

## Precisión del pronóstico de la dinámica de propagación de la COVID-19 en Perú

Daniel Angel Córdova Sotomayor\* <sup>1, a</sup>; Flor Benigna Santa María Carlos <sup>2, b</sup>

### RESUMEN

**Objetivo:** Analizar la precisión del pronóstico del modelo suavizado de Brown para predecir la propagación de la COVID-19 en Perú, entre el 6 de marzo al 30 de mayo del 2020.

**Materiales y métodos:** Estudio descriptivo basado en un análisis de series de tiempo correspondiente al período comprendido entre el 6 de marzo al 30 de mayo del 2020 en Perú. Se utilizó la información de la cantidad de casos positivos de COVID-19 (155 671 personas). El modelo empleado como método de predicción fue el pronóstico suavizado de Brown que consiste en realizar dos suavizaciones exponenciales, a partir de las cuales se calcula el pronóstico: en la primera se emplean los valores observados en la serie de tiempo; y la segunda, la serie que ha sido obtenida mediante la primera atenuación. Las medidas de precisión utilizadas fueron el error medio del pronóstico (EMP), el error medio al cuadrado (EMC), la desviación absoluta de la media (DAM) y el porcentaje de error medio absoluto (PEMA). Para determinar si los datos se ajustan al modelo evaluado se utilizó el coeficiente de determinación ( $R^2$ ).

**Resultados:** El error medio del pronóstico (EMP) fue de 156,7; el error medio al cuadrado (EMC) fue de 506461,3; la desviación absoluta de la media (DAM) fue 450,6 y el porcentaje de error medio absoluto (PEMA) fue 9,03 %. El coeficiente de determinación ( $R^2$ ) fue de 0,8078.

**Conclusiones:** El error de precisión o porcentaje de error medio absoluto (PEMA) fue del 9,03 %, con un coeficiente de determinación ( $R^2$ ) de 0,8078; lo que indica que los datos se ajustan en un 80,78 % al modelo evaluado.

**Palabras clave:** Pronóstico; Infecciones por coronavirus; Coronavirus (Fuente: DeCS BIREME).

## Forecast accuracy of COVID-19 spread dynamics in Peru

### ABSTRACT

**Objective:** To analyze the forecast accuracy of Brown's exponential smoothing model to predict the spread of COVID-19 in Peru from March 6 to May 30, 2020.

**Materials and methods:** A descriptive study based on a time series analysis conducted from March 6 to May 30, 2020 in Peru. The information on the number of positive cases of COVID-19 (155,671 people) was used. The prediction method was Brown's exponential smoothing model, which consists in carrying out two exponential smoothings from which the forecast is calculated: the time series values were used in the first smoothing, and the first attenuation series was used in the second one. Accuracy measures used in the research were: mean forecast error (MFE), mean squared error (MSE), mean absolute deviation (MAD) and mean absolute percentage error (MAPE). The coefficient of determination ( $R^2$ ) was used to establish if the data fits the evaluated model.

**Results:** MFE was 156.7, MSE was 506461.3, MAD was 450.6 and MAPE was 9.03 %.  $R^2$  accounted for 0.8078.

**Conclusions:** Accuracy error or MAPE was 9.03 % and  $R^2$  was 0.8078, which indicates that the data fits by 80.78 % to the evaluated model.

**Keywords:** Prognosis; Coronavirus infections; Coronavirus (Source: MeSH NLM).

---

1 Universidad Peruana Cayetano Heredia, Facultad de Estomatología Roberto Beltrán. Lima, Perú.

2 Ministerio de Salud. Lambayeque, Perú.

a Magíster en Educación.

b Magíster en Gestión de los Servicios de la Salud.

\*Autor corresponsal.

## INTRODUCCIÓN

En enero de 2020, durante la Conferencia Internacional de la Salud Mundial en Ginebra, la Organización Mundial de la Salud (OMS) anuncia el brote de un nuevo coronavirus (Coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo-SARS) como una emergencia de salud pública de importancia mundial<sup>(1-3)</sup>. Este nuevo coronavirus se reportó en la ciudad china de Wuhan en diciembre de 2019 cuando aparecieron varios casos de neumonía de etiología desconocida que ocasionaron el síndrome respiratorio agudo severo<sup>(4-8)</sup>, cuadro que la OMS declaró como una pandemia el 11 de marzo de 2020<sup>(9)</sup>.

