



Documento de Trabajo 01-2020

El COVID-19 y el número reproductivo básico y efectivo en El Salvador: Una propuesta para su medición



Documento de Trabajo 01-2020

El COVID-19 y el número reproductivo básico y efectivo en El Salvador: Una propuesta para su medición

Carlos Eduardo Argueta

San Salvador, junio 2020

© **Fundación Dr. Guillermo Manuel Ungo (FUNDAUNGO).**

Todos los derechos reservados.

Autor:

Carlos Eduardo Argueta – investigador, FUNDAUNGO.

Edición, diseño y diagramación:

Unidad de Comunicación Institucional, FUNDAUNGO.

San Salvador, El Salvador, Centroamérica.

Forma recomendada de citar:

Argueta, Carlos Eduardo (2020). El COVID-19 y el número reproductivo básico y efectivo en El Salvador: Una propuesta para su medición. Documento de Trabajo 01-2020. FUNDAUNGO, San Salvador, El Salvador.

El documento de trabajo es un medio para divulgar investigaciones institucionales. Al mismo tiempo, permite a los autores recibir retroalimentación. Se agradecerá que cualquier comentario se haga llegar a través de la siguiente dirección de correo electrónico:

fundaungo@fundaungo.org.sv.

Índice

Siglas y abreviaturas.....	I
Presentación.....	II
Resumen.....	III
Introducción	IV
1. Modelo SIR, el número reproductivo básico y el número reproductivo efectivo	1
2. Comportamiento del COVID-19 en El Salvador	4
3. Estimación del número reproductivo básico y efectivo del COVID-19 en El Salvador	6
3.1. Antecedentes.....	6
3.2. Aspectos metodológicos para las estimaciones.....	6
4. Resultados	9
5. Utilidad del número reproductivo básico y bondad de ajuste de las estimaciones	14
6. Consideraciones finales	16
Referencias bibliográficas	17
Anexos	18
Anexo 1. Propuesta de solución matemática del sistema de ecuaciones diferenciales del modelo SIR	18

Índice de gráficos

Gráfico 1. El Salvador. Número acumulado de casos infectados (activos), casos recuperados y población fallecida de COVID-19, del 15 de marzo al 7 de junio de 2020	5
Gráfico 2. El Salvador. Proporción de casos infectados (activos), casos recuperados y población fallecida, respecto al total de casos confirmados de COVID-19, del 29 de marzo al 7 de junio de 2020	5
Gráfico 3. El Salvador. Número reproductivo básico y efectivo estimado, al cierre de cada fecha	11
Gráfico 4. El Salvador. Número reproductivo efectivo (escenario 1 y 2), al cierre de cada fecha	11
Gráfico 5. El Salvador. Estimación del número reproductivo básico del COVID-19, desde el 16 de abril hasta el 7 de junio; y pronóstico de su comportamiento, del 8 al 28 para el junio de 2020.....	13
Gráfico 6. El Salvador. Estimación del número reproductivo efectivo del COVID-19, desde el 16 de abril hasta el 7 de junio; y pronóstico de su comportamiento, del 8 al 28 para el junio de 2020.....	13
Gráfico 7. Población infectada, recuperada y fallecida (valor observado y valor estimado por modelo SIR), del 15 de marzo al 7 de junio de 2020.....	15

Índice de tablas

Tabla 1. El Salvador. Resultados del modelo de regresión lineal para estimar el número reproductivo básico (R_0), al 7 de junio de 2020	9
Tabla 2. El Salvador. Resultados del modelo de regresión lineal para estimar el número reproductivo efectivo (R_e), al 7 de junio de 2020.....	10
Tabla 3. El Salvador. Descriptivos del número reproductivo básico (ρ_0) y efectivo (ρ_e) estimado, del 16 de abril al 7 de junio de 2020.....	10
Tabla 4. El Salvador. Modelo ARIMA (1,1,2) para pronosticar el número reproductivo básico y efectivo, del 8 al 29 de junio de 2020.....	12
Tabla 5. El Salvador. Valor de los parámetros del modelo SIR al 7 de junio de 2020.....	14

Índice de figuras

Figura 1. Representación esquemática del modelo SIR.....	1
--	---

Siglas y abreviaturas

EDO	Ecuaciones diferenciales ordinarias
FUNDAUNGO	Fundación Dr. Guillermo Manuel Ungo
MCO	Mínimos cuadrados ordinarios
ρ_0	Número reproductivo básico
ρ_e	Número reproductivo efectivo
SIR	Modelo Susceptibles-Infectados-Recuperados

Presentación

Estamos viviendo tiempos complejos como consecuencia de la pandemia del COVID-19, que se expresa en una crisis de salud pública, pero también en el ámbito económico-social. Por lo que se vuelve necesario realizar un monitoreo del progreso del COVID-19, así como de sus impactos en el desarrollo económico y social del país.

En ese marco, FUNDAUNGO ha impulsado en su página web institucional (www.fundaungo.org.sv) el micrositio: “**Seguimiento al COVID-19 en El Salvador**”, para poner a disposición del público, entre otros elementos, estadísticas que dan cuenta de la evolución en el tiempo de la enfermedad a nivel nacional y municipal. Para esto, se publican y divulgan boletines estadísticos de forma periódica. Este seguimiento toma como referencia las cifras oficiales publicadas por el Gobierno de El Salvador.

Con la finalidad de contribuir a una mejor comprensión de la evolución del COVID-19 en El Salvador, se ha elaborado este documento de trabajo titulado: “El COVID-19 y el número reproductivo básico y efectivo en El Salvador: Una propuesta para su medición”, que tiene como objetivo presentar una propuesta para la estimación y seguimiento en el tiempo del número reproductivo básico (ρ_0) y efectivo (ρ_e) del COVID-19 en El Salvador.

Esperamos que los insumos proporcionados en este documento de trabajo permitan contribuir a la toma de decisiones con base en evidencia, para la atención a la pandemia en el país.

Dr. Ricardo Córdova
Director Ejecutivo
FUNDAUNGO

Resumen

Este documento de trabajo tiene como finalidad presentar una propuesta para la medición y seguimiento del número reproductivo básico (ρ_0) del COVID-19 en El Salvador, cifra que mide el número potencial de personas sanas a las que puede contagiar una persona infectada de una enfermedad. Este documento también propone una forma de medición del número reproductivo efectivo (ρ_e) del COVID-19, parámetro que ajusta ρ_0 —según la evolución de la población susceptible en el tiempo— de tal forma que, a medida se reduce la proporción de población propensa a adquirir la enfermedad, su transmisión se vuelve más lenta.

Para estimar ambas cifras y su evolución en el tiempo, se parte del modelo epidemiológico SIR en su forma original (que divide a la población en individuos susceptibles, infectados y recuperados), descrito por Kermack y McKendrick (1927). Mediante la implementación de las nociones teóricas de las ecuaciones del modelo SIR, y los datos de las poblaciones para el caso salvadoreño (sistematizados por FUNDAUNGO, con base en la información divulgada por la plataforma oficial gubernamental: covid19.gob.sv), se presentan (i) las estimaciones sobre la evolución del número básico reproductivo y efectivo en el país, entre el 16 de abril y el 7 de junio de 2020, así como (ii) una proyección preliminar de su posible evolución en las próximas semanas.

Los resultados muestran que tanto el número reproductivo básico y efectivo del COVID-19 en El Salvador han presentado una tendencia decreciente en el período analizado, pasando de 3.71 ± 0.37 el 16 de abril, a 1.96 ± 0.08 al cierre de este documento de trabajo (7 de junio de 2020). El promedio de ambas cifras durante el período analizado se estima en 2.72, lo que indica que, para el período desde el 16 de abril al 7 de junio, una persona infectada potencialmente pudo haber contagiado de COVID-19 a un poco menos de 3 personas sanas.

Para las próximas semanas, y de mantenerse el escenario vigente, los pronósticos muestran una tendencia decreciente de ambas cifras; sin embargo, para el 15 de junio de 2020, si las condiciones actuales no cambian, aún no se alcanzará el umbral de 1. Por tanto, es importante tomar en cuenta estos elementos para las decisiones de salud pública e ir actualizando estas estimaciones, conforme se vaya contando con datos más recientes.

Introducción

El COVID-19 fue declarado pandemia a nivel mundial por el Director General de la OMS el 11 de marzo de 2020, fecha en la que se reportaban un total de 118,000 personas infectadas en 114 países y 4,291 fallecidos (OPS, 2020). La enfermedad ha continuado su expansión, de tal forma que, al 7 de junio de 2020, cifras del Observatorio de COVID-19 de la Universidad Johns Hopkins registraban a nivel mundial 7,009,065 personas contagiadas, 402,730 fallecidos y 3,140,920 personas recuperadas.

Esta enfermedad también se ha expandido en El Salvador. Al 7 de junio de 2020, la plataforma oficial del Gobierno reportaba un total de 3,104 casos confirmados (1,688 eran casos activos, 1,361 casos recuperados y 55 personas fallecidas). Con el fin de mitigar la expansión de la enfermedad, durante los últimos cuatro meses, el Gobierno de El Salvador ha decretado una serie de medidas, entre las que destacan la reducción de la actividad económica en algunos sectores y la cuarentena domiciliar vigente desde el 23 de marzo del presente año.

Actualmente están en discusión las medidas para la reapertura económica y la flexibilización de las medidas de movilidad de la población. Ante este contexto, es necesario contar con información que respalde de forma técnica las decisiones próximas a tomar.

Con la finalidad de contribuir a la comprensión de la evolución del COVID-19 en El Salvador y a la toma de decisiones técnicas, se ha elaborado este documento de trabajo, que tiene como objetivo presentar una propuesta para la estimación y seguimiento en el tiempo del número reproductivo básico (ρ_0) y efectivo (ρ_e) del COVID-19 en El Salvador, cifras que dan cuenta del alcance de contagio del COVID-19, bajo ciertos escenarios, en distintos momentos en el tiempo.

El documento de trabajo está estructurado en siete apartados. En el primero se hace una presentación teórica del modelo SIR básico y la importancia del número reproductivo básico y efectivo. En un segundo apartado se hace una breve recapitulación de la evolución del COVID-19 a nivel nacional, desde la fecha en que se detectó el primer caso confirmado (14 de marzo) al 7 de junio de 2020. El tercer apartado da cuenta de los aspectos metodológicos de la propuesta de estimación del número reproductivo básico y efectivo, partiendo de los aspectos teóricos planteados preliminarmente. En el cuarto apartado se exponen los resultados de las estimaciones, así como sus proyecciones para el resto del mes de junio; mientras que en el quinto apartado se pone a prueba la bondad de ajuste de las estimaciones realizadas, contrastándolas con las series de tiempo observadas de la población infectada, recuperada y fallecida. En el sexto apartado se presentan algunas reflexiones finales en torno a los alcances de la metodología propuesta y las implicaciones de los resultados para la toma de decisiones. Finalmente, en los anexos, se presenta la resolución matemática de propia autoría de las ecuaciones del modelo SIR, que refleja la consistencia de la metodología implementada.

