

## Pronósticos para fallecidos, casos críticos, graves, confirmados y casos nuevos de COVID-19 en el municipio Santa Clara y Cuba mediante la metodología de Regresión Objetiva Regresiva

### Forecasts for deaths, critical cases, serious, confirmed and new cases of COVID-19 in the municipality of Santa Clara and Cuba using the Regressive Objective Regression methodology

### Previsões de óbitos, casos críticos, graves, confirmados e novos casos de COVID-19 no município de Santa Clara e Cuba utilizando a metodologia Regressive Objective Regression

Ricardo Osés-Rodríguez<sup>1</sup>, Rigoberto Fimia-Duarte<sup>2\*</sup>, Claudia Osés-Llanes<sup>3</sup>, Luis Enrique Jerez-Puebla<sup>4</sup>

#### RESUMEN

**Introducción:** La pandemia del COVID-19 que afecta al planeta tierra ha tenido un desarrollo peculiar en nuestro país. **Objetivo:** El objetivo de la investigación consistió en modelar mediante la metodología de la Regresión Objetiva Regresiva (ROR) un conjunto de parámetros (fallecidos, casos críticos, graves, confirmados y casos nuevos) inherentes a la pandemia SARS CoV-2 COVID-19, en lo que va del año 2020 en Cuba. **Método:** Los parámetros analizados fueron: fallecidos, casos graves, críticos, confirmados y nuevos, del municipio Santa Clara, Villa Clara y Cuba. La modelación empleada fue la modelación por Regresión Objetiva Regresiva (ROR), que se basa en una combinación de variables Dummy con modelación ARIMA. En la metodología ROR, se crean en un primer paso, variables dicotómicas DS, DI y NoC, y posteriormente se ejecuta el módulo correspondiente al análisis de Regresión del paquete estadístico SPSS versión 19.0, específicamente el método ENTER donde se obtiene la variable pronosticada y el ERROR. **Resultados:** Se obtuvieron modelos matemáticos mediante la metodología ROR que explican el comportamiento de los mismos, dependiendo estos de 6, 4, 10 y 14 días de antelación en dependencia de la variable a estudiar, lo cual permitió realizar pronósticos a largo plazo, permitiendo tomar medidas en los servicios clínicos, y así evitar y disminuir el número de fallecidos y complicaciones en los enfermos con COVID-19. **Conclusiones:** La COVID-19 pese a ser una enfermedad nueva en el mundo puede ser seguida mediante la modelación matemática ROR, esto permite disminuir la cantidad de pa-

<sup>1</sup> Centro Meteorológico Provincial de Villa Clara, Cuba (Lic., en Matemática y Lic., en Física Nuclear. MSc., en Matemática Aplicada. Investigador Agregado) ORCID ID: 0000-0002-6885-1413

<sup>2</sup> Facultad de Tecnología de la Salud y Enfermería, Universidad de Ciencias Médicas de Villa Clara, Cuba (Lic., en Biología, MSc., en Entomología Médica y Control de Vectores. Ph.D., Profesor e Investigador Titular)

<sup>3</sup> Depto. Enfermedades Transmisibles. Unidad Municipal de Higiene y Epidemiología de Santa Clara, Villa Clara, Cuba (Especialista 1<sup>er</sup> Grado en Higiene y Epidemiología. Profesor Instructor)

<sup>4</sup> Instituto de Medicina Tropical Pedro Kourí, Cuba (Lic., en Microbiología, MSc., en Parasitología e Inv. Auxiliar. Ph.D.)

**Recibido:** 3 de diciembre de 2021

**Aceptado:** 16 de febrero de 2022

**\*Correspondencia:**

rigoberto.fimia66@gmail.com

**Este artículo debe citarse como:**

Osés R, Fimia R, Osés C, Jerez LE. Pronósticos para fallecidos, casos críticos, graves, confirmados y casos nuevos de COVID-19 en el municipio Santa Clara y Cuba mediante la metodología de Regresión Objetiva Regresiva. UO Medical Affairs. 2022;1(1):28-39.

cientos fallecidos, graves y críticos para un mejor manejo de la pandemia.

**Palabras clave:** COVID-19; críticos; Cuba; fallecidos; graves; modelos matemáticos; pandemia; Regresión Objetiva Regresiva; Santa Clara.

#### ABSTRACT

**Introduction:** The COVID-19 pandemic affecting planet Earth has had a peculiar development in our country. **Objective:** The objective of the research was to model, using the Regressive Objective Regression (ROR) methodology, a set of parameters (deaths, critical, severe, confirmed and new cases) inherent to the SARS CoV-2 COVID-19 pandemic, so far in 2020 in Cuba. **Method:** The parameters analyzed were: deaths, serious, critical, confirmed and new cases, in the municipality of Santa Clara, Villa Clara and Cuba. The modeling used was Regressive Objective Regression (ROR) modeling, which is based on a combination of Dummy variables with ARIMA modeling. In the ROR methodology, dichotomous variables DS, DI and NoC are created in a first step, and then the module corresponding to the Regression analysis of the statistical package SPSS version 19.0 is executed, specifically the ENTER method where the predicted variable and the ERROR are obtained. **Results:** Mathematical models were obtained by means of the ROR methodology that explain the behavior of the same, depending on the variable to study, 6, 4, 10 and 14 days in advance, which made it possible to make long term prognoses, allowing to take measures in the clinical services, and thus to avoid and to diminish the number of deaths and complications in patients with COVID-19. **Conclusions:** Despite being a new disease in the world, COVID-19 can be followed by means of ROR mathematical modeling. This allows for a decrease in the number of dead, serious and critical patients for a better management of the pandemic.