Por su rápido mecanismo de transmisión, la falta de una vacuna y un tratamiento con medicamentos probados, la COVID-19 ha llegado a cambiar un estilo de vida que la humanidad consideraba como "normal".

A mayo del 2020, la COVID-19 ha infectado a más de medio millón de personas en el mundo y más de 25 000 han perdido la vida, lo que ha obligado a más de tres mil millones de seres humanos a estar en aislamiento en sus casas<sup>(1-3,10)</sup>.

Aunque en China la enfermedad se ha controlado, en otros países, incluido el Perú, el número de casos se incrementa. En nuestra nación el primer caso de COVID-19 se reportó el 6 de marzo de 2020 y para el 31 de mayo de 2020 se cuentan 155 671 casos y 4371 fallecidos<sup>(11)</sup>.

Los modelos matemáticos se utilizan para entender las transiciones epidemiológicas críticas y predecir los parámetros. Con frecuencia, el ajuste de la curva epidemiológica, los datos de vigilancia durante la transmisión temprana y otros modelos epidemiológicos se han empleado para realizar pronósticos de la pandemia de la COVID-19 en el mundo<sup>(3,12-14)</sup>.

De las técnicas estadísticas para predicción, el análisis de los datos de las series de tiempo, que se expresa simplemente como un conjunto de valores numéricos ordenados en el tiempo<sup>(15,16)</sup>, tiene como objetivo revelar estadísticas confiables y significativas, y utilizar este conocimiento para predecir los valores futuros<sup>(17-19)</sup>. De todos los modelos conocidos, el modelo pronóstico suavizado de Brown es apropiado para las series con una tendencia lineal y sin estacionalidad. Sus parámetros de suavizado son el nivel y la tendencia, que se admiten iguales. Por ello, este modelo es un caso específico del modelo de Holt y es muy análogo al modelo autorregresivo integrado de media móvil o ARIMA (por sus siglas en inglés, *autoregressive integrated moving average*)<sup>(20,21)</sup>.

Realizar el cálculo de un pronóstico va a presentar errores, y en la práctica se procura minimizar los tipos de errores optando por el mejor método de pronóstico. Por ello,

existen las medidas de precisión del pronóstico<sup>(21,22)</sup>, las cuáles se utilizan para determinar qué tan eficaz es un pronóstico a través del cálculo de su precisión con respecto a los valores reales, es decir, la precisión o medida de error de un modelo se puede probar comparando los valores observados con los valores pronosticados<sup>(16)</sup>. La determinación de la idoneidad del modelo seleccionado para el pronóstico se realiza analizando los errores de predicción. Existen muchas medidas de precisión del pronóstico, pero la mayoría de los autores recomiendan el empleo del error cuadrático medio y del porcentaje de error medio absoluto (que tiene la ventaja adicional de no ser afectado por los cambios de escala en la variable de estudio)<sup>(23)</sup>.

Lixiang Li et al.<sup>(24)</sup> encontraron en Corea, Italia e Irán, que el error de pronóstico entre el modelo y los datos oficiales era bastante pequeño. En Colombia, Díaz-Pinzón<sup>(21)</sup> reportó que el error de pronóstico fue muy bajo y correspondió al MAPE (error porcentual medio absoluto) con un 0,03 %, lo cual ajusta el pronóstico al contexto de contagio real de pacientes con COVID-19 en ese país.

Algunas de las principales preocupaciones de los gobiernos y los responsables de las políticas de salud del mundo son ¿cuándo finalizará la propagación de la COVID-19?, ¿cuál es la tendencia de este brote?, ¿cuántas personas se infectarán y cuantos perderán la vida con COVID-19 día con día? Si bien estas preguntas se podrían responder con modelos predictivos<sup>(7,25)</sup>, el presente estudio tuvo como objetivo realizar el análisis de la precisión del pronóstico de un modelo predictivo, el modelo suavizado de Brown, para predecir la propagación de la COVID-19 entre el 6 de marzo al 30 de mayo del 2020 en Perú.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### *Diseño y población*

El presente estudio fue descriptivo y estuvo basado en un análisis de series de tiempo correspondiente al período entre el 6 de marzo al 30 de mayo del 2020 en Perú. Se utilizó la información del número de casos positivos de COVID-19, que fue de 155 671 personas afectadas.

