



**HAL**  
open science

# Estimación de casos no reportados de infectados de COVID-19 en Chile, el Maule y la Araucanía durante marzo de 2020

Monica Candia Reyes, Gastón Vergara-Hermosilla

► **To cite this version:**

Monica Candia Reyes, Gastón Vergara-Hermosilla. Estimación de casos no reportados de infectados de COVID-19 en Chile, el Maule y la Araucanía durante marzo de 2020. 2020. hal-02560526v2

**HAL Id: hal-02560526**

**<https://hal.science/hal-02560526v2>**

Preprint submitted on 18 May 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

# Estimación de casos no reportados de infectados de COVID-19 en Chile, el Maule y la Araucanía durante marzo de 2020

## Estimation of unreported cases of COVID-19 infected in Chile, Maule and Araucanía, during March 2020

**Mónica Candia Reyes**

Independiente

e-mail: mcandiareyes.ts@gmail.com

**Gastón Vergara-Hermosilla\***

Institut de Mathématiques de Bordeaux, Université de Bordeaux, Francia

e-mail: gaston.vergara@u-bordeaux.fr

### Resumen

Estudiamos los datos acumulativos de casos reportados durante marzo de 2020 de contagios por COVID-19 en Chile, que nos brinda información valiosa para establecer parámetros para proveer la estimación de los casos no reportados de portadores del virus. Implementaremos el modelo matemático propuesto por Liu et al. [5], en la realidad Chilena, con el fin de realizar una estimación de los casos de individuos contagiados con este nuevo coronavirus que no han sido reportados, tomando en cuenta individuos contagiados que presentan síntomas leves y casos de individuos asintomáticos portadores del virus.

### Abstract

We study the cumulative data of cases reported during March 2020 of COVID-19 infections in Chile, which gives us valuable information to establish parameters to provide the estimation of unreported cases of virus carriers. We implement the mathematical model proposed by Liu et al. [5], in the Chilean reality, in order to estimate the cases of individuals infected with this new coronavirus that have unreported, taking into account infected individuals presenting mild symptoms and cases of asymptomatic individuals carrying the virus.

---

\*Parcialmente financiado por European Union's Horizon 2020 research bajo el proyecto de innovación Marie Skłodowska-Curie N° 765579.

# 1 Introducción

Es bien sabido que se produjo un brote epidémico de un nuevo coronavirus humano, denominado COVID-19, en Wuhan, China. Los primeros casos se detectaron a fines de diciembre 2019 y, para el 31 de enero de 2020, se habían reportado más de 11790 casos en China [1], mientras que en Chile el primer caso fue notificado en la comuna de Talca el día 3 de marzo de 2020 [4]. Los primeros informes indican que la transmisión de COVID-19 puede producirse de un individuo infeccioso que aún no presenta síntomas [2]. Evidentemente, tales casos infecciosos asintomáticos no se informan a las autoridades sanitarias, lo cual resulta ser una falencia al momento de estimar el número real de contagiados. Si ponemos atención a los brotes epidémicos de influenza, los casos reportados son típicamente solo una fracción del número total de individuos infecciosos sintomáticos. Para la epidemia actual en Chile, hemos visto los cuestionables esfuerzos de las autoridades de salud pública con tal de reducir el número de casos reportados y no reportados. De ésta manera surge nuestro objetivo de contribuir a estimar los casos no reportados usando los datos oficiales existentes de Chile referentes a marzo de 2020 y un modelo matemático, desarrollado por Liu et al. [5], que recupera de los datos de casos reportados, el número de casos no reportados para la epidemia de COVID-19. Notemos que para esta epidemia se han desarrollado diversos enfoques de modelado matemático que no consideran casos no reportados, entre los cuales destacamos el trabajo realizado en [3].