**Key words:** COVID-19; critics; Cuba; deceased; severe; mathematical models; pandemic; Regressive Objective Regression; Santa Clara.

#### RESUMO

**Introdução:** A pandemia de COVID-19 que afeta o

planeta Terra teve um desenvolvimento peculiar em nosso país. **Objetivo:** O objetivo da pesquisa foi modelar, utilizando a metodologia Regressive Objective Regression (ROR), um conjunto de parâmetros (óbitos, críticos, graves, confirmados e novos casos) inerentes à pandemia de SARS CoV-2 COVID-19, de modo longe em 2020 em Cuba. **Método:** Os parâmetros analisados foram: óbitos, casos graves, críticos, confirmados e novos, no município de Santa Clara, Villa Clara e Cuba. A modelagem utilizada foi a modelagem Regressive Objective Regression (ROR), que é baseada na combinação de variáveis Dummy com modelagem ARIMA. Na metodologia ROR, as variáveis dicotômicas DS, DI e NoC são criadas em um primeiro passo, e em seguida é executado o módulo correspondente à análise de regressão do pacote estatístico SPSS versão 19.0, especificamente o método ENTER onde a variável prevista e o ERROR são obtido. **Resultados:** Foram obtidos modelos matemáticos por meio da metodologia ROR que explica o comportamento dos mesmos, dependendo da variável a estudar, com 6, 4, 10 e 14 dias de antecedência, o que possibilitou fazer prognósticos a longo prazo, permitindo tomar medidas nos serviços clínicos e, assim, evitar e diminuir o número de óbitos e complicações em pacientes com COVID-19. **Conclusões:** Apesar de ser uma doença nova no mundo, a COVID-19 pode ser acompanhada por meio de modelagem matemática ROR. Isso permite uma diminuição do número de pacientes mortos, graves e críticos para um melhor gerenciamento da pandemia.

**Palavras chave:** COVID-19; doentes críticos; Cuba; morto; modelos matemáticos; pandemia; Regressão objetiva regressiva; Santa Clara.

#### INTRODUCCIÓN

Desde los comienzos de la civilización, las enfermedades infecciosas han afectado a los humanos<sup>1,2</sup>. La historia temprana de estas enfermedades se caracterizó por brotes súbitos e impredecibles, con frecuencia de proporciones epidémicas<sup>3,4</sup>, por lo que la situación actual que está viviendo el planeta a causa del nuevo coronavirus, es un desencadenante más producto de múltiples factores, con una alta

cuota derivada de la actividad antropogénica<sup>5,6</sup>. Se han descrito dos grandes epidemias, el síndrome respiratorio agudo grave por coronavirus (SARS-CoV) en el 2002 y el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS-CoV) en el 2012, hasta que en diciembre del 2019 apareció en China el SARS-CoV-2 o COVID-19 (del inglés «Enfermedad por Infección por Coronavirus»), que en lo sucesivo será denominado en este artículo como coronavirus<sup>7</sup>.

Los coronavirus pertenecen a la familia *Coronaviridae*. El tamaño de los genomas varía entre 26 a 32 kilonucleótidos, siendo uno de los virus de tipo ARN positivos de mayor tamaño<sup>8</sup>. Tienen una nucleocápside de simetría helicoidal con una envoltura que tiene unas estructuras glicoproteicas que parecen una corona de puntas (por ello se les ha llamado coronavirus)<sup>9,10</sup>.

Los coronavirus pueden producir enfermedades respiratorias y digestivas, tanto en aves como en mamíferos, incluyendo al hombre, en el cual pueden producir enfermedades, desde un resfriado común a cuadros más severos como bronquitis, bronquiolitis y neumonía<sup>11</sup>. Los síntomas más frecuentes son los respiratorios<sup>11,12</sup>; al inicio hay fiebre (se presenta en más del 90 % de casos), seguida de tos seca (70 %). También son frecuentes al inicio de los síntomas los dolores musculares (mialgias), dolor de cabeza, sensación de fatiga o cansancio (40 %) y síntomas digestivos, como vómitos o diarreas.<sup>13,14</sup> Menos frecuente parece ser el dolor de garganta. Debido a que otras enfermedades respiratorias pueden presentar síntomas similares, es importante que el paciente informe de posibles contactos con enfermos o personas que hayan estado en zonas que se hayan identificado como lugares con alta frecuencia de coronavirus<sup>15</sup>. El monitoreo y comunicación con el equipo médico es fundamental, para detectar tempranamente la dificultad respiratoria<sup>16</sup>.

El nuevo coronavirus (2019-nCoV) identificado el 31 de diciembre de 2019 en Wuhan, China, actualmente oficializado como SARS-CoV2, produce la COVID-19. Además, este virus es el primero de su familia que ha sido declarado pandemia por la Organización Mundial de la Salud (OMS), el 11 de marzo de 2020<sup>17</sup>. Los estudios epi-

demiológicos mundiales del coronavirus (CoV) durante 15 años han demostrado que los murciélagos de Asia, Europa, África, América y Australia albergan una amplia variedad de virus, que diseminan estos agentes infecciosos con bastante facilidad, aumentando su capacidad de transmisión<sup>18,20</sup>. Según el Grupo de Investigación Modelos Matemáticos en Ciencia y Tecnología: Desarrollo, Análisis, Simulación Numérica y Control (MOMAT) del Instituto de Matemáticas Interdisciplinarias de la Universidad Complutense de Madrid, España, la aplicación del modelo Be-CoDiS (por sus siglas en inglés, Between-Countries Disease Spread) en el análisis de la pandemia COVID-19 proyecta numéricamente que este fenómeno viral estará presente hasta julio de 2020 en el mundo<sup>21</sup>. En virtud de ello es importante estimar la tendencia en el comportamiento de la curva epidemiológica de la pandemia COVID-19.