Se agradece a Ricardo Córdova (Director Ejecutivo de FUNDAUNGO), así como a otros lectores externos, por sus comentarios a una versión preliminar de este documento. Asimismo, se agradece a Lilian Ramón y Luis Rodríguez, asistentes de investigación de FUNDAUNGO, por la sistematización de la base de datos sobre casos de COVID-19 en El Salvador y la búsqueda de bibliografía, respectivamente. Cualquier posible error de estimación en esta publicación es exclusiva responsabilidad del autor.

1. Modelo SIR, el número reproductivo básico y el número reproductivo efectivo

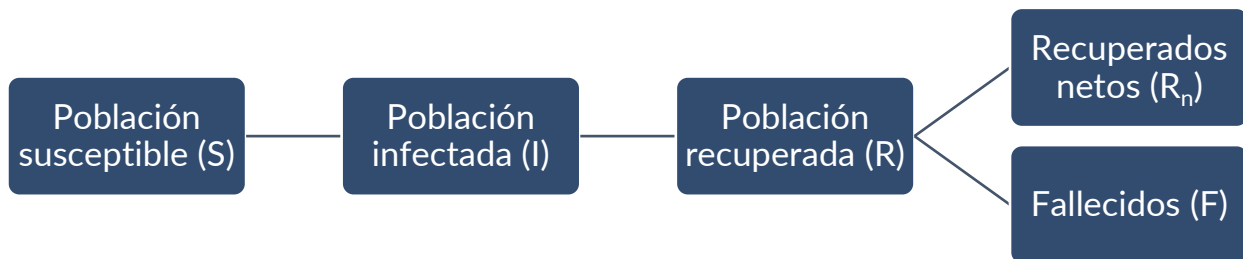
La evolución de una enfermedad dentro de un grupo poblacional puede ser explicado a través de modelos matemáticos y epidemiológicos, que buscan pronosticar la magnitud del contagio, el tiempo de duración, los grupos más propensos, así como otros aspectos.

Uno de los modelos más utilizados es el modelo SIR (connotación para abreviar las palabras “susceptibles, infectados y recuperados”), propuesto por Kermack y McKendrick en 1927. Tomando como base una serie de supuestos, el modelo parte de una población de tamaño fijo (N), en donde se empieza a extender una enfermedad durante un horizonte temporal determinado. El modelo distingue tres grupos poblacionales, a lo largo del tiempo, que son mutuamente excluyentes entre sí (Aleja *et al.*, 2020, p. 1):

- a. **Población susceptible (S):** número de individuos que pueden contraer la enfermedad.
- b. **Población infectada (I):** número de individuos contagiados que pueden infectar a la población susceptible.
- c. **Población recuperada (R):** número de individuos que han superado la enfermedad (R_n) o que han fallecido (F).

En este modelo, los individuos van transitando entre los tres posibles estados: empiezan en un primer momento en una situación sin contagio, pero expuestos al virus o enfermedad (población susceptible), para transitar a experimentar la enfermedad (población infectada). Al cabo de cierto tiempo, las personas infectadas pueden recuperar su estado de salud [R_n] (el modelo asume que adquieren inmunidad ante el virus) o fallecen [F] (ver la figura 1).

Figura 1. Representación esquemática del modelo SIR



Fuente: elaboración propia con base en Aleja *et al.* (2020) y Ridenhour *et al.* (2015).

El modelo parte de un grupo poblacional determinado (N), el cual es foco potencial de infección. Este puede ser definido por la población total de un país o subregión, en donde se asume que no hay nacimientos ni muertes (por otras causas ajenas a la enfermedad analizada), lo que implica que en cada momento en el tiempo la población total es igual a la sumatoria de los tres subgrupos poblacionales ($N = S + I + R$).

El modelo SIR, en su representación matemática básica¹, se define por un sistema de tres ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO), en donde cada población depende del tiempo y de una serie de parámetros.

Considerando t_I el tiempo que un individuo está dentro de la población infectada (es decir, **la tasa de recuperación** $\gamma = 1/t_I$); β corresponde a **la tasa de transmisión**; t_0 corresponde al tiempo de inicio del estudio (en donde aparece el primer infectado); y $t_0 + T$ es el tiempo final, el modelo en su forma básica se define de la siguiente forma (Aleja *et al.*, 2020; Ridenhour *et al.*, 2015):

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \left(\frac{I}{N} \right) S \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \left(\frac{I}{N} \right) S - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

Para cada momento en el tiempo t dentro del análisis, donde: $t_0 \leq t \leq t_0 + T$. A su vez, el modelo contempla como condiciones de inicio: $S_{t_0} = S_0$; $I_{t_0} = I_0$; $R_{t_0} = R_0$, es decir, los casos registrados al inicio del estudio. Al comienzo del brote o epidemia (en el momento t_0), el modelo básico asume que la población está constituida totalmente por individuos susceptibles, un solo individuo infectado (es decir, $S_0 = N - 1$; $I_0 = 1$) y ningún individuo recuperado ($R_0 = 0$). Por tanto, el modelo parte desde el momento en que los datos muestran un caso contagiado.

En su forma básica, el modelo SIR asume que (i) la población recuperada adquiere *inmunidad al virus* (lo cual para enfermedades nuevas no necesariamente ocurre), y (ii) que toda la población es susceptible a adquirir el virus a lo largo del tiempo². De acuerdo con Kermack y McKendrick (1927; citado en Aleja *et al.*, 2020), el origen del modelo SIR parte de la premisa del comportamiento logístico de la población infectada, pues al asumir que los individuos nunca se recuperan de la enfermedad (es decir, $\gamma = 0$), el comportamiento de la ecuación (2) adquiere la forma de una función logística:

$$\frac{dI}{dt} = \beta \left(\frac{I}{N} \right) S = \beta I \left(\frac{N - I}{N} \right) = \beta I \left(1 - \frac{I}{N} \right) \quad (4)$$

No obstante, dado que la población infectada puede recuperarse de la enfermedad, se asume que el cambio entre la población recuperada a lo largo del tiempo es una proporción γ de la población infectada total.

Un aspecto relevante por destacar del modelo SIR radica en la ecuación (2) del sistema de EDO. Si la tasa de transmisión del virus excede a la tasa de recuperación (es decir, $\beta > \gamma$), la enfermedad se propaga al extenderse la población infectada; y viceversa. En otras palabras, si $\frac{dI}{dt} > 0$, los casos

¹ El modelo SIR tiene distintas variantes que parten de su modelación básica. En algunas, se incorpora una población expuesta, en donde el virus está incubado, pero todavía no hay posibilidad de contagio. A medida se agregan más poblaciones, la notación matemática se vuelve más compleja.

² Al respecto, el modelo SIR, en su forma básica, tiene limitantes para analizar los patrones del comportamiento de enfermedades. Por tal razón, existen extensiones de este modelo en donde, por ejemplo, se incorpora a otros grupos poblacionales, como la población expuesta (E), lo cual complejiza el sistema de ecuaciones diferenciales presentado anteriormente. Dado los alcances de este documento, se trabajará con el modelo SIR en su forma original, conscientes de sus implicaciones y limitaciones. Para profundizar sobre extensiones del modelo SIR, se recomienda consultar a Aleja *et al.* (2020), Picardo *et al.* (2020) y Velasco-Hernández y Leite (2011).

nuevos infectados superan a los casos nuevos recuperados, lo que hace que la curva de población infectada acumulada continúe creciendo. En cambio, si $\frac{dI}{dt} < 0$, implica que los casos diarios recuperados superan a los casos nuevos infectados, lo que indica una desaceleración —y paulatina reducción— de la curva de población infectada acumulada. Por tal razón, los parámetros β y γ de la ecuación (2) son relevantes.

El cociente entre la tasa de transmisión y la tasa de recuperación (β/γ) da cuenta del número de infecciones nuevas por unidad de tiempo, multiplicado por el tiempo que dura la infecciosidad. Esta relación es conocida como el número reproductivo básico (ρ_0), que describe “el número de infecciones nuevas que se originaron del individuo infectado inicialmente” (Ridenhour *et al.*, 2015, p. 168). En el modelo SIR básico, este queda definido de la siguiente manera:

$$\rho_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (5)$$

Por ejemplo, ante una enfermedad con una tasa de transmisión (β) de 0.18 y una tasa de recuperación (γ) de 0.06, el número reproductivo básico (ρ_0) asciende a 3, lo que implica que cada persona infectada puede transmitir el virus —de forma potencial— a tres individuos susceptibles.

Este parámetro es importante para medir la dinámica de la evolución de una enfermedad en una población, específicamente de los casos infectados y la población recuperada. A partir del valor umbral de 1, puede identificarse cuándo la enfermedad está contenida o cuándo puede ocurrir un rebrote. Si $\rho_0 > 1$, indica que la tasa de transmisión (β) es superior a la tasa de recuperación (γ), lo que implica que los casos infectados están creciendo a una mayor velocidad que la población recuperada. En cambio, cuando $\rho_0 < 1$, tasa de transmisión (β) es menor a la tasa de recuperación (γ), es decir, los casos recuperados crecen en mayor proporción que los casos infectados, lo que da señal de que la enfermedad está siendo contenida.

Por otro lado, el número reproductivo efectivo (ρ_e) consiste en un ajuste al número reproductivo básico, a medida que la población susceptible³ se va reduciendo y, por tanto, menos individuos están expuestos a la enfermedad en términos relativos. Este número se define de la siguiente forma:

$$\rho_e = \rho_0 \frac{S}{N} \quad (6)$$

El número reproductivo efectivo refleja el hecho de que, a medida que la proporción de individuos susceptibles respecto al total poblacional (S/N) disminuye, la transmisión de la enfermedad se vuelve más lenta. “Basándose en esta perspectiva matemática sencilla, los epidemiólogos suelen considerar que el número reproductivo básico es uno de los parámetros decisivos para determinar si una epidemia es susceptible de control” (Ridenhour *et al.*, 2015, p. 169).