# 2 El modelo

Para llevar a cabo nuestras estimaciones consideramos el modelo introducido por Liu et al. [5], el cual consiste del siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{cases} S'(t) = -\tau S(t)[I(t) + U(t)] \\ I'(t) = \tau S(t)[I(t) + U(t)] - vI(t) \\ R'(t) = v_1 I(t) - \eta R(t) \\ U'(t) = v_2 I(t) - \eta U(t) \end{cases} \quad (1)$$

En el modelo,  $t \geq t_0$  corresponde al tiempo en días, siendo  $t_0$  la fecha de inicio de la epidemia en la zona de estudio, mientras que  $S(t)$  denota el número de individuos susceptibles a infección en el tiempo  $t$ ,  $I(t)$  es el número de individuos que no presentan síntomas,  $R(t)$  es el número de individuos infectados reportados en el tiempo  $t$ , y  $U(t)$  es el número de casos infectados no reportados en el tiempo  $t$ . El sistema es suplementado con datos iniciales

$$S(t_0) = S_0 > 0, \quad I(t_0) = I_0 > 0, \quad R(t_0) = 0 \quad \text{y} \quad U(t_0) = U_0 \geq 0. \quad (2)$$

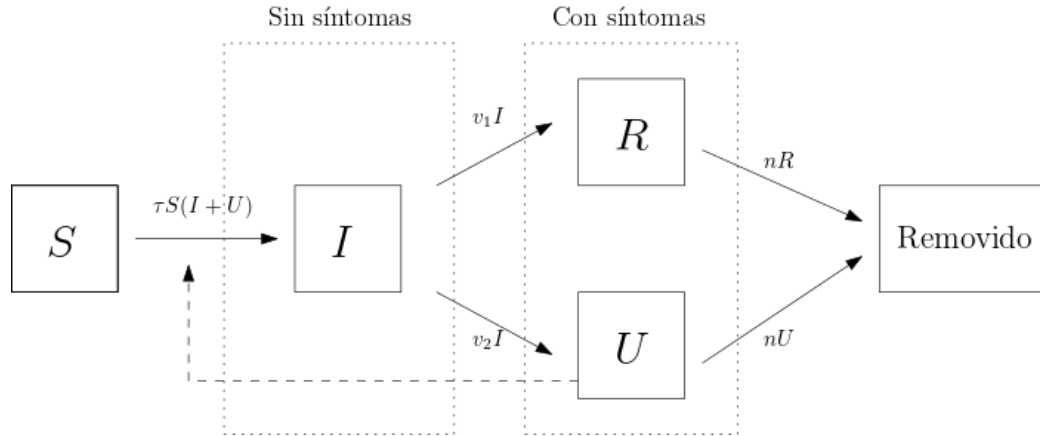


Figura 1: Diagrama de flujo

En la Tabla 1 listamos los parámetros del modelo.

Símbolo	Interpretación
$t_0$	Tiempo en el que comienza la epidemia en una zona determinada
$S_0$	Número de individuos susceptibles a la enfermedad en el tiempo $t_0$
$I_0$	Número de individuos sin síntomas infecciosos en el tiempo $t_0$
$U_0$	Número de individuos infectados no reportados en el tiempo $t_0$
$\tau$	Tasa de transmisión
$1/v$	Tiempo promedio durante el cual los infecciosos asintomáticos son asintomáticos
$f$	Fracción de infectados asintomáticos que se convierten en infecciosos sintomáticos
$v_1 = fv$	Tasa a la cual los casos asintomáticos infectados se convierten en sintomáticos
$v_2 = (1 - f)v$	Tasa a la cual los asintomáticos infectados se vuelven sintomáticos no reportados
$1/n$	Tiempo promedio en el cual un individuo sintomático infectado presenta síntomas

Tabla 1: Parámetros y condiciones iniciales del modelo.

En lo que sigue usaremos tres conjuntos de datos de casos acumulativos reportados de infectados por COVID-19, dados en la Tabla 2, para modelar la epidemia durante marzo en Chile, en la región del Maule y la región de Araucanía.

marzo día	Chile	Maule	Araucanía
3	1	1	0
4	3	2	0
5	4	2	0
6	5	2	0
7	7	2	0
8	10	3	0
9	15	4	0
10	17	5	0
11	23	7	0
12	33	7	0
13	43	8	0
14	61	9	0
15	75	9	0
16	156	9	1
17	201	9	1
18	238	11	4
19	342	14	7
20	434	14	9
21	537	15	15
22	632	25	27
23	746	28	40
24	922	29	59
25	1142	30	74
26	1306	31	111
27	1610	32	143
28	1909	37	177
29	2139	42	205
30	2449	54	249
31	2738	62	302

Tabla 2: Casos acumulativos reportados de infectados por COVID-19 en Chile, región del Maule y región de la Araucanía [6].