### *VARIABLES Y MEDICIONES*

Los datos provienen de la Sala situacional de COVID-19 del Perú, Instituto Nacional de Salud y Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades del Ministerio de Salud<sup>(11)</sup> los cuales sirven para obtener la precisión del pronóstico de la propagación de la COVID-19.

### *Análisis estadístico*

El programa estadístico SPSS versión 22 se utilizó para el procesamiento. Como método de predicción se analizó el modelo pronóstico suavizado de Brown que consiste en realizar dos suavizaciones exponenciales a partir de las

## Precisión del pronóstico de la dinámica de propagación de la COVID-19 en Perú

cuales se calcula el pronóstico: la primera emplea los valores observados en la serie de tiempo, y la segunda emplea la serie que ha sido obtenida mediante la primera atenuación. Debido a que los valores calculados al realizar las dos primeras atenuaciones no son los datos considerados a obtener, es decir, que formarán las inferencias de los valores que se espera que tome la serie de tiempo en el futuro cercano, se emplea una notación distinta a la de la expresión final con la cual se calculan los valores que componen en realidad el pronóstico <sup>(21,23,26)</sup>.

Las medidas de precisión que se calcularon fueron las siguientes: el error medio del pronóstico (EMP), el error medio al cuadrado (EMC), la desviación absoluta de la media (DAM) y el porcentaje de error medio absoluto (PEMA).

### Consideraciones éticas

Los datos han sido obtenidos de la Sala Situacional COVID 19-Perú, del Instituto Nacional de Salud y Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades del Ministerio de Salud. La identidad de los participantes no fue registrada. Esta información es de acceso público y abierto por lo que no se requiere de una aprobación ética.

### RESULTADOS

En la tabla 1 se muestran el promedio, la desviación estándar, el valor mínimo y valor máximo de los diferentes errores de los 86 días de observación, entre el 6 de marzo del 2020 al 30 de mayo del 2020 en Perú. El porcentaje de error medio absoluto (PEMA) fue del 9,03 %.

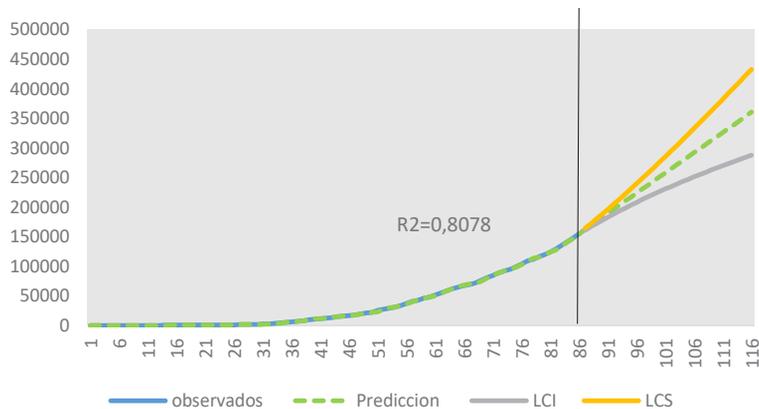
**Tabla 1.** Precisión del pronóstico para la COVID-19, entre el 18 de abril al 30 de mayo del 2020. Perú

	Error medio del pronóstico (EMP)	Error medio al cuadrado (EMC)	Desviación absoluta de la media (DAM)	Porcentaje de error medio absoluto (PEMA) (%)
Promedio	156,7	506461,3	450,6	9,03
Desviación estándar	698,3	963528,2	554,0	33,14
Mínimo	-1560	0	0	0
Máximo	2488	6190144	2488	300,00

**Fuente:** Sala Situacional COVID 19-Perú, del Instituto Nacional de Salud y Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades del Ministerio de Salud

Se observa que la línea continua de color celeste (de los casos observados o contagio real) y la línea discontinua de color verde (de los casos pronosticados o pronóstico) son muy similares entre sí y permanecen, en la mayoría del recorrido, una sobre otra, entre el 6 de marzo al 30 de mayo del 2020. De igual manera, el coeficiente de

determinación ( $R^2$ ) es igual a 0,8078, lo que indica que los datos se ajustan en un 80,78 % al modelo de predicción (Figura 1). Asimismo, se observa el pronóstico (de los próximos 30 días) del número de casos confirmados con intervalos de confianza del 95 %, el cual puede estar entre 287 284 y 432 977(Figura 1 y Tabla 2).