El objetivo del estudio consistió en modelar matemáticamente un conjunto de parámetros de la pandemia/COVID-19 (fallecidos, casos críticos, graves, confirmados y casos nuevos) en el municipio Santa Clara y Cuba mediante la metodología de la Regresión Objetiva Regresiva (ROR).

## MÉTODOS

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

El pronóstico se realizó con el uso de la metodología de Regresión Objetiva Regresiva (ROR) que ha sido implementada en diferentes variables como los virus y bacterias que circulan en la provincia Villa Clara<sup>22-25</sup>.

La modelación Objetiva Regresiva (ROR), se basa en una combinación de variables *Dummy* con modelación ARIMA, donde se crean dos variables *Dummy* solamente y se obtiene la tendencia de la serie, requiere de pocos casos para ser utilizada y permite utilizar también, variables exógenas que posibilitan modelar y pronosticar a largo plazo, en dependencia de la variable exógena, ha dado mejores resultados que la ARIMA en algunas variables, como son la modelación de VIH, entidades de etiología viral/arbovirosis y entidades parasitarias<sup>26-29</sup>.

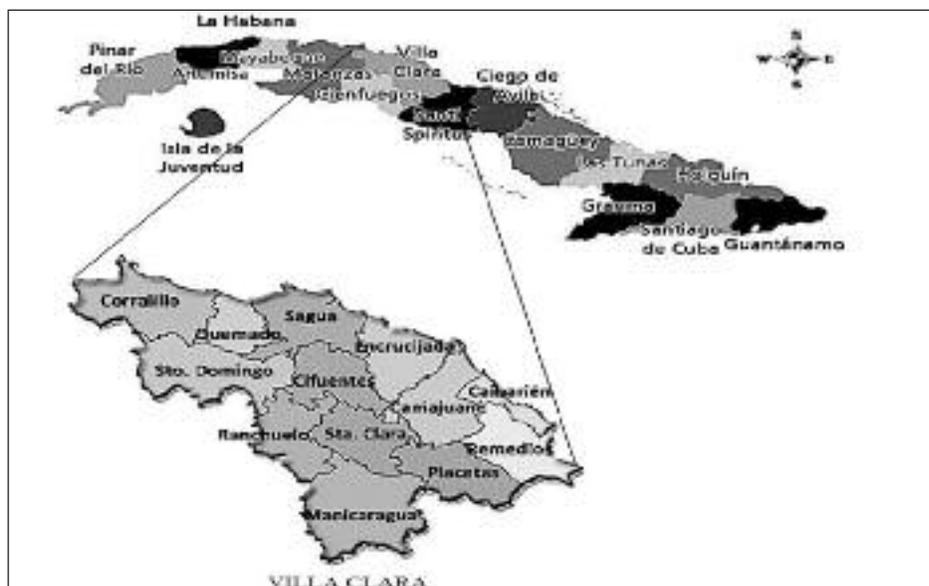


Figura 1. Mapa político administrativo de Cuba y la provincia Villa Clara.

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.

Las corridas de los datos están hechas hasta el día 23 de abril del 2020, según datos tomados del trabajo publicado en el periódico local de Villa Clara<sup>30</sup>, el que a su vez usó la fuente del Ministerio de Salud de Cuba (MINSAP). Hasta la fecha de la investigación, había 3 393 personas ingresadas en hospitales para vigilancia clínico-epidemiológica al

COVID-19; se vigilaban en sus hogares desde la atención primaria de salud 6 727 personas, con 1 283 casos confirmados con el virus, el 69 % eran casos activos y el 36 % casos cerrados. Todo el análisis se realizó con la ayuda del paquete estadístico SPSS, Versión 19, de la compañía IBM.

### Aspectos éticos

La investigación estuvo sujeta a normas éticas, donde toda la información recopilada y brindada se utilizó solo con la finalidad declarada. No implicó afectaciones físicas, ni psicológicas, para de esta forma, poder generar nuevos conocimientos sin violar los principios éticos establecidos para estos casos. Por otra parte, todos los autores involucrados en la investigación, publicación y difusión de los resultados, somos responsables de la confiabilidad y exactitud de los resultados mostrados<sup>31</sup>.

### RESULTADOS

Los resultados de los fallecidos en Cuba según la metodología ROR, se explica el 88.9 % de los fallecidos con un error de 1 143 casos. El modelo obtenido según ROR, la tendencia es positiva significativa, al 99 %, los demás parámetros aportan varianza explicada al modelo, aunque no son significativos. Este modelo depende de los fallecidos 14

días atrás, y el valor es negativo, lo que indica que, en los 14 días previos, la tendencia de fallecidos es negativa; o sea, a la disminución, por lo que los

procederes en las salas de atención de estos pacientes son altamente valorados (tabla 1).

A continuación, se realizó un pronóstico de

Coeficientes <sup>a,b</sup>						
Modelo		Coeficientes no estandarizados		Coeficientes tipificados	t	Sig.
		B	Error típ.	Beta		
1	DS	-.631	.860	-.190	-.734	.470
	DI	-1.279	.918	-.400	-1.394	.177
	Tendencia	.110	.032	1.575	3.465	.002
	Lag14Fallecidos	-.622	.268	-.416	-2.318	.030

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

Tabla 1. Coeficientes del modelo ROR de fallecidos para Cuba.

los fallecidos (figura 2), como se observa existen altibajos que el modelo describe con certeza.