### 3 Comparación del modelo con los datos

Para los brotes de la enfermedad de influenza, los parámetros  $\tau$ ,  $v$ ,  $v_1$ ,  $v_2$ ,  $n$ , así como las condiciones iniciales  $S(t_0)$ ,  $I(t_0)$  y  $U(t_0)$ , generalmente son desconocidos, sin embargo es posible identificarlos a partir de datos de tiempo específicos de casos infecciosos sintomáticos reportados. En síntesis, supondremos que la tasa de eliminación  $v$  toma la siguiente forma:  $v = v_1 + v_2$ , donde  $v_1$  es la tasa de eliminación de individuos infecciosos sintomáticos reportados, y  $v_2$  es la tasa de eliminación de individuos infecciosos sintomáticos no reportados debido a otras causas, como síntomas leves u otras razones. El número acumulado de casos infecciosos sintomáticos notificados en el momento  $t$ , el cual es denotado por  $CR(t)$  y está dado por

$$CR(t) = v_1 \int_{t_0}^t I(s) ds. \quad (3)$$

Siguiendo el método usado por Liu et al., asumiremos que  $CR(t)$  tiene la forma:

$$CR(t) = x_1 \exp(x_2 t) - x_3. \quad (4)$$

Por simplicidad asumiremos que  $x_3 = 1$  mientras que los valores de  $x_1$  y  $x_2$  serán ajustados a los datos acumulados de casos reportados en la fase temprana de la epidemia, cuando se reconoce que  $CR(t)$  crece exponencialmente (es decir, usaremos un ajuste exponencial de  $x_1 \exp(x_2 t)$  para ajustar los datos  $CR(t)$ ).

Asumiremos que el valor inicial  $S_0$  corresponde a la población total de la zona en cuestión, es decir Chile, región del Maule y la región de la Araucanía. Supondremos que la variación  $S(t)$  es pequeña durante el período considerado. Por otro lado fijaremos los valores de  $v$ ,  $n$  y  $f$ . Las otras condiciones iniciales están dadas por

$$I_0 = \frac{x_2}{f(v_1 + v_2)}, \quad U_0 = \left( \frac{(1-f)(v_1 + v_2)}{n + v_2} \right) I_0, \quad R_0 = 1,0 \quad (5)$$

A continuación presentaremos simulaciones numéricas y compararemos con los datos.

Parámetro	$x_1$	$x_2$	$x_3$	$t_0$
Chile	11,79	0,19	1	2,7
Maule	1,80	0,12	1	7,71
Araucanía	4,8	0,26	1	2,1

Tabla 3: Estimación de los parámetros  $x_1$ ,  $x_2$ ,  $x_3$  y  $t_0$  a partir de los datos de casos acumulados en la Tabla 2.

**Observación 1** *Referente a los tiempos considerados en la Tabla 3, el tiempo  $t = 0$  corresponde al 3 de marzo de 2020 para los casos de Chile y de la región del Maule, mientras que para la región de la Araucanía corresponde al 16 de marzo. Así, en la Tabla 3, el valor  $t_0 = 2,7$  significa que el tiempo de inicio de la epidemia es el 5 de marzo para Chile, el valor  $t_0 = 7,71$  significa que el tiempo de inicio de la epidemia es el 10 de marzo en la región del*

Maule, y  $t_0 = 2,1$  significa que el tiempo de inicio de la epidemia es el 18 de marzo en la región de la Araucanía.