El seguimiento del número reproductivo básico y efectivo de una enfermedad como el COVID-19 es de suma importancia, ya que representa un insumo para la toma de decisiones de salud pública. Entre las decisiones que pueden incidir en el comportamiento de una enfermedad se pueden

³ Este ajuste depende en gran medida de la cantidad de personas susceptibles que puedan considerar diferentes modelos, según los supuestos de cada población. Para efectos de esta publicación, se considerará el punto de partida de que la población total (N) es igual a la suma de la población susceptible, infectada y recuperada. En otras palabras, se parte del supuesto de que toda la población que no se ha contagiado está expuesta a hacerlo.

mencionar medidas encaminadas a (i) reducir la tasa de transmisión, como cierre de lugares públicos, medidas de contención y aislamiento; o (ii) disminuir el periodo de infecciosidad (es decir, acelerar la tasa de recuperación), por medio del uso de antiviricos, vacunación, tratamiento a la enfermedad, entre otros (Aleja *et al.*, 2020; Velasco-Hernández y Leite, 2011; Ridenhour *et al.*, 2015).

El análisis del comportamiento del COVID-19 —y sus implicaciones— continúa siendo analizado en diferentes países de manera incipiente y desde diversas aristas (social, económica, epidemiológica, entre otras), dado el carácter reciente de la enfermedad.

Ante la falta de una vacuna a la fecha para lograr la inmunidad efectiva a la enfermedad, las medidas implementadas por diferentes países a nivel latinoamericano —incluido El Salvador— se han basado en la restricción a la movilidad y confinamiento (BID, 2020a; BID, 2020b). En ese sentido, así como afirma Aleja *et al.*, (2020), dadas las medidas de contención y restricción de movilidad, la tasa de transmisión (β) puede variar a lo largo del tiempo. Esto implica, necesariamente, que el número reproductivo básico también cambie.

Por otro lado, es relevante destacar que, en términos epidemiólogos, “casi no hay datos científicos que indiquen que el número reproductivo básico (para una enfermedad en específico) de una zona geográfica sea aplicable a otra” (Ridenhour *et al.*, 2015; p. 173). En otras palabras, tomar como referencia valores de otros países o regiones, si bien puede ser un importante punto de partida, puede llevar a una toma de decisiones equivocada o reflejar una realidad distinta al comportamiento de la enfermedad en la región de interés.

Por tal razón, es necesario estimar el número reproductivo básico y el número reproductivo efectivo del COVID-19, por medio de los datos disponibles en el país o región de interés, con el fin de que sirva de insumo para la toma de decisiones (como la apertura económica, la modificación y/o flexibilización de las medidas de movilidad y de confinamiento, entre otras).

2. Comportamiento del COVID-19 en El Salvador⁴

En El Salvador, el primer caso confirmado de COVID-19 fue anunciado por el Presidente de la República, Nayib Bukele, en cadena nacional el 18 de marzo de 2020. Durante las siguientes semanas, más casos fueron detectados, de tal manera que, para el 21 de abril de 2020, el virus circulaba los 14 departamentos.

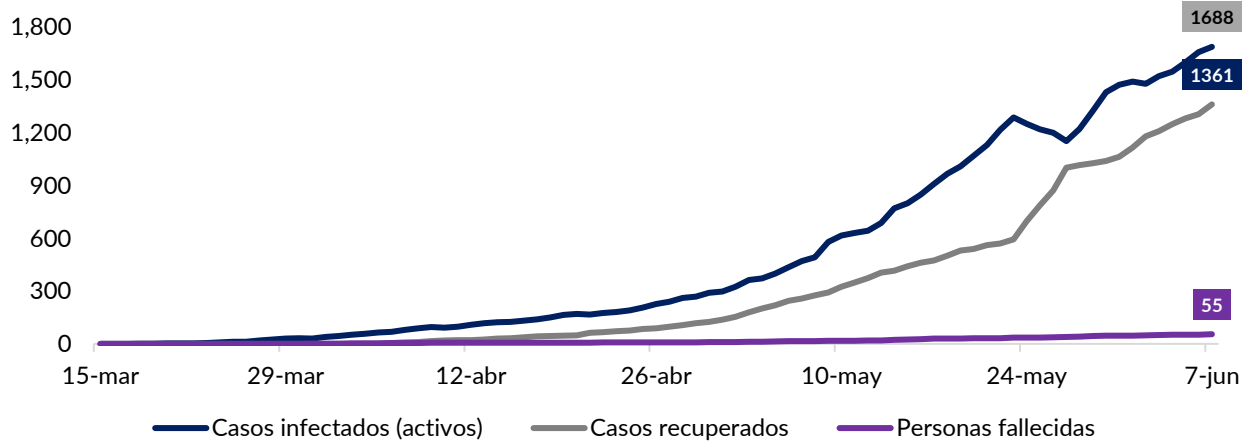
En el gráfico 1 se presentan el número de casos infectados (o activos), recuperados y fallecidos de COVID-19. En general, los tres grupos poblacionales han presentado una tendencia creciente. Vale la pena destacar que, entre el 24 y el 27 de mayo de 2020, el número de casos recuperados diarios superó al número de casos diarios confirmados, lo que se manifiesta en un leve cambio de tendencia en ambos grupos. No obstante, desde el 28 de mayo al cierre de este documento (7 de junio de 2020), los nuevos casos diarios confirmados volvieron a superar a los casos diarios (con excepción del 2 de junio, día en donde nuevamente los casos recuperados superaron a los casos nuevos confirmados). Al 7 de junio de 2020, la plataforma oficial del Gobierno de El Salvador

⁴ Para profundizar en la evolución del COVID-19 en El Salvador, se recomienda consultar los Boletines estadísticos publicados periódicamente por FUNDAUNGO. Estos pueden ser consultados en el Micrositio “Seguimiento al COVID-19 en El Salvador” (<https://www.fundaungo.org.sv/seguimiento-al-covid-19-en-el-salvador>).

reportaba un total de 3,104 casos confirmados de COVID-19, de los cuales 1,688 correspondían a casos infectados (activos), 1,361 casos recuperados y 55 personas fallecidas.

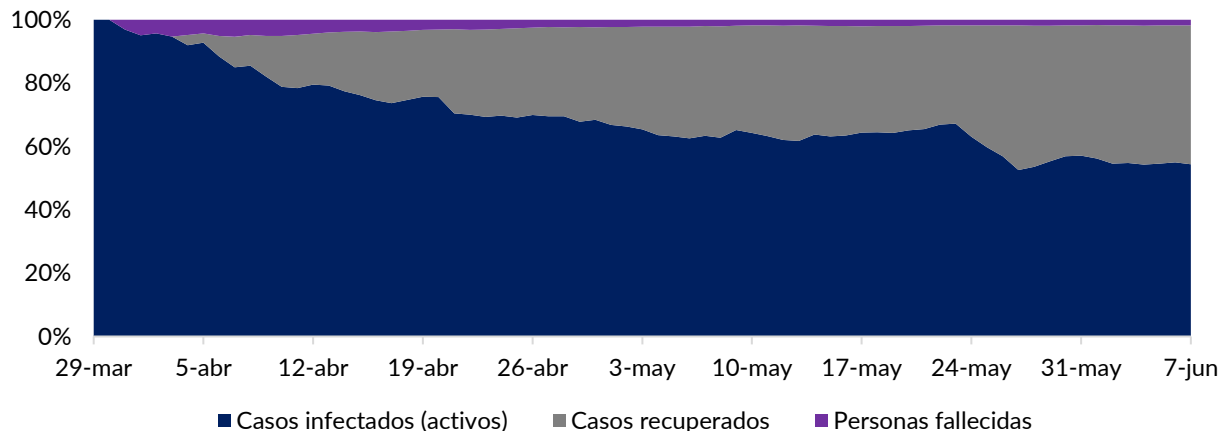
En el gráfico 2 se presenta la evolución de la proporción que representaban los casos infectados (activos), recuperados y personas fallecidas, respecto al total de casos confirmados, entre el 29 de marzo y el 7 de junio de 2020. Desde inicios de abril a la fecha, se evidencia una tendencia creciente en el peso de los casos recuperados entre el total de casos confirmados. Del 23 al 27 de mayo esta proporción fue en aumento, a tal punto de llegar a 45.7 %. Sin embargo, desde el 28 de mayo a la fecha, se ha mantenido estable la proporción entre casos infectados (activos), recuperados y personas fallecidas. Al 7 de junio de 2020, las personas infectadas representaban el 54.4 %, la población fallecida el 1.8 % y los casos recuperados el 43.8 %.

Gráfico 1. El Salvador. Número acumulado de casos infectados (activos), casos recuperados y población fallecida de COVID-19, del 15 de marzo al 7 de junio de 2020



Fuente: elaboración propia a partir de datos publicados en la plataforma oficial del Gobierno: covid19.gob.sv.

Gráfico 2. El Salvador. Proporción de casos infectados (activos), casos recuperados y población fallecida, respecto al total de casos confirmados de COVID-19, del 29 de marzo al 7 de junio de 2020



Fuente: elaboración propia a partir de datos publicados en la plataforma oficial del Gobierno: covid19.gob.sv.

De acuerdo con el modelo SIR, el comportamiento de la población infectada y recuperada depende en gran medida del comportamiento del número reproductivo básico y efectivo. A su vez, el modelo permite inferir el comportamiento futuro de la población infectada y recuperada, para efectos de la toma de decisiones. En el siguiente apartado se presenta la propuesta metodológica para el cálculo del ρ_0 y ρ_0 para El Salvador, partiendo de los datos disponibles a la fecha.

3. Estimación del número reproductivo básico y efectivo del COVID-19 en El Salvador

3.1. Antecedentes

Los esfuerzos para entender el comportamiento de la evolución del COVID-19, a partir de las cifras estadísticas oficiales, han sido de distintos tipos. En primer lugar, se identifican publicaciones que realizan un análisis descriptivo de los casos del COVID-19, por ejemplo, los boletines estadísticos de FUNDAUNGO (2020a, 2020b) y del Colegio Médico de El Salvador (2020a, 2020b), estos últimos establecen a su vez una serie de recomendaciones.

Otros esfuerzos se han concentrado en utilizar variaciones del modelo SIR para predecir el comportamiento futuro de la población infectada (ver Picardo *et al.*, 2020; UES, 2020), presentando diferentes escenarios y modelos sobre la evolución de la población infectada.

A pesar de lo anterior, se identifican pocas publicaciones que hacen alusión a estimaciones propias del ρ_0 , que partan de datos de El Salvador, así como un seguimiento sistemático de su evolución.