**Fuente:** Sala Situacional COVID 19-Perú, del Instituto Nacional de Salud y Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades del Ministerio de Salud

**Figura 1.** Casos observados (contagio real) y casos pronosticados (pronóstico de COVID-19) entre el 6 de marzo del 2020 al 30 de mayo del 2020, y pronósticos con intervalos de confianza del 95 % de nuevos casos con COVID-19 en Perú (en los próximos 30 días).

Tabla 2. Número pronosticado de casos nuevos diarios con COVID-19, con intervalos de confianza del 95 %

Intervalo de confianza: 95 %				Intervalo de confianza: 95 %			
Día	Pronóstico	LCI	LCS	Día	Pronóstico	LCI	LCS
31/05/2020	162 384	160 961	163 807	15/06/2020	264 667	234 728	294 605
1/06/2020	169 203	166 728	171 678	16/06/2020	271 486	238 915	304 056
2/06/2020	176 022	172 325	179 718	17/06/2020	278 304	243 028	313 581
3/06/2020	182 840	177 774	187 907	18/06/2020	285 123	247 070	323 176
4/06/2020	189 659	183 087	196 231	19/06/2020	291 942	251 044	332 841
5/06/2020	196 478	188 277	204 679	20/06/2020	298 761	254 949	342 573
6/06/2020	203 297	193 352	213 242	21/06/2020	305 580	258 789	352 371
7/06/2020	210 116	198 318	221 914	22/06/2020	312 399	262 564	362 233
8/06/2020	216 935	203 183	230 687	23/06/2020	319 218	266 276	372 159
9/06/2020	223 754	207 950	239 557	24/06/2020	326 036	269 926	382 147
10/06/2020	230 572	212 625	248 520	25/06/2020	332 855	273 515	392 196
11/06/2020	237 391	217 211	257 572	26/06/2020	339 674	277 044	402 304
12/06/2020	244 210	221 711	266 709	27/06/2020	346 493	280 515	412 471
13/06/2020	251 029	226 129	275 929	28/06/2020	353 312	283 928	422 696
14/06/2020	257 848	230 467	285 228	29/06/2020	360 131	287 284	432 977

Fuente: Obtenido con el modelo suavizado de Brown

## DISCUSIÓN

Los modelos de series temporales cobran importancia para predecir la dinámica de propagación y pueden contribuir a que se tomen las medidas necesarias que ayuden a superar la crisis que atraviesan el Perú y otros países del mundo. Además, resulta beneficioso crear un modelo de pronóstico confiable y adecuado que sirva como referencia para decidir sobre las estrategias que se tomen en la emergencia sanitaria y sobre la asignación de recursos médicos. En este estudio, se analiza la precisión del pronóstico del modelo suavizado de Brown para predecir la propagación de la COVID-19 en el Perú; información muy relevante ya que, según la Universidad Johns Hopkins, nuestra nación está entre los nueve países del mundo con más casos de coronavirus, y en América del Sur es el segundo, después de Brasil <sup>(27)</sup>.

En este estudio, se analiza la precisión del pronóstico del modelo suavizado de Brown para predecir la propagación de la COVID-19 en el Perú, información muy relevante ya que, según la Universidad Johns Hopkins, nuestro país está entre los nueve países del mundo con más casos de coronavirus, y en América del Sur es el

segundo, después de Brasil <sup>(27)</sup>.

Respecto a los resultados de nuestro estudio, el porcentaje de error medio absoluto (PEMA) fue del 9,03 %, lo que indica que el pronóstico del modelo está errado en dicho porcentaje; sin embargo, es posible observar en la figura 1 que, a pesar que el valor del PEMA no es muy bajo, el modelo parece ajustarse adecuadamente a los datos. El coeficiente de determinación ( $R^2$ ) nos indica en qué medida los datos se ajustan al modelo seleccionado, en este caso el  $R^2 = 0,8078$  significa que los datos se ajustan en un 80,78 %. El valor del error obtenido es alto comparado con el estudio de Díaz-Pinzón <sup>(21)</sup> que encontró un PEMA indican un mejor ajuste de los datos. El estudio realizado por Ceylan Z <sup>(16)</sup> menciona que el PEMA obtenido fue del 4,75 % para Italia; del 5,85 % para España, y del 5,63 % para Francia, pero a diferencia de este estudio, el modelo utilizado para determinar el error corresponde a los modelos ARIMA <sup>(20,21)</sup> que se utilizan ampliamente para la predicción de series temporales de enfermedades epidémicas como la fiebre hemorrágica con síndrome renal, la fiebre del dengue y la tuberculosis <sup>(16)</sup>.

