Step1655, Step1652, Step1644, Step1336, Step75, Step74, Step14, Step POSITIVO, DS, DI, Lag12Riesgo, 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: RiesgoCovid19

d. Regresión lineal a través del origen

El modelo ROR en cuestión (Tabla 4) está formado por las siguientes variables, DI y DS que son variables dicotómicas, diente de sierra DS y Diente de sierra invertida DI y del riesgo regresado en 1,3, y 12 casos (Lag1 Riesgo; Lag3 Riesgo y Lag12 Riesgo) la tendencia es negativa y no significativa.

**Tabla 4. Coeficientes<sup>a,b</sup>**

Modelo	Coeficientes no estandarizados		Coeficientes tipificados	t	Sig.
	B	Error típ.	Beta		
1 DS	,016	,005	,091	3,316	,001
DI	,016	,005	,091	3,315	,001
Tendencia	-2,591E-6	,000	-,039	-1,136	,256
Lag1Riesg	,116	,017	,116	6,719	,000
o Lag3Riesg	,057	,017	,057	3,326	,001
o Lag12Ries	,065	,016	,069	3,988	,000
go					

a. Variable dependiente: RiesgoCovid19

b. Regresión lineal a través del origen

Las modelaciones de las epidemias es algo histórico y se han ido perfeccionando con el avance de la ciencia y las tecnologías, lo que demuestra el papel esencial de la matemática para indicar por dónde se puede mover la enfermedad y dar sugerencias de cómo decidir. (Guinovart)<sup>11</sup>.

La enfermedad COVID-2019 ha sido reconocida como una amenaza global, en la cual se han estado usando en todo el mundo modelos predictivos para la tendencia epidemiológica del predominio e incidencia de esta, siendo alguno de los modelos utilizados: Suavización exponencial de Brown usado en Rusia, y modelos de series de tiempo (ARIMA) empleado en Turquía, Alemania, Francia, Italia, Tailandia, China, Corea del Sur e Irán. (Paredes Escobar 2020)<sup>12</sup>.

En el presente artículo de investigación se expusieron predicciones para los casos confirmados a la COVID-19 en el Policlínico Docente “Marta Abreu”. El incremento de la cifra de niños y adolescentes contagiados por el nuevo coronavirus en la mencionada área de salud demuestra que son tan susceptibles de padecer la enfermedad como el resto de la población. Los niños y adultos mayores deben seguir las mismas medidas de bioseguridad orientadas por el Ministerio de Salud Pública para toda la población<sup>13</sup>.

Coincidiendo con los informes diarios del MINSAP, es el sexo femenino el de mayor número de casos reportados en las últimas semanas (MINSAP 2021)<sup>14</sup>.

Se han obtenido las conclusiones siguientes: La modelación ROR de predicciones obtenidos dan resultados muy significativos para el estudio de la pandemia COVID.19 en el Policlínico Marta Abreu. Con los resultados del estudio se facilita a las autoridades, y de hecho ya lo están haciendo, información del comportamiento a corto y medio plazo de variables de gran interés para comprender la expansión del SARS-CoV2, que podría servir para la toma de decisiones<sup>15</sup>.

#### IV. CONCLUSIONES

Podemos concluir que se obtuvieron un resultado perfecto en el largo plazo con la metodología ROR. El modelo ROR a corto plazo depende de los casos de covid-19 en el caso anterior, 3 casos atrás y 12 casos atrás sin tendencia significativa. El modelo a largo plazo es perfecto y depende de los casos de covid-19 en 12 casos atrás, con una tendencia negativa.

#### V. REFERENCIAS

1. Bacaër N. (2020). Un modelo matemático de la epidemia de coronavirus en Francia. [https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02509142v2/file/epidemie\\_es.pdf](https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02509142v2/file/epidemie_es.pdf)
2. Cagigal MA, Becario FP. (2020). Modelado y análisis de la evolución de una epidemia vírica mediante filtros de Kalman: el caso del COVID-19 en España. <https://www.us.es/actualidad-de-la-us/modelado-y-analisis-de-la-evolucion-de-una-epidemia-virica-mediante-filtros-de>.
3. Dayun Kanga , Hyunho Choia , Jong-Hun Kimb , Jungsoon Choic. (2020). Spatial epidemic dynamics of the COVID-19 outbreak in China. <http://creativecommons.org/licenses/by-ncnd/4.0/>