Picardo *et al.* (2020, pp. 27-35) presenta estimaciones del comportamiento de las poblaciones en estudio (basadas en una ampliación del modelo SIR) a partir de una tasa de transmisión estimada con datos globales ($\beta = 1.1897$) y partiendo de tres escenarios con números reproductivos básicos previamente establecidos ($R_{0A} = 1.5$; $R_{0B} = 2.5$; $R_{0C} = 4$)⁵.

Por su parte, el Colegio Médico de El Salvador (2020b), con el apoyo de la Universidad de El Salvador, calcularon un ρ_0 . Al tomar los datos nacionales disponibles del 3 de abril al 7 de mayo de 2020, obtuvieron como resultados un $\rho_0 = 3.19 \pm 0.22$; mientras que sus simulaciones a 150 días (desde la fecha del primer contagio) dieron como resultado un $R_0 = 2.40 \pm 0.67$.

A continuación, se presenta nuestra propuesta metodológica para la estimación del número reproductivo básico y efectivo en El Salvador.

3.2. Aspectos metodológicos para las estimaciones

La metodología de estimación del número reproductivo básico para El Salvador propuesta por este documento de trabajo, así como la estimación de su evolución en el tiempo, parten de (i) las ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO) presentadas en el apartado 1 y (ii) las cifras sobre la

⁵ En una publicación de El Diario de Hoy (17/05/2020), se afirma que “el investigador de la UFG, Óscar Picardo, explicó a El Diario de Hoy que el R_0 fue de 1.17 a mediados de marzo, cuando el Ministerio de Salud empezó a reportar los primeros casos importados de COVID-19. Pero el 2 de mayo el R_0 llegó a 1.7”.

evolución de COVID-19 en El Salvador, reportadas por las fuentes gubernamentales y sistematizadas por FUNDAUNGO⁶.

Partiendo de las EDO, se identifica que, para estimar el número reproductivo básico y efectivo, es necesario contar con información que dé cuenta de la tasa de transmisión y la tasa de recuperación. En este sentido, si se utiliza el EDO para estimar β y γ , se tiene un sistema de ecuaciones sobreidentificado (Chiang y Wainwright, 2006; Gujarati y Porter, 2010), pues se cuenta con tres ecuaciones y dos incógnitas a estimar. Por tanto, solamente es necesario utilizar dos de las tres ecuaciones⁷.

Dado que la ecuación (2) está conformada por los mismos monomios de las ecuaciones (1) y (3), se utilizarán estas últimas para los cálculos, las cuales se presentan a continuación en su notación abreviada⁸:

$$S' = -\beta \left(\frac{I}{N}\right) S \quad (1)$$

$$R' = \gamma I \quad (3)$$

La ecuación (1) puede ser reexpresada de la siguiente manera, dejando S en un solo lado de la expresión:

$$\frac{S'}{S} = -\beta \left(\frac{I}{N}\right) \quad (7)$$

Por propiedades de cálculo diferencial (ver Chiang y Wainwright, 2006), el término de la izquierda de la ecuación (7) puede interpretarse como la derivada del logaritmo natural de la población susceptible, respecto al tiempo:

$$\frac{S'}{S} = \frac{d \ln(S)}{dt} = [\ln(S)]' = -\beta \left(\frac{I}{N}\right) \quad (8)$$

Al integrar la ecuación (3) y (7) respecto al tiempo se obtienen, respectivamente, las siguientes expresiones:

$$\ln(S) = -\beta \left(\frac{It}{N}\right) + c_1 \quad (9)$$

$$R = \gamma It + c_2 \quad (10)$$

Se debe recordar que en el momento inicial (t_0) no existe ningún caso recuperado (es decir, $R_0 = 0$). Para que esto se cumpla, la constante de integración en la ecuación (10) debe ser nula ($c_2 = 0$). Por tanto, si $c_2 = 0$, de la ecuación (10) puede deducirse que:

$$It = \frac{R}{\gamma} \quad (11)$$

⁶ Si el lector o lectora desea profundizar en esta sistematización, puede visitar la sección "Estadísticas" del Micrositio de FUNDAUNGO: <https://www.fundaungo.org.sv/estadisticas>

⁷ Otra manera más completa es resolver el sistema de ecuaciones diferenciales, para encontrar las funciones que dan solución a dicho sistema. Una propuesta de propia autoría de solución matemática del sistema EDO se presenta en el anexo 1.

⁸ En notación matemática, $y' = f(x)' = \frac{dy}{dx}$ (Gujarati y Porter, 2010).

Por otro lado, si en el momento inicial (t_0) solamente existe una persona infectada (es decir, $S_0 = N - 1$), para que esta condición se cumpla, la constante de integración de la ecuación (9) necesariamente equivale al logaritmo natural de la población total menos la unidad ($c_1 = \ln[N - 1]$), que es una constante cuyo valor depende del tamaño de la población analizada (N).

Así, al sustituir (11) en (9) y reubicando términos, se obtiene:

$$\ln(S) = -\frac{\beta}{\gamma} \left(\frac{R}{N} \right) + \ln(N - 1) \quad (12)$$

Dado que, por la ecuación (5), el cociente entre la tasa de transmisión y la tasa de recuperación equivale, en un modelo SIR básico, al número reproductivo básico, se obtiene una ecuación que consolida toda la información para estimar a lo largo del tiempo a ρ_0 :

$$\ln(S) = -\rho_0 \left(\frac{R}{N} \right) + \ln(N - 1) \quad (13)$$

En la ecuación (13), el primer monomio del término de la derecha puede multiplicarse y dividirse simultáneamente por la población susceptible (S/S), de tal forma que, tomando en cuenta la expresión (6), se pueda obtener una segunda ecuación que permite estimar ρ_e a lo largo del tiempo:

$$\ln(S) = -R_0 \left(\frac{R}{N} \right) \left(\frac{S}{S} \right) + \ln(N - 1) = -\rho_e \left(\frac{R}{S} \right) + \ln(N - 1) \quad (14)$$

A partir de la expresión (13) y (14), puede observarse que el número reproductivo efectivo hace un ajuste en el tiempo al número reproductivo básico, según se va reduciendo la población susceptible (debido al incremento de las personas infectadas). Dado que $S_t < N$ en cada momento en el tiempo, esto implica que $\rho_0 < \rho_e$.

Al contar con información a lo largo del tiempo sobre la población susceptible (S), la población infectada (I), la población recuperada (R) —que incorpora a los recuperados netos y a la población fallecida— así como el tamaño poblacional (N)⁹, es posible, mediante regresiones lineales múltiples (mediante mínimos cuadrados ordinarios, máxima verosimilitud, u otro método), estimar el valor de los coeficientes asociados a ρ_0 y ρ_e .

Al tomar un punto de partida $t = t_0 + h$ (donde $t_0 < t_0 + h < t_0 + T$) para estimar el primer ρ_0 y el primer ρ_e correspondientes a dicho día, se pueden realizar regresiones simultáneas hasta llegar al momento $t_0 + T$. Con esto, se puede trazar la tendencia del promedio del número reproductivo básico y efectivo en los $T - h$ días restantes.

Posteriormente, con una tendencia definida, el siguiente paso consiste en realizar un pronóstico de la tendencia del número reproductivo básico y efectivo, para los $T + k$ días siguientes, posterior a la fecha de cierre de esta publicación. Se ha decidido tomar un horizonte temporal de tres semanas, por los alcances de la data disponible a la fecha. Para ello, se utilizará la modelación ARIMA de pronósticos de series de tiempo.

⁹ Las proyecciones poblacionales de DIGESTYC (2014) muestran que, en 2020, se reportaban un total de 6,765,753 habitantes en El Salvador.

4. Resultados

Para las estimaciones de la tendencia del ρ_0 y ρ_e a lo largo del tiempo, se utilizaron datos de la población susceptible, infectada, recuperada y fallecida, desde el 18 de marzo (fecha en que se reportó el primer contagio de COVID-19 en El Salvador) hasta el 7 de junio de 2020 (fecha de cierre de esta publicación). Las estimaciones se realizaron mediante mínimos cuadrados ordinados (MCO), con ajuste de errores robustos para obtener los estimadores que garantizan la varianza mínima y una mejor eficiencia de los coeficientes estimados.

Se definió como $h = 30$ para estimar el $r\rho_0$ inicial, es decir, se tomaron los primeros 30 puntos de la serie de tiempo para estimar el número básico reproductivo y efectivo. Por tanto, la primera estimación corresponde al 16 de abril de 2020, que utiliza los valores predecesores de ambas series de tiempo. Esto para contar con una muestra suficientemente grande para que la distribución probabilística de los coeficientes estimados tienda a la distribución normal (Gujarati y Porter, 2010).

Otro aspecto por destacar, en sintonía con las recomendaciones de Aleja *et al.*, (2020), es la incorporación a la modelación de dos variables dicotómicas a las ecuaciones (13) y (14), para efectos de controlar medidas externas al modelo que pudieron influir en los resultados. La primera variable dicotómica toma el valor de 1 a partir del 22 de marzo de 2020 (fecha en que se anunció la cuarentena domiciliar obligatoria a nivel nacional) y 0 en los días previos. La segunda variable dicotómica toma el valor de 1 a partir del 7 de mayo (día en que se suspende el transporte público de pasajeros), 0 en los días anteriores.

En total se ejecutaron 53 regresiones, utilizando el programa estadístico Stata: la primera regresión utilizó los datos desde el 18 de marzo hasta el 16 de abril; la segunda, desde el 18 de marzo hasta el 17 de abril; y así sucesivamente, hasta llegar al 7 de junio. Para efectos de presentación, en las tablas 1 y 2 se muestran los resultados de los modelos completos (con datos al 7 de junio), que también incorpora las variables dicotómicas anteriormente expuestas. Estos modelos dan cuenta de los valores de ρ_0 y ρ_e respectivamente.

Se observa que los coeficientes estimados asociados a las variables independientes en cada modelo (población recuperada respecto a población total y población recuperada respecto a población susceptible) equivale al valor del ρ_0 y ρ_e , respectivamente, con el signo negativo (debido a la forma de las ecuaciones A13 y A14). Por otro lado, es importante destacar todas las variables (incluyendo la constante y las dos dicotómicas) son estadísticamente significativas al 1 %.

Tabla 1. El Salvador. Resultados del modelo de regresión lineal para estimar el número reproductivo básico (R_0), al 7 de junio de 2020

Variables independientes	Coeficientes	Errores estándar robustos	Intervalos de confianza	
			Límite inferior	Límite superior
Recuperados respecto a población total	-1.963222 ***	0.0433050	-2.049436	-1.877009
Cuarentena	-0.000013 ***	0.0000012	-0.0000149	-0.0000101
Transporte	-0.000041 ***	0.0000067	-0.0000542	-0.0000274
Constante	15.727380 ***	0.0000001	15.72738	15.72738

Notas: (i) Variable dependiente: logaritmo natural de la población susceptible. (ii) Significancia de coeficientes: ***p-valor<0.01, **p-valor<0.05. (iii) Valores del modelo. Número de observaciones: 82; modelo estadísticamente en su conjunto (p-valor_F<0.01). $R^2=0.991$ (99.1 %). Los residuos presentan una distribución normal (comprobado por medio de la prueba K-S).

Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

Tabla 2. El Salvador. Resultados del modelo de regresión lineal para estimar el número reproductivo efectivo (R_e), al 7 de junio de 2020

Variables independientes	Coeficientes	Errores estándar robustos	Intervalos de confianza	
			Límite inferior	Límite superior
Recuperados respecto a susceptibles	-1.962220 ***	0.0432937	-2.048411	-1.876029
Cuarentena	-0.000013 ***	0.0000012	-0.0000149	-0.0000101
Transporte	-0.000041 ***	0.0000067	-0.0000543	-0.0000275
Constante	15.727380 ***	0.0000001	15.72738	15.72738

Notas: (i) Variable dependiente: logaritmo natural de la población susceptible. (ii) Significancia de coeficientes: ***p-valor<0.01, **p-valor<0.05. (iii) Valores del modelo. Número de observaciones: 82; modelo estadísticamente en su conjunto (p-valor<0.01). $R^2=0.992$ (99.2 %). Los residuos presentan una distribución normal (comprobado por medio de la prueba K-S).

Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

Antes de presentar de manera gráfica la evolución del número reproductivo básico y efectivo del COVID-19 en El Salvador, en la tabla 3 se resumen las estadísticas descriptivas de ambas variables. En total, la serie se compone de 53 observaciones, cuya media (para ambas cifras reportadas) equivale a 2.72 aproximadamente. Esto equivale a decir que una persona infectada puede contagiar, en promedio, a 2.7 personas susceptibles. Es importante destacar que, a la fecha, ambas cifras son muy similares dado que la proporción de susceptibles entre la población total es aproximadamente igual a $1 \left(\frac{S}{N} = 0.9995 \approx 1\right)^{10}$.

Tabla 3. El Salvador. Descriptivos del número reproductivo básico (ρ_0) y efectivo (ρ_e) estimado, del 16 de abril al 7 de junio de 2020

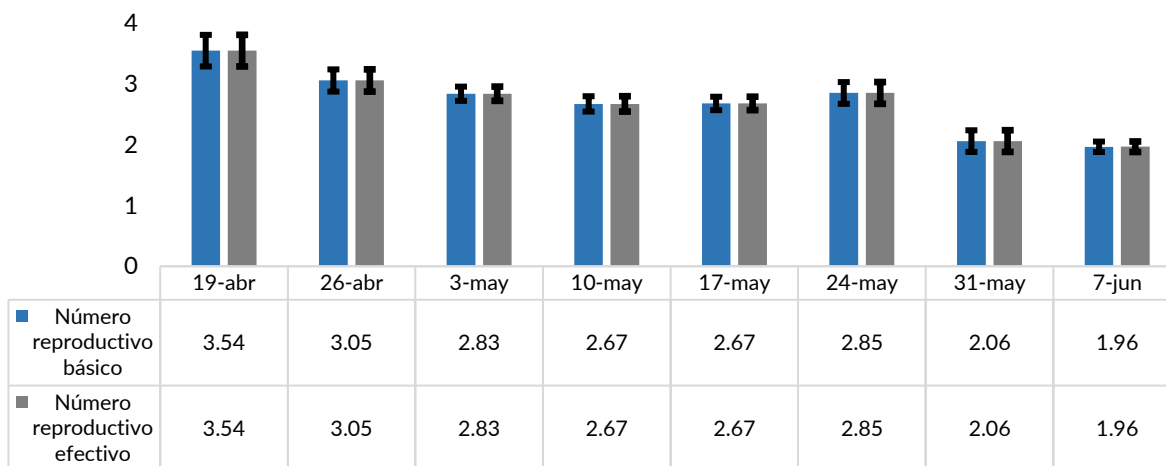
Descriptivo	Valor	
	ρ_0	ρ_e
Número de observaciones (n)	53	53
Media (μ)	2.7216	2.7212
Desviación estándar (σ)	0.4658	0.4660
Coefficiente de variación (CV= σ/μ)	17.11 %	17.13 %
Valor mínimo (R_{\min})	1.9632	1.9622
Valor máximo (R_{\max})	3.7147	3.7146

Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

Por su parte, en el gráfico 3 se presentan el número reproductivo básico y efectivo que han sido estimados, al cierre de cada domingo, durante el período analizado. Se evidencia que, a partir del 24 de mayo de 2020, ambas cifras han tendido a decrecer. Al 7 de junio, este ascendió a 1.96, es decir, una persona infectada puede contagiar en promedio a dos personas susceptibles.

¹⁰ Se recalca que estas cifras son similares, dado que se parte del supuesto del modelo SIR básico, en donde toda la población es susceptible a contagiar la enfermedad. Sin embargo, se reconocen los alcances de la plausibilidad de este supuesto. Sin embargo, una vez definida un grupo susceptible a adquirir la enfermedad, el ajuste que hace el número reproductivo efectivo es más notorio a lo largo del tiempo.

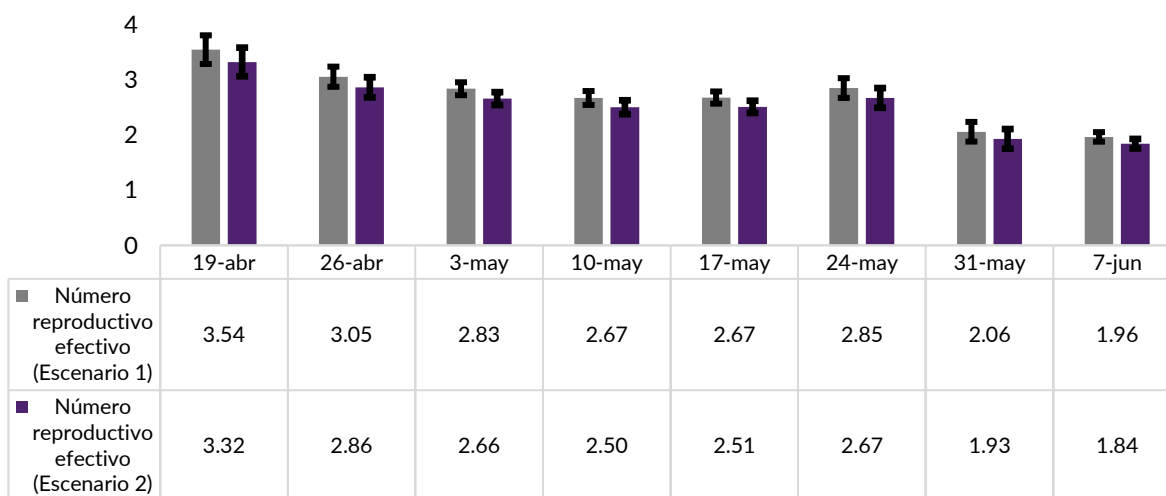
Gráfico 3. El Salvador. Número reproductivo básico y efectivo estimado, al cierre de cada fecha



Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

Para efectos de evidenciar los efectos del ajuste que hace el número reproductivo efectivo al número reproductivo básico, el gráfico 4 presenta dos escenarios del número reproductivo efectivo. El escenario 1 es el pronosticado previamente, que toma como base de la proporción entre población susceptible y población total (99.95 %), tal como se presentó en el gráfico 3. El escenario 2 parte de un ajuste en donde esta proporción es de 92.7 %, tomando como base que la población infectada ha incrementado entre el 18 de marzo y el 7 de junio a una tasa logarítmica promedio de 7.3 % (FUNDAUNGO, 2020a)¹¹. En efecto se observa que, a medida que la proporción (S/N) es menor, la diferencia entre ρ_0 y ρ_e es más notoria.

Gráfico 4. El Salvador. Número reproductivo efectivo (escenario 1 y 2), al cierre de cada fecha



Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

¹¹ Esto implica que la población susceptible se ha reducido en 7.3 %, de tal forma que la relación entre población susceptible y población total ascienda a 92.7 %. Este supuesto es únicamente para efectos ilustrativos.

Las series compuestas por las 53 observaciones permitió posteriormente hacer un pronóstico sobre la evolución del número reproductivo básico y efectivo del COVID-19, para las tres semanas posteriores a la fecha de cierre de esta publicación. Para ello, se estimó un modelo ARIMA¹² (1,1,2), con transformación logarítmica y control de valores atípicos, para estimar valores futuros de ρ_0 y ρ_e en función de sus observaciones anteriores. Los rezagos seleccionados fueron estadísticamente significativos al 5 % (ver la tabla 4).

Tabla 4. El Salvador. Modelo ARIMA (1,1,2) para pronosticar el número reproductivo básico y efectivo, del 8 al 29 de junio de 2020

Variables independientes, modelo ARIMA (1,1,2)	ARIMA para ρ_0		ARIMA para ρ_e	
	Coefficientes	Errores estándar	Coefficientes	Errores estándar
Constante	-0.036432 **	0.0173288	-0.036448 ***	0.01732571
AR(1)	0.486257 ***	0.1805164	0.486164 ***	0.18055514
MA(1)	-0.896313 ***	0.1832471	-0.896248 ***	0.18328132
MA(2)	-0.553263 ***	0.1732087	-0.553196 ***	0.17324236

Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

En el gráfico 5 y 6 se presentan los resultados los cálculos del ρ_0 y ρ_e , para los 53 días que forman la serie temporal, así como las proyecciones para los próximos 21 días. Ambas series se presentan con sus respectivos intervalos al 95 % de confianza (en líneas punteadas). El comportamiento de la serie hasta la fecha (la línea negra sólida) muestra una tendencia sutilmente decreciente, pasando de 3.71 ± 0.37 el 16 de abril a 2.85 ± 0.18 el 24 de mayo, fecha a partir de la cual empieza a registrar un descenso más pronunciado. Esto se explica en gran medida al incremento en la proporción de los casos recuperados entre el total de casos confirmados¹³, que inició justamente en la fecha anteriormente mencionada (ver el gráfico 1 y 2 para referencia).