En el caso de los pacientes graves, el modelo explica el 96.4 % de la varianza con un error

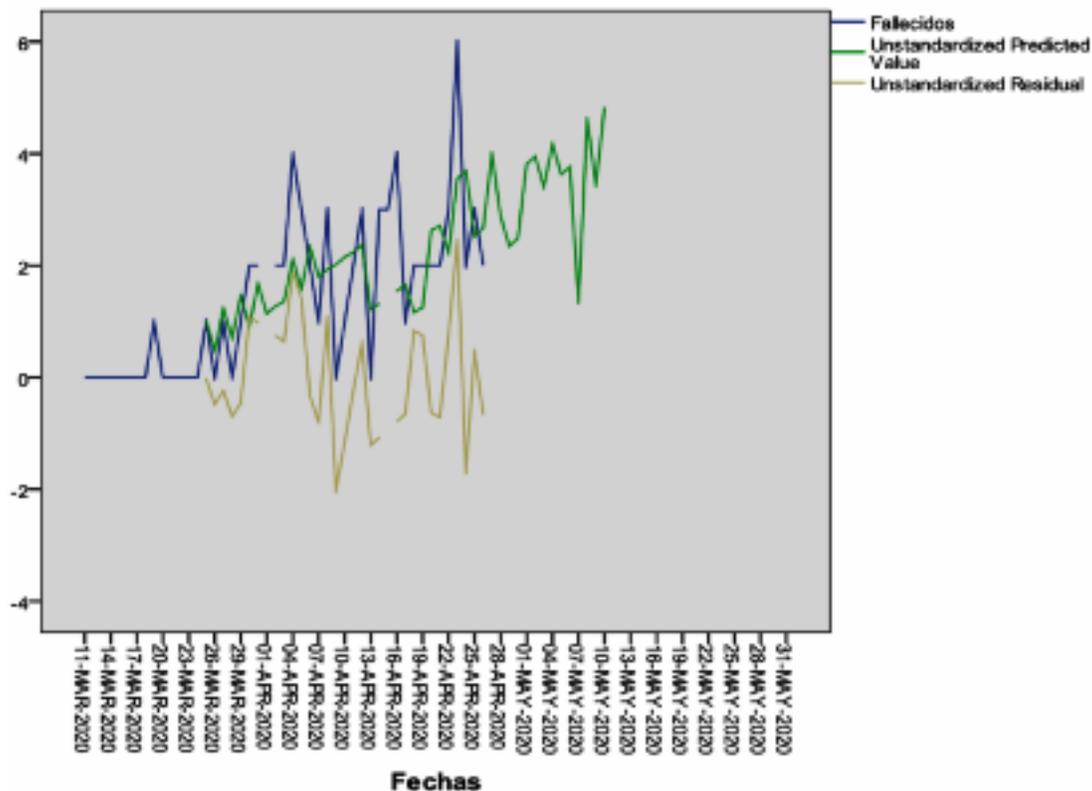


Figura 2. Pronostico de fallecidos para los próximos 14 días.

de 1.98 casos. Este modelo depende de los casos seis días previos (Lag6Graves) y presenta una tendencia al aumento, aunque no significativa (tabla 2). Como se sabe DS y DI son parámetros que des-

criben los altibajos de la serie y mantienen los datos dentro de cierto rango.

En la figura 3 se aprecia el pronóstico de casos graves para los seis días siguientes, se nota

Coeficientes <sup>a,b</sup>						
Modelo		Coeficientes no estandarizados		Coeficientes tipificados	t	Sig.
		B	Error típ.	Beta		
1	DS	6.015	3.605	.657	1.669	.116
	DI	4.852	3.716	.502	1.306	.211
	Tendencia	.075	.123	.435	.612	.550
	Lag6Graves	-.335	.294	-.317	-1.138	.273

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

Tabla 2. Modelo de casos graves en Cuba por COVID-19.

un ligero aumento en ese periodo de tiempo, lo que conlleva a tomar medidas en los hospitales que atiende este grupo de casos.