En lo que sigue, fijaremos la fracción  $f$  de los casos infecciosos sintomáticos que se informan. Suponemos que se informa entre 60% y 100% de los casos infecciosos, por lo cual  $f$  varía entre 0,6 y 1. Supondremos que  $1/v$ , el tiempo promedio durante el cual los pacientes son infecciosos asintomáticos varía entre 1 día y 7 días. Suponemos que  $1/n$  el tiempo promedio durante el cual un paciente es infeccioso sintomático, varía entre 1 día y 7 días. Así, al conocer  $f$  y  $v$ , tenemos

$$v_1 = fv \quad y \quad v_2 = (1 - f)v. \quad (6)$$

Para concluir esta sección presentamos las siguientes fórmulas derivadas en [5], las cuales entregan información relevante para nuestras simulaciones numéricas.

- El valor de la velocidad de transmisión es el valor constante

$$\tau = \left( \frac{x_2 + v}{S_0} \right) \left( \frac{n + x_2}{v_2 + n + x_2} \right). \quad (7)$$

- El tiempo inicial para el comienzo de la primera fase de crecimiento exponencial es

$$t_0 = -\frac{1}{x_2} \cdot \log(x_1). \quad (8)$$

- El valor del número reproductivo básico esta dado por

$$\mathcal{R}_0 = \left( \frac{\tau S_0}{v_1 + v_2} \right) \left( 1 + \frac{v_2}{n} \right). \quad (9)$$

## 4 Simulaciones numéricas

Podemos encontrar múltiples valores de  $n$ ,  $v$  y  $f$  que proporcionan un buen ajuste para los datos. Para la aplicación de nuestro modelo, los parámetros  $n$ ,  $v$  y  $f$  deben variar en un rango razonable, sin embargo, para la epidemia del coronavirus COVID-19 en Chile en su etapa actual, no se conocen dichos valores. Basándonos en las estimaciones hechas por Liu et al. en nuestras simulaciones usaremos los valores

$$f = 0,6, \quad n = 1/7, \quad v = 1/7.$$

Considerando los datos de la Tabla 2 y usando la fórmula (9) para el número de reproducción básico, obtenemos los siguientes resultados:

Parámetro	$\mathcal{R}_0$
Chile	2,81
Región del Maule	2,11
Región de la Araucanía	3,52

Tabla 4: Estimación del número reproductivo básico  $\mathcal{R}_0$  a partir de los datos de casos acumulados en la Tabla 2 y de las cifras de poblaciones totales correspondientes a Chile, región del Maule y región de la Araucanía.

Usando el modelo (1) y los datos de la Tabla 3, presentaremos gráficas con datos para los casos confirmados versus las estimaciones obtenidas mediante la función  $CR(t)$  y de la función  $U(t)$  de los casos no reportados en las Figuras 2 y 3 respectivamente.



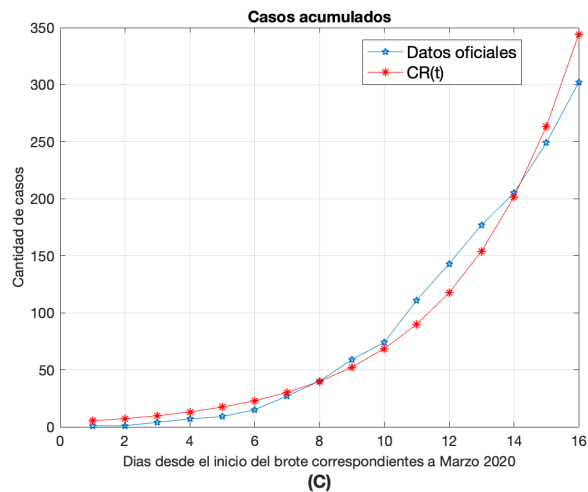
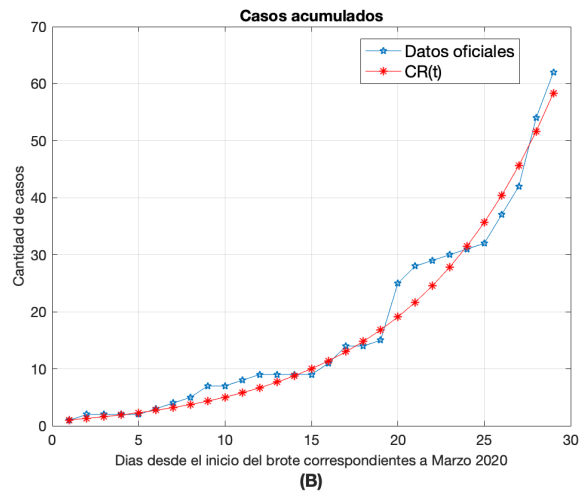
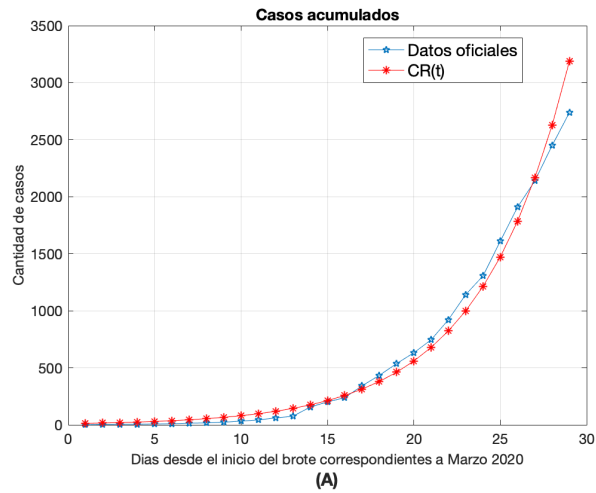