El PEMA es el promedio del error absoluto o diferencia entre el riesgo real y el pronóstico. Es indicado como un porcentaje de los valores reales <sup>(21)</sup> y puede aumentar significativamente si los valores que divide el error absoluto entre los datos reales se aproximan a 0. La razón por la cual se está tomando ese valor de medición del error del modelo de pronóstico es porque si un modelo individual no tiene los valores más bajos para las otras medidas de error, como se observa en la tabla 1, el PEMA es, generalmente, la medición más recomendable. El error de un modelo de pronóstico, nos ayuda a identificar que tan exacto es nuestro pronóstico o si nuestro pronóstico se encuentra subestimado o sobreestimado.

Sobre la precisión del pronóstico de la propagación de la COVID-19 en Colombia, Díaz-Pinzón <sup>(21)</sup> encontró que durante 40 días de observación, el error de pronóstico fue muy bajo lo que indica que la predicción tenía un alto grado de confiabilidad, y ajusta el pronóstico al contexto de contagio real de pacientes con COVID-19. En otro estudio realizado por Lixiang et al. <sup>(24)</sup> sobre el análisis de propagación y predicción de la COVID-19 en Corea, Italia e Irán encontraron que el error de pronóstico entre el modelo y los datos oficiales era bastante pequeño, por lo que concluyeron que el estudio realizado podía ser una ayuda para estos países al momento de tomar decisiones sobre la pandemia.

En nuestra investigación, el valor del error de pronóstico obtenido puede deberse a que el número de casos observados por día se obtiene de los resultados positivos; es decir, de las pruebas de reacción en cadena de polimerasa (PCR) como de las pruebas serológicas (IgM e IgG), las que tienen una sensibilidad demasiado baja en la primera semana desde la aparición de los síntomas como para desempeñar un papel principal en el diagnóstico de la COVID-19 <sup>(28)</sup>.

Existe una gran preocupación en cuanto a la capacidad resolutoria del sistema de salud peruano que ha colapsado, lo que indica que no se va a poder responder eficazmente a las necesidades de los pacientes infectados que requieren atención en cuidados intensivos. En el país, el número de personas infectadas (desde el 6 de marzo) sigue una tendencia ascendente, y aunque el número total de casos confirmados sigue aumentando, el gobierno ha abierto las puertas a la nación a una nueva vida normal o “nueva normalidad”. Por otro lado, no se visualiza una tendencia a la baja y, al parecer, se necesita más tiempo para alcanzar la meseta esperada, de lo contrario, los problemas sanitarios, económicos y sociales serán inmanejables y podrían resultar en un desastre nacional.

Los modelos de series de tiempo pueden jugar un papel importante en el análisis de brotes y predicción de enfermedades. Las características de la información

disponible permiten evaluar la calidad de las series y el aspecto necesario para poder comenzar el proceso de predicción <sup>(21)</sup> y, por supuesto, la exactitud de esta predicción depende de la precisión de los datos y de la adecuación del modelo estadístico aplicado. Si se quiere identificar un modelo de pronóstico que muestre un menor error, los tipos de error se tienen que medir varias veces con diferentes modelos de pronóstico, y así poder identificar el modelo con el menor error posible. Para una comparación más precisa y perspectivas futuras, los datos deben actualizarse en tiempo real.

El pequeño número de observaciones para este tipo de algoritmos de series de tiempo es una limitación del estudio. Por otro lado, no hay evidencia adicional que pueda confirmar si el número de personas infectadas es exacto ya que solo se trabajó con el número reportado de casos de COVID-19 que han sido notificados oficialmente. Si bien estos datos son parciales, son la única fuente de información disponible para comprender la dinámica de propagación de la enfermedad.

El modelo de pronóstico utilizado en este estudio solo toma en cuenta el número acumulado de casos de COVID 19. En otras epidemias se han aplicado modelos más complejos y de mayor precisión como el modelo SIR, que estima el número teórico de personas susceptibles de enfermar (susceptibles), el número de enfermos (infectados) y el número de personas que ya no pueden transmitir la enfermedad (recuperados o fallecidos) en una población a lo largo del tiempo <sup>(29-33)</sup>.