**Resultados para los casos críticos de Cuba según la metodología ROR**

Este modelo explica el 98.3 % de los casos con un

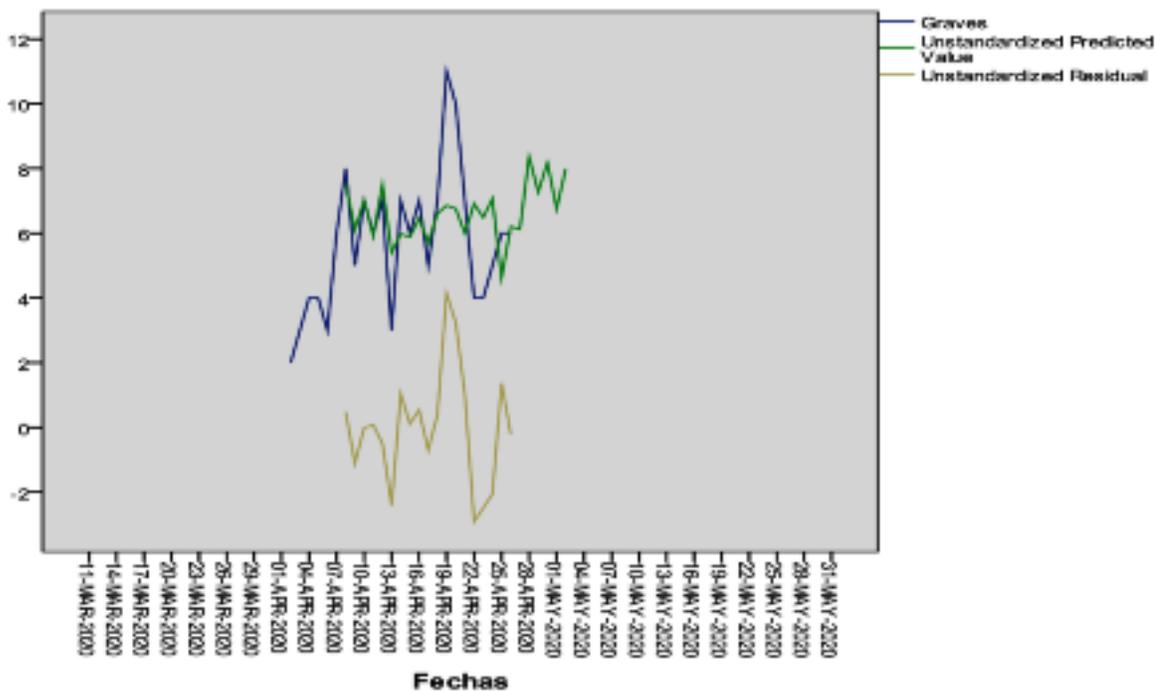


Figura 3. Pronostico de graves para los próximos seis días.

error de 1.73 casos, este modelo depende de los casos críticos cuatro días previos (Lag4Criticos) y presenta una tendencia a la disminución, lo que indica un buen desempeño de los equipos médicos y de un efectivo trabajo con este tipo de pacientes, lo cual se plasma en el pronóstico de los próximos

cuatro días, donde se aprecia una pequeña subida (figura 4).

### Resultados de casos nuevos en Cuba

El modelo a largo plazo para Cuba, particularmente los casos nuevos se aprecian que el modelo

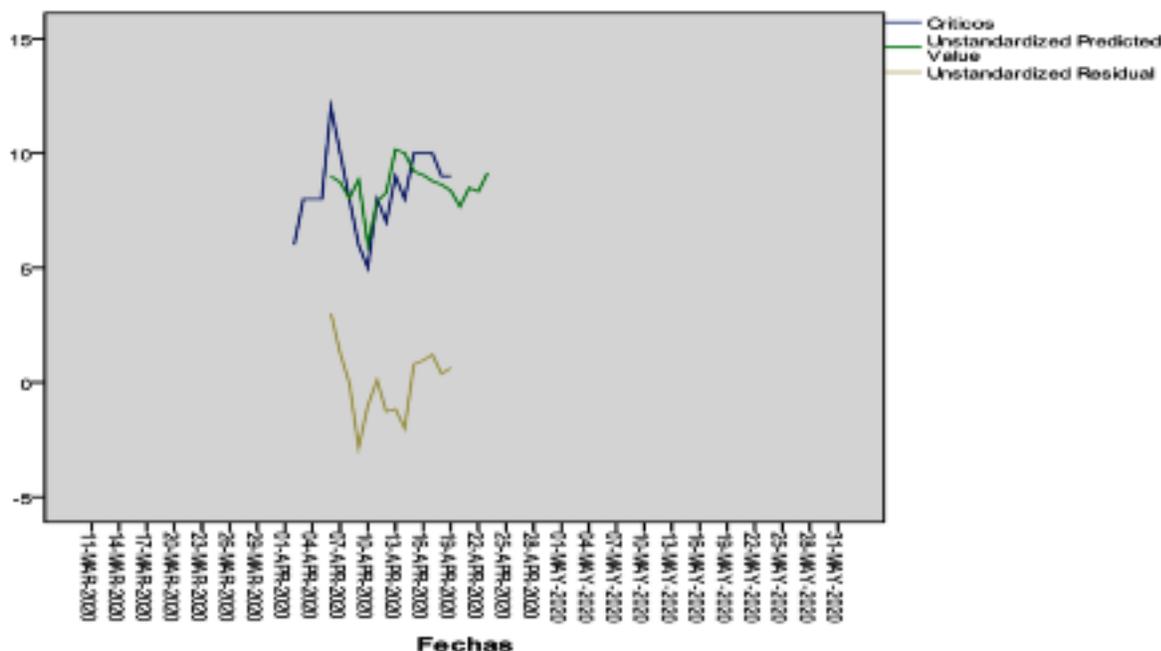


Figura 4. Pronostico de casos críticos para los próximos cuatro días.

explica el 98 % con un error de 9.47 casos, el estadístico de Durbin Watson es cercano a dos, por lo que estamos ante un modelo donde los errores son un ruido blanco y puede considerarse un

buen modelo (tabla 3).

El modelo y sus parámetros depende de los casos 15 días previos (Lag15 Nuevos) y de la variable etapa, que representa las dos etapas en

Resumen del modelo <sup>c,d</sup>					
Modelo	R	R cuadrado <sup>b</sup>	R cuadrado ajustado	Error estándar de la estimación	Durbin-Watson
1	.980 <sup>a</sup>	.961	.953	9.4708	1.289

a. Predictores: ETAPA, DI, DS, Lag15Nuevos, NoC  
 b. Para la regresión a través del origen (el modelo sin interceptación), R cuadrado mide la proporción de la variabilidad en la variable dependiente sobre el origen explicado por la regresión. Esto NO SE PUEDE comparar con el R cuadrado para los modelos que incluyen interceptación.  
 c. Variable dependiente: Nuevos  
 d. Regresión lineal a través del origen

Tabla 3. Modelo a largo plazo para casos confirmados de COVID-19 en Cuba.

que se ha manifestado la pandemia en Cuba, antes del día 16 de abril, etapa toma el valor de cero y después del 16 de abril toma el valor de uno, de manera que su inclusión aporta un aumento de 30 casos. Como se ve la tendencia es a la disminución, aunque no es significativa todavía, DS y DI son variables del modelo que captan los altibajos de la serie y mantienen en parámetros estables los futuros pronósticos. La tendencia en los casos nuevos es también a la disminución en -0.195 casos, aunque estadísticamente no es significativa.