Figura 2: Comparación de datos oficiales y de las estimaciones hechas usando la función  $CR(t)$ . La gráfica (A), (B) y (C) corresponde comparaciones referente a Chile, región del Maule y región de la Araucanía respectivamente. Observamos que los datos para Chile, Maule y Araucanía proporcionan un buen ajuste para la función  $CR(t)$ .

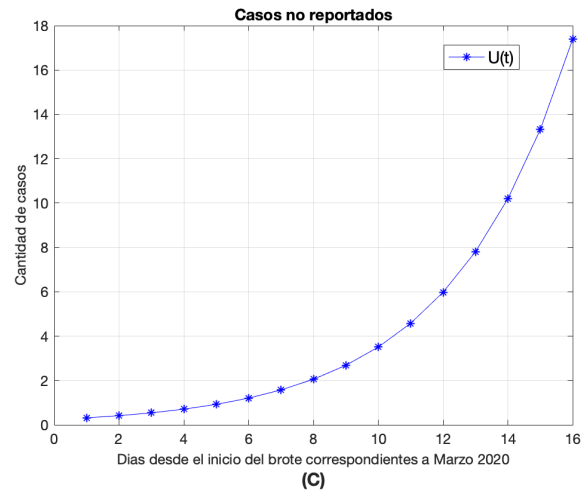
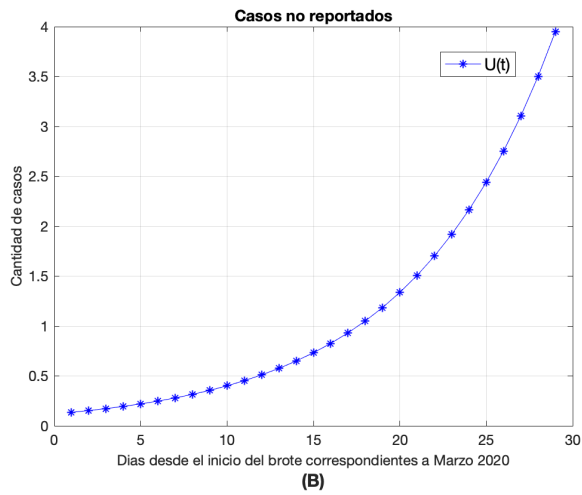


Figura 3: Gráficos de la función de casos no reportados  $U(t)$ . Las gráficas (A), (B) y (C) corresponde a comparaciones referente a Chile, región del Maule y región de la Araucanía respectivamente. Para la obtención de dichos resultados fueron considerados  $f = 0,6$ ,  $n = 1/7$  y  $v = 1/7$ .