A pesar de las limitaciones (como no contar con la precisión de los datos y no realizar varias veces la medición de los tipos de error con diferentes modelos de pronóstico), los hallazgos de este estudio aportan datos que deben servir de inicio para analizar otros modelos matemáticos de predicción más precisos y con los supuestos verificados y validados de manera adecuada por los especialistas, para que se pueda tener una visión realista de la dinámica de propagación de la COVID-19 en el Perú, de tal manera que, a medida que los pronósticos diarios de los infectados comiencen a concurrir, puede considerarse que el brote está bajo control. Sin embargo, cualquier desviación sistemática de la curva de pronóstico puede indicar que la epidemia está escapando al control <sup>(33,34)</sup>.

En conclusión, el error de precisión o porcentaje de error medio absoluto (PEMA) fue del 9,03 %, con un coeficiente de determinación ( $R^2$ ) de 0,8078 que indica que los datos se ajustan en un 80,78 % al modelo evaluado.

**Contribuciones de los autores:** Daniel Ángel Córdova Sotomayor: Recolección de los datos, diseño del estudio,

revisión de la literatura, análisis e interpretación de resultados y redacción del artículo. Flor Benigna Santa María Carlos: Recolección de los datos, revisión de la literatura, análisis e interpretación de resultados, y redacción del artículo.