Por último, se muestra el pronóstico a

largo plazo para los nuevos casos de COVID-19 en Cuba. Como puede verse, se aprecia un amecetamiento de la cantidad de casos nuevos, lo que indica que ya se pudo haber alcanzado el máximo de la cantidad de casos de la serie el día 17 de abril, de continuar con las medidas de aislamiento físico y social, así como las higiénico sanitarias y de protección personal que toma el gobierno, este amecetamiento pudiera seguir bajando hasta desaparecer, es por esto que hay que tomar precauciones para que sigan disminuyendo los casos nuevos y se muestre más claramente una desaparición de los mismos (figura 5).

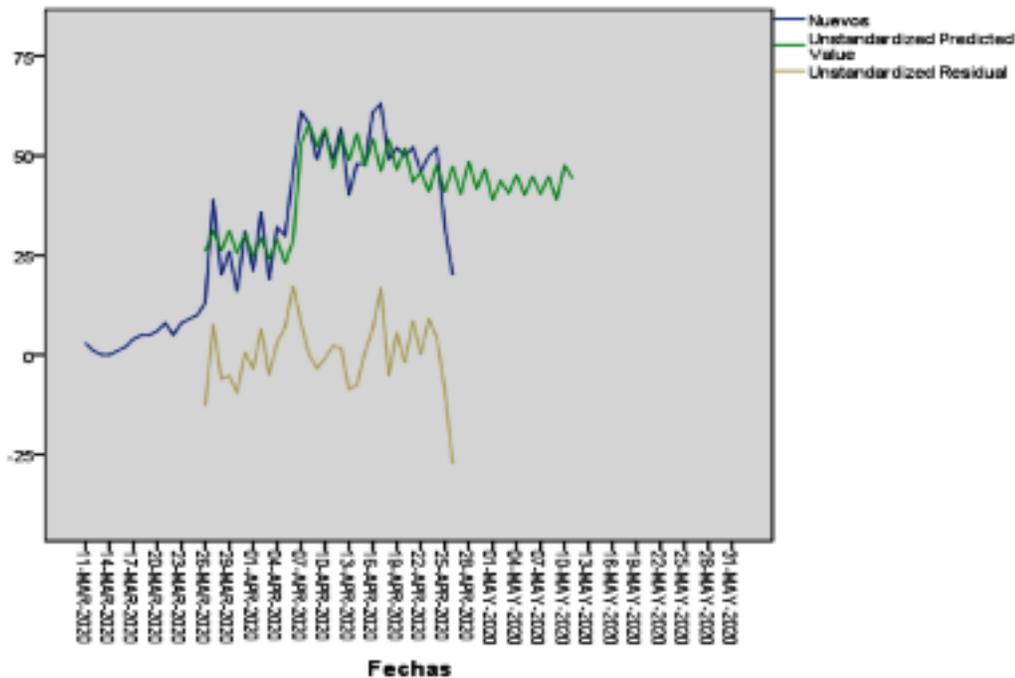


Figura 5. Pronóstico a largo plazo de los casos nuevos de COVID-19 en Cuba.

#### Resultados para el municipio Santa Clara

El modelo a largo plazo para el municipio Santa Clara explica el 96.8 % con un error de 1.76 casos, el estadístico de Durbin Watson es cercano a dos, por lo que estamos ante un modelo donde los errores son un ruido blanco y puede considerarse un buen modelo. A continuación, se plasman los parámetros del modelo para confirmados de COVID-19 en Santa Clara (tabla 4).

Fue necesario esperar hasta el día 6 de mayo para ver si se obtenía otro pico máximo; donde los confirmados desaparecerían, pero aun así, hay que mantener las medidas de aislamiento físico y social, hasta que disminuyen los casos a cero por dos periodos consecutivos de 10 días; de lo contrario, se habrá alcanzado el máximo de los confirmados, el día 16 de abril. Se debe esperar hasta el 6 de mayo para ver si se ha obtenido. El

modelo depende de los casos confirmados 10 días atrás (Lag10Confirmados) y presenta una tendencia ligeramente al aumento, las variables Step corresponden a los números de casos que han sido

significativos a lo largo del proceso de la serie, por ejemplo, Step 17 corresponde al caso del día 17 después de haber comenzado la enfermedad y así sucesivamente.

Coeficientes <sup>a,b</sup>						
Modelo		Coeficientes no estandarizados		Coeficientes estandarizados	t	Sig.
		B	Error estándar	Beta		
1	DS	-1.489	.981	-.169	-1.518	.140
	DI	-1.617	.970	-.184	-1.668	.106
	Tendencia	.118	.032	.595	3.648	.001
	Step27	2.275	1.836	.059	1.239	.225
	Step17	4.486	1.856	.117	2.418	.022
	Lag10CONFIRMados	-.193	.063	-.186	-3.077	.000
	Step37	25.711	1.838	.669	13.988	.000
	Step36	13.377	1.850	.348	7.232	.000
	Step38	12.108	1.836	.315	6.594	.000

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

**Tabla 4.** Modelo de confirmados de COVID-19 según metodología ROR para municipio Santa Clara.

### Discusión

Al analizar el modelo a largo plazo con 10 días de antelación (Este modelo explica el 88.5 % de los casos), podemos apreciar, que todas las medidas de aislamiento han tenido efecto positivo y el proceso se ha comportado, tal y como predice el modelo matemático; o mejor, el modelo matemático ha seguido lo que ocurre en la realidad, por lo que este es el resultado más importante, lo cual coincide con resultados obtenidos en años anteriores para otras entidades y organismos vivos<sup>32-34</sup>. Todo parece indicar, que dicha pandemia guarda una estrecha relación con las variables climáticas, y algo muy importante y a tener en cuenta, es que la temperatura máxima está aumentando y los casos disminuyendo respecto al pico de ovho, lo cual se

ha corroborado en investigaciones realizadas en años anteriores para otras entidades y las propias IRA<sup>23, 24, 33</sup>. Se hace necesario realizar estudios donde se correlacionen datos de variables meteorológicas o del comportamiento de las IRA a nivel Nacional para ver cómo se comportan las mismas, lo que pudieran dar un mejor entendimiento de la pandemia y su control.