## 5 Discusión

Nuestro trabajo se enfoca en el brote epidémico del nuevo coronavirus humano COVID-19, el cual se detecta por primera vez en Wuhan, China, a fines de 2019 y que en Chile reporta su primer caso el 3 de marzo de 2020 en la región del Maule. Hasta la fecha se desconocen los casos no reportados y la tasa de transmisión de la enfermedad. Así, para recuperar estos valores a partir de los datos médicos informados, Liu et al. [5] proponen el modelo matemático descrito en la ecuación (1). Conociendo los casos infecciosos sintomáticos reportados acumulados, y suponiendo:

1. la fracción  $f$  de infecciosos asintomáticos que se convierten en casos infecciosos sintomáticos reportados,
2. el tiempo promedio  $1/v$  infecciosos asintomáticos son asintomáticos, y
3. el tiempo promedio  $1/n$  sintomático infeccioso sigue siendo infeccioso,

se busca estimar los parámetros epidemiológicos en el modelo (1) acorde a la realidad de Chile, región del Maule y la región de la Araucanía. Con este fin, presentamos simulaciones numéricas del modelo (1) para proponer en el tiempo la severidad de la epidemia. Observamos que la capacidad predictiva del modelo (1) requiere estimaciones válidas de los parámetros  $f$ ,  $n$  y  $v$ , que dependen del aporte de los epidemiólogos médicos y biológicos. Nuestros resultados pueden contribuir a la prevención y el control de la epidemia de COVID-19 en Chile.

El método que empleamos, fija los parámetros  $f$ ,  $n$  y  $v$ . Así, elegimos  $f = 0,6$ , lo que significa que alrededor del 60% de los casos se informan a los organismos de salud, y en consecuencia se asume que el 40% de los casos no se reportaron durante marzo en las zonas de estudio mencionadas anteriormente.

Al trabajar en los resultados numéricos, hemos observado que al variar los parámetros  $f$ ,  $n$  y  $v$ , el número de casos no reportados varía, lo cual evidencia la sensibilidad del modelo a distintos conjuntos de datos. Acorde a los resultados obtenidos, la fórmula (4) para  $CR(t)$  es bastante descriptiva al considerar los datos de marzo. Los valores  $1/n = 7$  días y  $1/v = 7$  días, se toman de la información relativa a la familia de coronavirus anteriores, y que ahora son utilizados por las autoridades médicas de China [2]. Por último, notamos que la capacidad predictiva del modelo (1) requiere estimaciones válidas de los parámetros  $f$  (fracción de infectados asintomáticos que se convierten en infectados sintomáticos reportados), el parámetro  $1/v$  (el tiempo promedio en que los infectados asintomáticos son asintomáticos) y el parámetro  $1/n$  (tiempo promedio sintomático infeccioso sigue siendo infeccioso).

Como trabajo a futuro consideraremos un modelo matemático que toma en cuenta las medidas de mitigación tomadas por el gobierno de Chile, tales como cuarentenas, distanciamiento social, etc.

## Referencias

- [1] *Chinese Center for Disease Control and Prevention.*  
<http://www.chinacdc.cn/jkzt/crb/zl/szkb11803/jszl11809/>.

- [2] *New England Journal of Medicine, Letter to the Editor*, DOI: 10.1056/NEJMc2001468, January 30, 2020.
- [3] Biao Tang, Xia Wang, Qian Li, Nicola Luigi Bragazzi, Sanyi Tang, Yanni Xiao, Jianhong Wu, *Estimation of the transmission risk of 2019-nCov and its implication for public health interventions* <https://papers.ssrn.com/sol3/papers.cfm?abstractid=3525558>
- [4] *BBC News*.  
<https://www.bbc.com/mundo/noticias-america-latina-51729957>
- [5] Zhihua Liu, Pierre Magal, Ousmane Seydi, y Glen Webb, *Understanding unreported cases in the COVID-19 epidemic outbreak in Wuhan, China, and the importance of major public health interventions*, *Biology*, vol.9, 2020
- [6] *Cifras oficiales COVID-19 del Gobierno de Chile*.  
<https://www.gob.cl/coronavirus/cifrasoficiales/>