Al 7 de junio de 2020, el ρ_0 y el ρ_e en El Salvador equivale a 1.96 ± 0.08 , todavía superior al umbral requerido de 1. Por su parte, el pronóstico del modelo ARIMA (1,1,2) muestra que, al 95 % de confianza y si las condiciones actuales no cambian¹⁴, incluso el 16 de junio de 2020 no se alcanzaría un ρ_0 y un ρ_e equivalente a 1¹⁵. Al 28 de junio, si las condiciones actuales no cambian, la estimación puntual evidencia que ambas cifras serán igual a 1.23¹⁶.

¹² La modelación se hizo en el programa estadístico SPSS. La prueba K-S indicó que los residuos se comportaban bajo una distribución normal; y los rezagos autorregresivos (AR) y de medias móviles (MA) tomados en cuenta eran estadísticamente significativos al 5 %. Para profundizar en el análisis de serie de tiempos mediante modelos ARIMA, se recomienda consultar a Gujarati y Porter (2010).

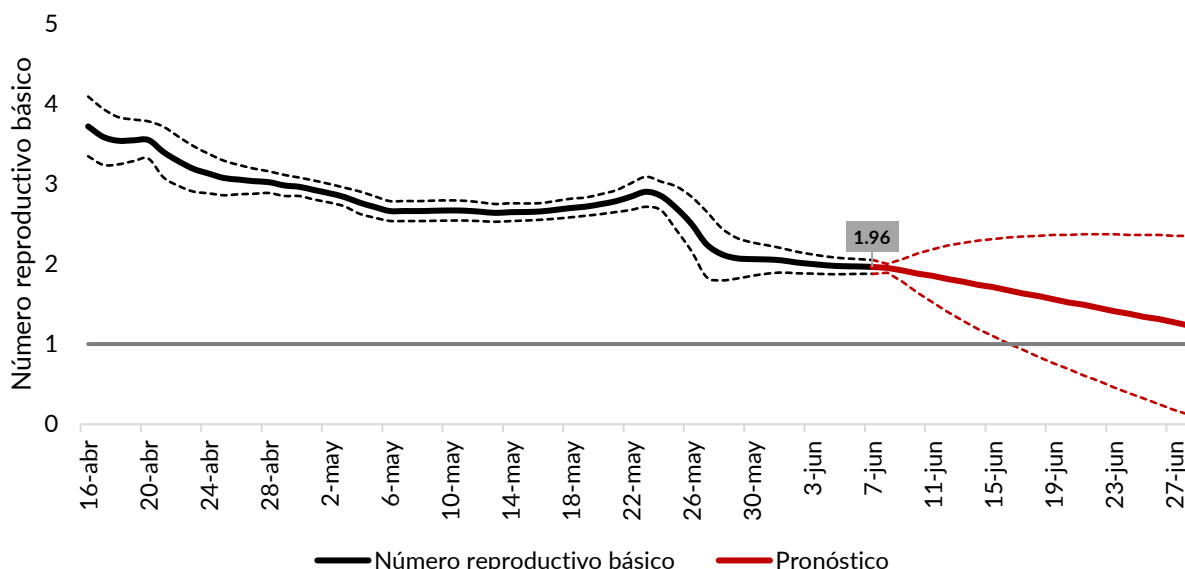
¹³ Existe una alta asociación lineal entre el ρ_0 y el porcentaje de recuperados respecto al total de casos ($\rho_{pearson} = 0.944$).

¹⁴ Tanto el modelo SIR como los modelos de pronóstico aplicados en este documento parten del supuesto de que las condiciones contextuales de confinamiento y reducción de movilidad no cambian. Cualquier cambio en variables externas al modelo pueden modificar los resultados.

¹⁵ El 16 de junio de 2020, el pronóstico muestra que se tendrá un ρ_0 y un ρ_e igual a 1.67, con un intervalo de confianza [1.01-2.33].

¹⁶ Ante otros supuestos de proporción entre población susceptible y población total, esta cifra puede tender a la baja.

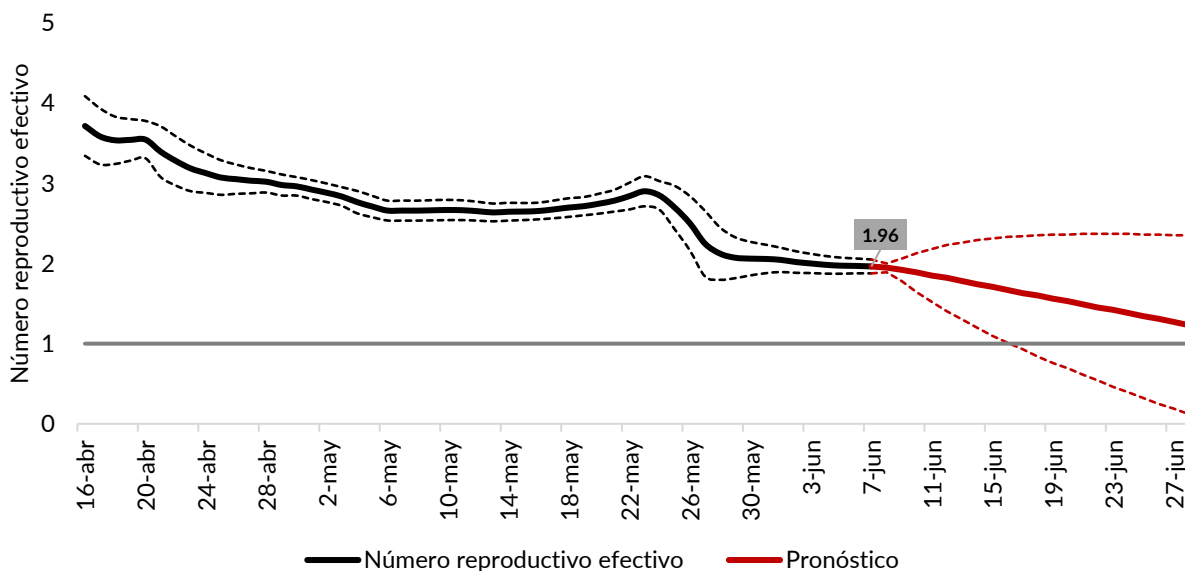
Gráfico 5. El Salvador. Estimación del número reproductivo básico del COVID-19, desde el 16 de abril hasta el 7 de junio; y pronóstico de su comportamiento, del 8 al 28 para el junio de 2020



Nota: (i) Las líneas punteadas muestran los intervalos de confianza al 95 %. En el caso del pronóstico, este intervalo se amplía a medida pasa el tiempo, dado que las estimaciones pierden efectividad al extrapolar datos. (ii) La cifra mostrada es el valor al 7 de junio de 2020. (iii) La línea gris corresponde al valor de 1, el umbral respecto al cual se contrasta el número reproductivo básico.

Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

Gráfico 6. El Salvador. Estimación del número reproductivo efectivo del COVID-19, desde el 16 de abril hasta el 7 de junio; y pronóstico de su comportamiento, del 8 al 28 para el junio de 2020



Nota: (i) Las líneas punteadas muestran los intervalos de confianza al 95 %. En el caso del pronóstico, este intervalo se amplía a medida pasa el tiempo, dado que las estimaciones pierden efectividad al extrapolar datos. (ii) La cifra mostrada es el valor al 7 de junio de 2020. (iii) La línea gris corresponde al valor de 1, el umbral respecto al cual se contrasta el número reproductivo básico.

Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

5. Utilidad del número reproductivo básico y bondad de ajuste de las estimaciones

A partir de las EDO del modelo SIR y de los resultados de la evolución del R_0 para El Salvador, se pueden estimar sus parámetros β y γ . Con ello, a su vez, puede (i) estimarse el comportamiento teórico de la población infectada, recuperada y fallecida a la fecha¹⁷, y (ii) contrastar este comportamiento teórico con los valores observados en el período analizado.

No obstante, tal como se visualizaba en la figura 1, el modelo SIR original incluye entre la población recuperada (R) tanto a los recuperados netos (R_n) como a la población fallecida (F) (Aleja *et al.*, 2020), es decir, $R = R_n + F$. Dado que un interés en materia de salud pública es conocer la evolución independiente de la población recuperada neta y la población fallecida, partiendo de la ecuación (3) se incorporó una desagregación matemática de la población recuperada neta y la población fallecida, de la siguiente manera:

$$Rn' = \gamma_{Rn}I \quad (15)$$

$$F' = \gamma_F I \quad (16)$$

Donde:

$$R' = Rn' + F' \quad (17)$$

$$\gamma = \gamma_{Rn} + \gamma_F \quad (18)$$

Al utilizar las ecuaciones anteriores, se estimaron los parámetros β y γ (y sus respectivas desagregaciones en γ_{Rn} y γ_F), así como otros parámetros relevantes, al 7 de junio de 2020. Los resultados se presentan en la tabla 5¹⁸. Con estos parámetros se estiman las curvas teóricas de la población acumulada infectada, recuperada y fallecida, desde el 15 de marzo al 7 de junio de 2020.

Tabla 5. El Salvador. Valor de los parámetros del modelo SIR al 7 de junio de 2020

Parámetro	Valor
Número reproductivo básico (R_0)	1.9622
Tasa de transmisión (β)	0.0600
Tasa de recuperación (γ)	0.0306
Tasa de recuperación neta (γ_{Rn})	0.0298
Tasa de fallecidos (γ_F)	0.0008
Proporción susceptibles entre población total (S/N)	0.9995
Número reproductivo básico (R_e)	1.9612

Nota: (i) Se muestran los valores aproximados a 4 cifras decimales. Al utilizar todos los decimales, se cumple que $R_0 = \beta / \gamma$.