En la investigación se evidencia una disminución de la cantidad de casos nuevos, lo que indica que ya se pudo haber alcanzado el máximo de la cantidad de casos de la serie, el día 1ro de mayo y no el 17 de abril, que también fue un pico, por lo que de continuar con las medidas higiénico sanitarias y de distanciamiento físico y social que toma el gobierno, esta disminución pudiera seguir ba-

jando hasta su control definitivo; es por esto que hay que extremar todas las precauciones y el estricto cumplimiento de todas las medidas de forma sostenida, para que sigan disminuyendo los casos nuevos y se muestre más claramente una desaparición de los mismos, lo cual ha sido aplicado de forma exitosa en Cuba, no solo para el control de entidades de etiología viral, bacteriana y parasitaria, sino en aquellas donde median organismos vectores<sup>6, 24, 33, 34, 35</sup>.

Se concluye que la COVID-19 pese a ser una enfermedad nueva en el mundo puede ser seguida mediante la modelación ROR, esto permite disminuir la cantidad de pacientes fallecidos, graves y críticos, para un mejor manejo de la pandemia.

### Agradecimientos

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

### Referencias bibliográficas

- Gubler J.** The global emergence/resurgence of arboviral diseases as public health problems. *Arch Med Res.* 2002;33(4):330-42.
- Bangs L, Lavasati P, Corwin L, Wuryadi S.** Climatic factors associated with epidemic dengue in Palembang, Indonesia: implications of short-term meteorological events on virus transmission. *Southeast Asian J Trop Med Public Health [Internet].* 2006 [citado 2021]; 37(6):1103-1116. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/17333762/>.
- Lambrechts L, Scott TW, Gubler Dj.** Consequences of the expanding global distribution of *Aedes albopictus* for dengue virus transmission. *Journal PLOS Neglected Tropical Diseases [Internet].* 2010 [citado 2021];4(5): e646. Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000646>.
- Gould E, Pettersson J, Higgs S, Charrel R, de Lamballerie X.** Emerging arboviruses: why today? *One Health Diseases [Internet].* 2017 [citado 2021];4:1-13. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2017.06.001>. Referenciado en PubMed PMID: 28785601.
- Fimia R, Marquetti M, Iannacone J, et al.** Factores antropogénicos y ambientales sobre la fauna de culícidos (Diptera: Culicidae) de la provincia Sancti Spíritus, Cuba. *The Biologist.* 2015;13:41-51.
- Fimia R, Osés R, Carmenate A, et al.** Modelación y predicción para moluscos con angiostrongilosis en la provincia Villa Clara, Cuba utilizando la Regresión Objetiva Regresiva (ROR). *Neotropical Helminthology.* 2016;10:61-71.
- Sun Z, Thilakavathy T, Kumar SS, He G, Liu SV.** Potential Factors Influencing Repeated SARS Outbreaks in China. *International Journal of Environmental Research and Public Health.* 2020;17:1628-1633.
- Zheng J.** SARS-CoV-2: An emerging coronavirus that causes a global threat. *International Journal of Biological Sciences.* 2020; 16: 1678-1685.
- Cortellis TM.** Disease Briefing: coronaviruses. [monografía en Internet]. Philadelphia (PA): Clarivate Analytics Solution; 2020 [citado 2021]. 51 pp. Disponible en: [https://clarivates.com/wp-content/uploads/dlm\\_uploads/2020/01/CORONAVIRUS-REPORT-23.3.2020.pdf](https://clarivates.com/wp-content/uploads/dlm_uploads/2020/01/CORONAVIRUS-REPORT-23.3.2020.pdf).
- Wang S, Wang R, Ye W, Liu Q.** Review of the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) based on current evidence. *International Journal of Antimicrobial Agents [Internet].* 2020 [citado 2021];55(6):105948. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2020.105948>. Referenciado en PubMed PMID: 322 01353.
- Singhal, T.** A Review of Coronavirus Disease-2019 (COVID-19). *The Indian Journal of Pediatrics [Internet].* 2020 [citado 2021];87 (4):281-286. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s12098-020-03263-6>. Referenciado en PubMed PMID: 32166607.
- Yi Y, Lagniton F, Ye S, Li E, Xu RH.** COVID-19: what has been learned and to be learned about the novel coronavirus disease. *International Journal of Biological Sciences [Internet].*