4. DHAMM (Declaración de Helsinki de la AMM). 2013. Principios éticos para las investigaciones médicas en seres humanos. 64<sup>a</sup> Asamblea General, Fortaleza, Brazil, octubre. World Medical Association, Inc. – All Rights reserved. 9 pp.
5. Funk S, Ciglenecki I, Tiffany A, Gignoux E, Camacho A, Eggo RM, et al. (2017) The impact of control strategies and behavioural changes on the elimination of Ebola from Lofa County, Liberia. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 2017; 372:20160302. DOI: <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0302>
6. Guinovart Díaz R. (2020) Intervención en la mesa redonda. Sitio de la Presidencia de Cuba. <http://www.cubadebate.cu/noticias/2021/04/27/lo-afirman-los-expertos-pronosticos-de-la-covid-19-en-cuba-son-desfavorables/>
7. Liangrong Peng, Wuyue Yang, Dongyan Zhang, Changjing Zhuge, Liu Hong. (2020). Epidemic analysis of COVID-19 in China by dynamical modeling. medRxiv 2020.02.16.20023465. DOI: <https://doi.org/10.1101/2020.02.16.20023465>
8. López Fernández R, Yanes Seijo R, Suárez Surí P, Avello Martínez R, Gutiérrez Escobar M, Alvarado Flores R. (2016) Modelo estadístico predictivo para el padecimiento de pie diabético en pacientes con diabetes mellitus tipo II. [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1727-897X2016000100009&lng=es](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1727-897X2016000100009&lng=es)
9. Martí Casals K G, Caylà J A (2009) MODELOS MATEMÁTICOS UTILIZADOS EN EL ESTUDIO DE LAS ENFERMEDADES TRANSMISIBLES. *Rev Esp Salud Pública* 2009, Vol. 83, N.º 5 [https://www.mscbs.gob.es/biblioPublic/publicaciones/recursos\\_propios/resp/revista\\_cdrom/vol83/vol83\\_5/RS835C\\_689.pdf](https://www.mscbs.gob.es/biblioPublic/publicaciones/recursos_propios/resp/revista_cdrom/vol83/vol83_5/RS835C_689.pdf)
10. Medina Mendieta, J., Cortés Cortés, M., Cortés Iglesias, M., Pérez Fernández, A., & Manzano Cabrera, M. (2020). Estudio sobre modelos predictivos para la COVID-19 en Cuba. *Medisur*, 18(3), 431-442. Recuperado de <http://medisur.sld.cu/index.php/medisur/article/view/4703>
11. MINSAP. (2020). Protocolo de actuación nacional para la covid-19. Versión 1.4. <https://files.sld.cu/>
12. MINSAP (2021). Para prevenir y enfrentar el nuevo coronavirus, la participación popular es esencial. <https://salud.msp.gob.cu/para-prevenir-y-enfrentar-el-nuevo-coronavirus-la-participacion-popular-es-esencial/>
13. Osés-Rodríguez, R., Osés-Llanes, C., Fimia-Duarte, R., González-Meneses, A., & Iannacone, J. (2020). PRONOSTICO DE LA COVID-19 POR MEDIO DE LA METODOLOGÍA DE REGRESIÓN OBJETIVA REGRESIVA EN VILLA CLARA Y CUBA. *The Biologist*, 18(2). <https://doi.org/10.24039/rtb2020182754>
14. Prades Escobar, E., & Martín Sánchez, D. (2020). Modelos estadísticos para las predicciones de la COVID-19 en Cuba. *Revista Cubana De Higiene Y Epidemiología*, 57. Recuperado de <http://www.revepidemiologia.sld.cu/index.php/hie/article/view/303/275>
15. WHO. (2020). Conferencia de la OMS. [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/transcripts/who-audio-emergencias-coronavirus-press-conference-full-and-final-11mar2020.pdf?sfvrsn=cb432bb3\\_2](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/transcripts/who-audio-emergencias-coronavirus-press-conference-full-and-final-11mar2020.pdf?sfvrsn=cb432bb3_2)