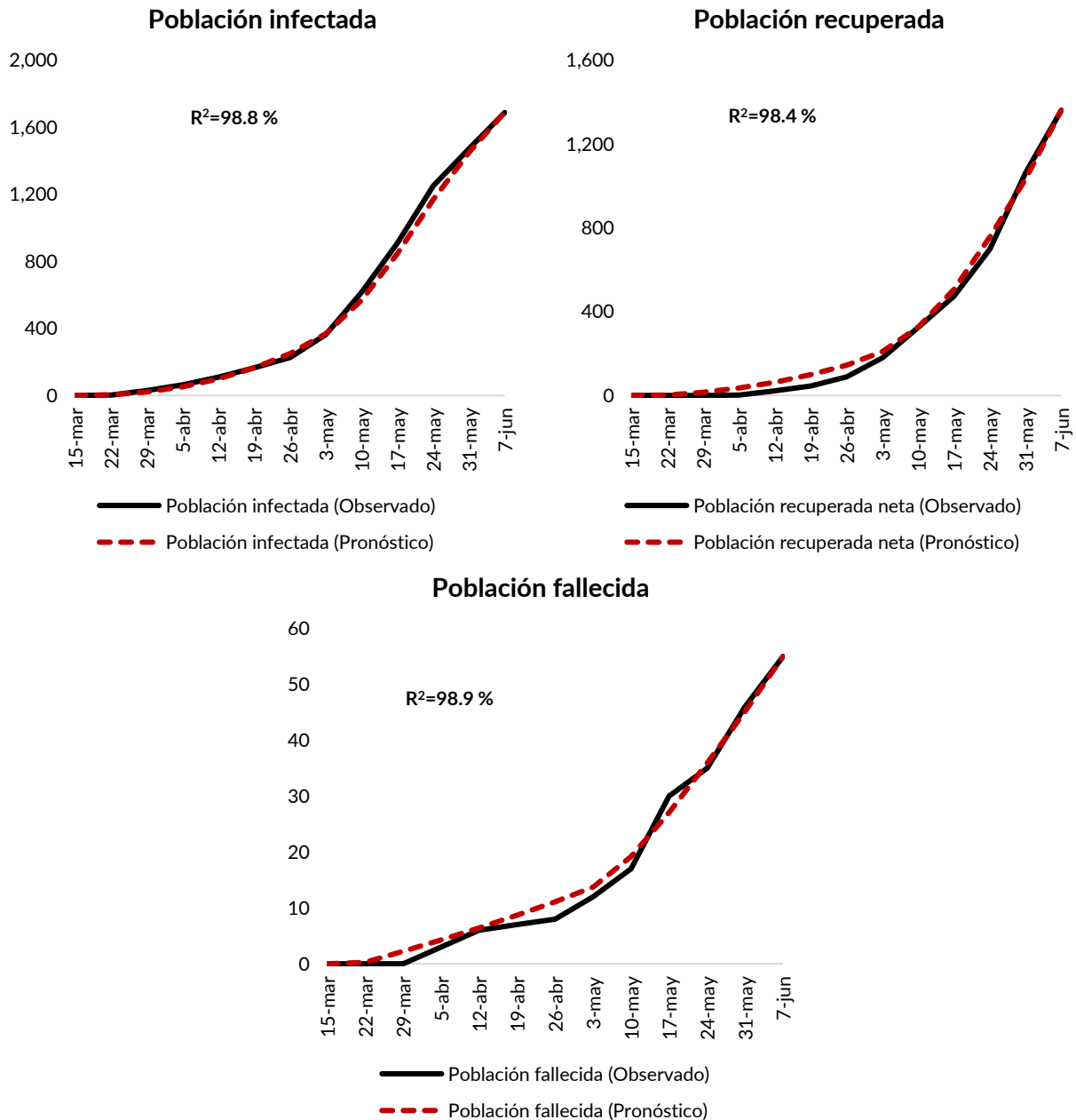
Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

¹⁷ No es el objetivo de este documento de trabajo pronosticar el comportamiento futuro de la población infectada, recuperada y fallecida. Este apartado se limita a comparar la bondad de ajuste para mostrar la efectividad de las estimaciones hechas.

¹⁸ Estos resultados pueden ser diferentes a valores manejados por otras publicaciones que incorporan a población expuesta o alguna otra ampliación del modelo SIR básico que se utiliza en este documento.

Asimismo, se contrastan las estimaciones con los valores observados en dicho período. La comparación se presenta en el gráfico 7. La curva estimada se ajusta con bastante cercanía a la tendencia real de las cifras (los R^2 son superiores al 98 %), lo que muestra que las estimaciones describen, a la fecha, con relativa exactitud el comportamiento de las tres poblaciones analizadas.

Gráfico 7. Población infectada, recuperada y fallecida (valor observado y valor estimado por modelo SIR), del 15 de marzo al 7 de junio de 2020



Fuente: cálculos propios con base en información recolectada de la plataforma oficial del GOES (covid19.gob.sv) y DIGESTYC (2014).

6. Consideraciones finales

Los resultados del cálculo del ρ_0 y del ρ_e para el caso de El Salvador muestra que existe una tendencia sutilmente decreciente, pasando ambos de 3.71 ± 0.37 el 16 de abril a 2.85 ± 0.18 para el 24 de mayo, fecha a partir de la cual empieza a registrar un descenso más pronunciado. Al 7 de junio de 2020, el R_0 y el R_e en El Salvador equivale a 1.96 ± 0.08 .

La media reportada durante el período es de 2.72. En otras palabras, en promedio para el período desde el 16 de abril al 7 de junio, el número reproductivo básico del COVID-19 en El Salvador muestra que una persona infectada, potencialmente, podía contagiar a un poco menos de 3 personas sanas.

Según las estimaciones puntuales de los pronósticos, en las próximas tres semanas aún no se alcanzará el umbral de 1 (no obstante, se debe tomar en cuenta los intervalos de confianza y posibles cambios en el contexto de cuarentena domiciliar). Esto indica que, si bien la proporción de población recuperada se ha mantenido estable en la última semana, en los escenarios vigentes el número neto de personas contagiadas al día supera —en términos promedio— a la población recuperada. Este aspecto debe ser tomado en cuenta para la planificación de una flexibilización a las medidas de aislamiento y contención a implementar en El Salvador.

No obstante, al tratarse de un modelo teórico que parte de supuestos sobre el comportamiento de las poblaciones analizadas, las estimaciones deben estar en continua revisión, ante posibles cambios de tendencia ocasionados por posibles rebrotes de la enfermedad o cambios en el actual contexto. Por ello es importante dar continuo seguimiento a estas cifras.

Asimismo, la estimación del ρ_0 y ρ_e dependen en gran medida de la calidad y disponibilidad oportuna de data oficial sobre la evolución del COVID-19 en el territorio nacional. Este análisis debe extenderse a nivel departamental y municipal, pues dinámicas territoriales diferenciadas pueden incidir en la propagación del COVID-19. Sin embargo, a la fecha, la plataforma oficial gubernamental no ofrece cifras de los casos activos, recuperados y fallecidos, desagregadas por departamento y municipio. Contar con esta información es de vital importancia para precisar los cálculos de estos parámetros de salud pública, para la toma de decisiones, considerando las dinámicas contextuales de cada subregión.

También se reconoce las limitantes del modelo SIR básico utilizado en este documento, en cuanto a que no incorpora a una población expuesta, tal como lo hace el modelo SEIR (Aleja et al., 2020). Futuros esfuerzos, además, deberán incorporar el período de incubación del virus, así como otros parámetros para precisar el cálculo parámetros relevantes. No obstante, se espera que este documento sea una contribución para posicionar la importancia de la medición del ρ_0 y del ρ_e en El Salvador.

Referencias bibliográficas

- Aleja, D., Criado, R. y Romance, M. (2020). Modelo SEIR para el Coronavirus COVID-19. Departamento de Matemática Aplicada, Ciencia e Ingeniería de los Materiales y Tecnología Electrónica. Madrid: Universidad Rey Juan Carlos.
- Banco Interamericano de Desarrollo (BID, 2020a). El impacto del COVID-19 en las economías de la región. Disponible en: <https://bit.ly/2TXvnOI>
- Banco Interamericano de Desarrollo (BID, 2020b). La política pública frente al COVID-19: Recomendaciones para América Latina y el Caribe. Washington, D.C: BID. DOI: <http://dx.doi.org/10.18235/0002302>
- Chiang, A. y Wainwright, K. (2006). Métodos fundamentales de economía matemática. [Cuarta edición] México: McGraw-Hill Interamericana.
- Colegio Médico de El Salvador (2020a). Análisis de tendencia y proyecciones. Cuarentena, aislamiento y manejo hospitalario. Recomendaciones. Observatorio Médico COVID-19 [Boletín 4, 22/05/2020]. San Salvador: Colegio Médico de El Salvador.
- Colegio Médico de El Salvador (2020b). Estrategias de vigilancia y uso del número básico de reproducción del COVID-19 en El Salvador. Medidas a implementar. Observatorio Médico COVID-19 [Boletín 3, 15/05/2020]. San Salvador: Colegio Médico de El Salvador.
- Dirección General de Estadística y Censos (DIGESTYC, 2014). El Salvador: Estimaciones y proyecciones de población nacional (2005 – 2050) y a nivel departamental (2005-2025). (Revisión 2014). San Salvador: Ministerio de Economía.
- El Diario de Hoy (17 de mayo de 2020). La velocidad de contagio del COVID-19 aumentó a inicios de mes, según UFG. [Versión digital]. Disponible en: <https://www.elsalvador.com/eldiariodehoy/covid-19-aumento-inicios-mes-ufg/715289/2020/>
- FUNDAUNGO (2020a). Evolución de casos de Covid-19 en El Salvador, del 14 de marzo al 7 de junio de 2020. San Salvador: FUNDAUNGO.
- FUNDAUNGO (2020b). Evolución de casos de Covid-19 en El Salvador, del 14 de marzo al 24 de mayo de 2020. San Salvador: FUNDAUNGO.
- Gujarati, D. y Porter, D. (2010). Econometría [5ª edición]. Ciudad de México: McGraw Hill.
- Organización Panamericana de la Salud (OPS, 2020). La OMS caracteriza a COVID-19 como una pandemia. 11 de marzo de 2020, Washington, D.C.: OPS/OMS. Disponible en: <https://bit.ly/3ccfgei>
- Picardo Joao, O., Cuéllar-Marchelli, H., Cladellas, J., Humberstone, J., Luna, O., Vidri, R. (2020). El Salvador y el COVID19: Modelos matemáticos, datos y perspectivas. San Salvador: UFG Editores.
- Ridenhour, B., Kowalik, J. y Shay, D. (2015). El número reproductivo básico (R_0): consideraciones para su aplicación en la salud pública. Rev Panam Salud Pública 38(2). [Traducido al español por Pan American Journal of Public Health] DOI: 10.2105/AJPH.2013.301704
- Universidad de El Salvador (2020). Centro de Modelamiento Matemático: Dashboard COVID-19. Disponible en: <https://cmm-covid19.shinyapps.io/CMM-COVID19/>
- Velasco-Hernández J. y Leite M. (2011) A model for the A(H1N1) epidemic in Mexico, including social isolation. Salud Publica Mex 2011; 53:40-47.

Anexos

Anexo 1. Propuesta de solución matemática del sistema de ecuaciones diferenciales del modelo SIR

A continuación, se presenta una propuesta de resolución (de propia autoría) del sistema de ecuaciones diferenciales ordinales que conforma el modelo SIR, a partir del método de determinantes y tomando en cuenta las condiciones iniciales del sistema.