- 2020 [citado 2021];16(10):1753-1766. Disponible en: <https://doi.7150/ijbs.45134>. Referenciado en PubMed PMID: 32226295.
- 13 **Fang J, Liehua D, Liang Z, Cai Y, Cheung W, Xia Z.** Review of the clinical characteristics of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). *Journal of General Internal Medicine* [Internet]. 2020 [citado 2021];35(5):1545-1549. Disponible en: <https://doi.1007/s11606-020-05762-w>. Referenciado en PubMed PMID: 32133578.
- 14 **Huang C, Wang Y, Li X, et al.** Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*. 2020; 395(10223):497-506.
- 15 **Wu Z, Mc Googan M.** Characteristics of and important lessons from the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in China: summary of a report of 72 314 cases from the Chinese center for disease control and prevention. *Journal of the American Medical Association* [Internet]. 2020 [citado 2021];323(13):1239-1242. Disponible en: <https://doi.10.1001/jama.2020.2648>. Referenciado en PubMed PMID: 32091533.
- 16 **Wu F, Zhao S, Yu B, et al.** Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome. *Nature* [Internet]. 2020 [citado 2021];579(7798):265269. Disponible en: <https://doi.7150/ijbs.45134>.
- 17 **World Health Organization (WHO).** Draft landscape of COVID-19 candidate vaccines [Internet]. WHO; 2020 [citado 2021]. 10p. Disponible en: <https://www.who.int/publications/m/item/>
- 18 **Fan Y, Zhao K, Shi L, Zhou P.** Bat Coronaviruses in China. *Viruses* [Internet]. 2019 [citado 2021];11(3):210. Disponible en: <https://doi.3390/v111030210>. Referenciado en PubMed PMID: 30832341.
- 19 **Wang X, Fish N.** Global virus st outbreaks: interferons as 1 responder. *Seminars in Immunology*. 2019; 43:101300.
- 20 **Woo P, Lau S.** Viruses and Bats. *Viruses* [Internet]. 2019 [citado 2021];11(10):880-884. Disponible en: <https://doi.3390/v11100884>. Referenciado en PubMed PMID: 31546572.
- 21 **Ivorra B, Ramos M.** Validation of the forecasts for the international spread of the coronavirus disease 2019 (COVID-19) done with the Be-CoDiS mathematical model. [reporte técnico en Internet]. Madrid (ES), Universidad Complutense; 2020 [citado 2021].14p. Disponible en: <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.31460.94081>.
- 22 **Osés R, Fimia R, Pedraza A.** Regressive methodology (ROR) versus Genetic code in mutations of VIH. *International Journal of Agriculture Innovations and Research*. 2015; 3(6):1473.
- 23 **Osés R, Fimia R, Iannacone J, Argota G, Cruz L, Domínguez I.** Climatic impact of the temperature in the presence of cold avian infections in Cuba. *International Journal of Development Research*. 2015; 5(11).
- 24 **Osés R, Fimia R, Aldaz C, et al.** Modelación matemática del cólera por medio de la Regresión Objetiva Regresiva y su relación con las variables climáticas. Caibarién, Villa Clara, Cuba. *Revista de la Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia* [Internet]. 2020 [citado 2021];68(4):171-184. Disponible en: <http://doi.10.15446/revfacmed.v68n4.79516>.
- 25 **Sánchez Á, Osés R, Fimia R, et al.** La Regresión Objetiva Regresiva más allá de un ruido blanco para los virus que circulan en la provincia Villa Clara, Cuba. *The Biologist (Lima)* [Internet]. 2017 [citado 2021];15(1):127. Disponible en: <http://sisbib.unmsm.edu.pe/BVRevistas/biologist/biologist.htm>
- 26 **Osés R, Grau R.** Modelación regresiva (ROR) versus modelación ARIMA usando variables dicotómicas en mutaciones del VIH. Universidad Central de las Villas (CU): Editorial Feijóo; 2011.
- 27 **Osés R, Fimia R, Saura GG, Otero MM.** Modelación de la densidad larvaria total de mosquitos (Diptera: Culicidae) utilizando tres modelos en la provincia de Villa Clara, Cuba. *REDVET* [Internet]. 2014 [citado 2021];15(8B). Disponible en: <http://www.veterinaria.org/revistas/redvet>.
- 28 **Osés R, Fimia R, Iannacone J, et al.** Modelación y predicción de la fasciolosis en Villa

- Clara, Cuba. *Biotempo* (Lima). 2017;14:27-34.
- <sup>29</sup> **Osés R, Aldaz C, Fimia R, et al.** The ror's methodology an it's possibility to find information in a white noise. *International Journal of Current Research*. 2017; 9(3): 47378-47382.
- <sup>30</sup> **Universidad Central de Las Villas.** COVID-19. Modelos de pronóstico para Villa Clara, Cuba [Internet]. Las Villas (CU): Universidad Central «Marta Abreu» de Las Villas; 2020 [citado 2021]. Disponible en: <https://www.uclv.edu.cu>
- <sup>31</sup> **Asociación Médica Mundial (AMM).** Declaración de Helsinki: principios éticos para las investigaciones médicas en seres humanos. 64<sup>a</sup> Asamblea General de la AMM; 2013 Oct; Brasil. Fortaleza: Asociación Médica Mundial. 9 p.
- <sup>32</sup> **Fimia R, Osés R, Iannacone J, et al.** Modelación y predicción hasta el año 2020 para la angiostrongilosis total utilizando la Regresión Objetiva Regresiva. Villa Clara, Cuba. *The Biologist* (Lima). 2017;15(1).
- <sup>33</sup> **Fimia R, Osés R, Aldaz C, et al.** Modelación y predicción de las Infecciones Respiratorias Agudas (IRA) utilizando las variables climáticas en la provincia Villa Clara, Cuba. *The Biologist* (Lima). 2017;15(1).
- <sup>34</sup> **Fimia R, Osés R, Iannacone J, et al.** Modelación matemática en función de la focalidad de mosquitos (Diptera: Culicidae) y la presión atmosférica en villa clara, mediante la Regresión Objetiva Regresiva. *The Biologist* (Lima). 2018;16(1).
- <sup>35</sup> **Fimia R, Machado VI, Osés R, et al.** Modelación matemática de la dinámica poblacional del mosquito *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) con algunas variables climáticas en Villa Clara, Cuba. 2007- 2017. *The Biologist* (Lima). 2019;17(2).