Tal como se ha planteado en este documento de trabajo, el modelo SIR básico está compuesto por tres ecuaciones diferenciales, que dependen del tiempo (t), para explicar el comportamiento de la población susceptible (S), infectada (I) y recuperada (R). Estas ecuaciones pueden expresarse, por medio del operador de diferencias (D), de la siguiente manera:

$$D(S) = -\beta \left(\frac{S}{N}\right) I \quad (A1)$$

$$D(I) = \beta \left(\frac{S}{N}\right) I - \gamma I \quad (A2)$$

$$D(R) = \gamma I \quad (A3)$$

Dado que en el momento t_0 , toda la población (N) está conformada por un individuo infectado, ninguno recuperado, mientras que el resto son susceptibles, las cuatro condiciones iniciales del sistema son las siguientes:

$$S_0 = N - 1 \quad (A4)$$

$$I_0 = 1 \quad (A5)$$

$$R_0 = 0 \quad (A6)$$

$$N = S + I + R \quad (A7)$$

Por otro lado, debe recordarse que el número reproductivo efectivo, parámetro en el modelo SIR, es definido de la siguiente forma:

$$\rho_e = \left(\frac{\beta}{\gamma}\right) \left(\frac{S}{N}\right) \quad (A8)$$

Si se multiplica el primer monomio de la derecha de las ecuaciones (A1) y (A2) por la expresión γ/γ (equivale a 1, por lo que no altera el valor de la expresión), ambas ecuaciones pueden redefinirse tal como se plantea a continuación:

$$D(S) = -\beta \left(\frac{I}{N}\right) S = -\gamma \left(\frac{\beta}{\gamma}\right) \left(\frac{S}{N}\right) I = -\gamma \rho_e I \quad (A9)$$

$$D(I) = \beta \left(\frac{S}{N}\right) I - \gamma I = \gamma \left(\frac{\beta}{\gamma}\right) \left(\frac{S}{N}\right) I - \gamma I = \gamma \rho_e I - \gamma I = \gamma(\rho_e - 1)I \quad (A10)$$

Es decir, se reexpresa el sistema de EDO en función de la tasa de recuperación, el número reproductivo efectivo y la población infectada. En este sentido, las ecuaciones del modelo SIR pueden despejarse, dejándolas igualadas a 0:

$$D(S) + \gamma\rho_e I = 0 \quad (A11)$$

$$D(I) - \gamma(\rho_e - 1)I = 0 \quad (A12)$$

$$D(R) - \gamma I = 0 \quad (A13)$$

Lo anterior permite expresar el sistema de EDO en su forma matricial para facilitar su manejo:

$$\begin{bmatrix} D & \gamma\rho_e & 0 \\ 0 & D - \gamma(\rho_e - 1) & 0 \\ 0 & -\gamma & D \end{bmatrix} \begin{bmatrix} S \\ I \\ R \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad (A14)$$

Bajo esta expresión (A14), la solución del sistema estará dada por el determinante de la matriz cuadrada (3x3) que nulifica simultáneamente las tres ecuaciones. Los valores que hacen 0 a este determinante corresponden a las raíces soluciones del sistema SIR. Bajo el método de Cramer, se demuestra que el determinante de la matriz cuadrada toma la siguiente forma:

$$D^2(D - \gamma(\rho_e - 1)) = 0 \quad (A15)$$

Al plantear la ecuación característica que da solución al sistema, por el método de determinantes, la expresión (A15) se replantea de la siguiente manera:

$$r^2(r - \gamma(\rho_e - 1)) = 0 \quad (A16)$$

De la ecuación (A16) se deduce el valor de las tres raíces (r_i) que nulifican el determinante de la matriz cuadrada de la expresión (A14):

$$r_1 = 0; \quad r_2 = 0; \quad r_3 = \gamma(\rho_e - 1) \quad (A17)$$

La expresión (A17) devela que el comportamiento de las funciones de la población susceptible, infectada y recuperada dependen de la tasa de recuperación de la enfermedad (γ) del número reproductivo efectivo (ρ_e), que a su vez depende de β y γ .

Con esta información, pueden plantearse las ecuaciones implícitas de las tres funciones en sus niveles (y no en notación con el operador de diferencias), que dependen del tiempo y cuyos parámetros iniciales son seis constantes de integración (c_i) y la raíz solución del determinante [$\gamma(\rho_e - 1)$]:

$$S = c_1 + c_2 e^{\gamma(\rho_e - 1)t} \quad (A18)$$

$$I = c_3 + c_4 e^{\gamma(\rho_e - 1)t} \quad (A19)$$

$$R = c_5 + c_6 e^{\gamma(\rho_e - 1)t} \quad (A20)$$

Al utilizar las condiciones iniciales del modelo (A4, A5, A6 y A7), es posible determinar el valor de las seis constantes. Para esto, se tomarán las ecuaciones implícitas en (A18), (A19) y (A20) y se sustituirán en cada ecuación particular transformadas del modelo SIR (expresadas en A11, A12 y A13).

El primer paso consiste en encontrar el valor de las constantes en la ecuación de la población susceptible (expresión A18). Para esto, se toma la ecuación (A11) y se sustituyen los valores:

$$D(S) = -\gamma\rho_e I$$

$$c_2\gamma(\rho_e - 1)e^{\gamma(\rho_e-1)t} = -\gamma\rho_e(c_3 + c_4e^{\gamma(\rho_e-1)t}) \quad (A21)$$

Para que la expresión anterior sea verdadera, necesariamente debe cumplirse lo siguiente para las constantes involucradas:

$$c_2 = -\frac{\rho_e c_4}{(\rho_e - 1)} \quad (A22) \quad c_3 = 0 \quad (A23)$$

El segundo paso consiste en encontrar el valor de la constante restante en la ecuación de la población infectada (c_4 en A19), recordando que previamente ya se encontró que $c_3 = 0$ (A23). Para ello, se recuerda la condición inicial (A5) en donde, en el momento inicial, solamente se reporta una persona infectada ($I_0 = 1$). Al evaluar esta condición en (A19) se tiene que la constante c_4 es igual a 1:

$$I = c_4 e^{\gamma(\rho_e-1)t}$$

$$1 = c_4 e^{\gamma(\rho_e-1)0}$$

$$c_4 = 1 \quad (A24)$$

Luego, se deben encontrar los valores de las constantes en la ecuación de la población recuperada. Para esto, se toma la ecuación (A13) y se sustituyen los valores:

$$D(R) = \gamma I$$

$$c_6\gamma(\rho_e - 1)e^{\gamma(\rho_e-1)t} = \gamma c_4 e^{\gamma(\rho_e-1)t} \quad (A25)$$

Para que lo anterior se cumpla, la constante c_6 necesariamente equivale a la siguiente expresión:

$$c_6 = \frac{c_4}{(\rho_e - 1)} \quad (A26)$$

Mientras que, para encontrar el valor de la última constante de la ecuación de la población recuperada (c_5 en A20), basta con evaluarla en su condición inicial (A6) y sustituir la expresión (A26):

$$R = c_5 + c_6 e^{\gamma(\rho_e-1)t}$$

$$0 = c_5 + \frac{c_4}{(\rho_e - 1)} e^{\gamma(\rho_e-1)0}$$

$$0 = c_5 + \frac{c_4}{(\rho_e - 1)}$$

$$c_5 = -\frac{c_4}{(\rho_e - 1)} \quad (A27)$$

Finalmente, al tomar la condición inicial (A7) se puede encontrar el valor de la constante c_1 :

$$N = S + I + R$$

$$N = \left[c_1 - \frac{\rho_e c_4}{(\rho_e - 1)} e^{\gamma(\rho_e - 1)t} \right] + \left[c_4 e^{\gamma(\rho_e - 1)t} \right] + \left[\frac{c_4}{(\rho_e - 1)} e^{\gamma(\rho_e - 1)t} - \frac{c_4}{(\rho_e - 1)} \right]$$

$$N = \left[c_1 - \frac{c_4}{(\rho_e - 1)} \right] + \left[\frac{c_4(\rho_e - 1) - c_4(\rho_e - 1)}{(\rho_e - 1)} e^{\gamma(\rho_e - 1)t} \right]$$

$$c_1 = N + \frac{c_4}{(\rho_e - 1)} \quad (A28)$$

Al considerar la expresión (A24), a continuación se presentan las expresiones específicas que definen las seis constantes, en función de los parámetros del modelo (ρ_e, γ y N):

Valor de las constantes del modelo SIR		
$c_1 = N + \frac{1}{(\rho_e - 1)}$	$c_2 = -\frac{\rho_e}{(\rho_e - 1)}$	$c_3 = 0$
$c_4 = 1$	$c_5 = -\frac{1}{(\rho_e - 1)}$	$c_6 = \frac{1}{(\rho_e - 1)}$

Con estas constantes definidas, y después de ordenar sus respectivos términos, se pueden plantear de forma explícita las ecuaciones en niveles de la población susceptible (S), infectada (I) y recuperada (R):

Ecuaciones de nivel del modelo SIR
$S = N - \frac{1}{(\rho_e - 1)} [\rho_e e^{\gamma(\rho_e - 1)t} - 1]$
$I = e^{\gamma(\rho_e - 1)t}$
$R = \frac{1}{(\rho_e - 1)} [e^{\gamma(\rho_e - 1)t} - 1]$

Para corroborar que las expresiones anteriores corresponden a una posible definición de las ecuaciones de nivel del modelo SIR, basta con derivar cada una respecto al tiempo (t) y revertir las sustituciones, para el caso de la población infectada y del número reproductivo efectivo:

Ecuaciones diferenciales del modelo SIR en función de sus parámetros	
$S' = \frac{\partial S}{\partial t} = -\frac{\rho_e \gamma (\rho_e - 1)}{(\rho_e - 1)} e^{\gamma(\rho_e - 1)t} = -\rho_e \gamma e^{\gamma(\rho_e - 1)t} = -\left(\frac{\beta}{\gamma}\right) \left(\frac{S}{N}\right) I$	$\rightarrow S' = -\beta \left(\frac{S}{N}\right) I$
$I' = \frac{\partial I}{\partial t} = \gamma (\rho_e - 1) e^{\gamma(\rho_e - 1)t} = \gamma \left(\frac{\beta}{\gamma}\right) \left(\frac{S}{N}\right) I - \gamma I$	$\rightarrow I' = \beta \left(\frac{S}{N}\right) I - \gamma I$
$R' = \frac{\partial R}{\partial t} = \frac{\gamma (\rho_e - 1)}{(\rho_e - 1)} e^{\gamma(\rho_e - 1)t} = \gamma e^{\gamma(\rho_e - 1)t}$	$\rightarrow R' = \gamma I$



Fundación Dr. Guillermo Manuel Ungo