**Fuentes de financiamiento:** El artículo ha sido financiado por los autores.

**Conflicto de interés:** Los autores declaran no tener ningún conflicto de interés.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Zou L, Ruan F, Huang M, Liang L, Huang H, Hong Z, et al. SARS-CoV-2 viral load in upper respiratory specimens of infected patients. *N Engl J Med*. 2020; 382(12): 1177-9.
- Xu X, Wu X, Jiang X, Xu K, Ying L, Ma C, et al. Clinical findings in a group of patients infected with the 2019 novel coronavirus (SARS-CoV-2) outside of Wuhan, China: retrospective case series. *BMJ*. 2020; 368: m606.
- Singh RK, Rani M, Bhagavathula AS, Sah R, Rodriguez-Morales AJ, Kalita H, et al. Prediction of the COVID-19 pandemic for the top 15 affected countries: Advanced Autoregressive Integrated Moving Average (ARIMA) model. *JMIR Public Health Surveill*. 2020; 6(2): e19115.
- Tang K, Huang Y, Chen M. Novel Coronavirus 2019 (Covid-19) epidemic scale estimation: topological network-based infection dynamic model. *medRxiv*. 2020.
- Nishiura H, Linton NM, Akhmetzhanov AR. Serial interval of novel coronavirus (COVID-19) infections. *Int J Infect Dis*. 2020.
- McCall B. COVID-19 and artificial intelligence: protecting health-care workers and curbing the spread. *Lancet*. 2020.
- Song PX, Wang L, Zhou Y, He J, Zhu B, Wang F, et al. An epidemiological forecast model and software assessing interventions on COVID-19 epidemic in China. *medRxiv*. 2020.
- Moftakhar L, Seif M. The exponentially increasing rate of patients infected with COVID-19 in Iran. *Arch Iran Med*. 2020; 23(4): 235-8.
- World Health Organization. Novel coronavirus (2019-nCoV) [Internet]. 2020. Disponible en: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>
- World Health Organization. Coronavirus disease (COVID-19) [Internet]. 2020. Disponible en: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>.
- Instituto Nacional de Salud y Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades del Ministerio de Salud del Perú. Sala situacional COVID-19 Perú [Internet]. 2020. Disponible en: [https://covid19.minsa.gob.pe/sala\\_situacional.asp](https://covid19.minsa.gob.pe/sala_situacional.asp).
- Kucharski AJ, Russell TW, Diamond C, Liu Y, Edmunds J, Funk S, et al. Early dynamics of transmission and control of COVID-19: a mathematical modelling study. *Lancet Infect Dis*. 2020; (5): 553-8.
- Liu Y, Gayle A, Wilder-Smith A, Rocklöv J. The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus. *J Travel Med*. 2020; 27(2).
- Pirouz B, Shaffiee Haghshenas S, Piro P. Investigating a serious challenge in the sustainable development process: analysis of confirmed cases of COVID-19 (new type of coronavirus) through a binary classification using artificial intelligence and regression analysis. *Sustainability*. 2020; 12(6): 2427.
- Fanoodi B, Malmir, B, Firouzi F. Reducing demand uncertainty in the platelet supply chain through artificial neural networks and ARIMA models. *Comput Biol Med*. 2019; 113: 103415.
- Ceylan Z. Estimation of COVID-19 prevalence in Italy, Spain, and France. *Sci Total Environ*. 2020; 729: 138817.
- Liu Q, Liu X, Jiang B, Yang W. Forecasting incidence of hemorrhagic fever with renal syndrome in China using ARIMA model. *BMC Infect Dis*. 2011; 11: 218.
- Elevli S, Uzgören N, Bingöl D, Elevli B. Drinking water quality control: control charts for turbidity and pH. *J Water Sanit Hyg Dev*. 2016; 6(4): 511-8.
- Benvenuto D, Giovanetti M, Vassallo L, Angeletti S, Ciccozzi M. Application of the ARIMA model on the COVID-2019 epidemic dataset. *Data in Brief*. 2020; 29: 105340.
- IBM. Modelos personalizados de suavizado exponencial [Internet]. 2010. Disponible en: [https://www.ibm.com/support/knowledgecenter/es/SSLVMB\\_sub/statistics\\_mainhelp\\_ddita/spss/trends/idh\\_idd\\_exp\\_smooth\\_crit.html](https://www.ibm.com/support/knowledgecenter/es/SSLVMB_sub/statistics_mainhelp_ddita/spss/trends/idh_idd_exp_smooth_crit.html)
- Díaz Pinzón JE. Precisión del pronóstico de la propagación del COVID-19 en Colombia. *Repert Med Cir*. 2020.
- Betancourt DF. Medición del error en pronósticos de demanda [Internet]. 2016. Disponible en: <https://ingenioempresa.com/medicion-error-pronostico/>
- Coutin MG. Pronósticos de mortalidad por enfermedades no transmisibles seleccionadas. *Rev Cubana Hig Epidemiol*. 2008; 46(3).
- Lixiang L, Yang Z, Dang Z, Meng C, Huang J, Meng H, et al. Propagation analysis and prediction of the COVID-19. *Infect Dis Model*. 2020; 5: 282-92.
- Zhang KK, Xie L, Lawless L, Zhou H, Gao G, Xue C. Characterizing the transmission and identifying the control strategy for COVID-19 through epidemiological modeling. *medRxiv*. 2020.
- Modelos de pronóstico. Suavización Exponencial Doble Método de Brown Ajuste a la Tendencia [Internet]. 2019. Disponible en: [http://modelosdepronosticos.info/metodo\\_de\\_suavizacion\\_exponencial\\_doble\\_metodo\\_de\\_brown.html](http://modelosdepronosticos.info/metodo_de_suavizacion_exponencial_doble_metodo_de_brown.html)
- Johns Hopkins University. Coronavirus resource center [Internet]. 2020. Disponible en: <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>
- Deeks JJ, Dinnes J, Takwoingi Y, Davenport C, Spijker R, Taylor-Phillips S, et al. Antibody tests for identification of current and past infection with SARS-CoV-2. *Cochrane Database Syst Rev*. 2020.
- Brauer F, Castillo-Chavez C, Feng Z. *Mathematical Models in Epidemiology*. 1st ed. New York: Springer; 2019.
- Mikler AR, Venkatachalam S, Abbas K. Modeling infectious diseases using global stochastic cellular automata. *J Biol Syst*. 2005; 13(4): 421-39.
- Velasco-Hernandez JX, Leite MC. A model for the A(H1N1) epidemic in Mexico, including social isolation. *Salud Pública Mex*. 2011; 53(1): 40-7.
- Heesterbeek JA. A brief history of  $R_0$  and a recipe for its calculation. *Acta Biotheor*. 2002; 50(3): 189-204.
- Manrique FG, Agudelo CA, González VM, Gutiérrez O, Téllez CF, Herrera G. Modelo SIR de la pandemia de COVID-19 en Colombia. *Rev Salud Pública*. 2020; 22(1): e185977.
- Batista M. Estimation of the final size of the second phase of coronavirus epidemic by the logistic model. *MedRxiv*. 2020.

**Correspondencia:**

Daniel Angel Córdova Sotomayor

Dirección: Av Sosa Peláez N° 1111. Block 8. Dpto 104.

Cercado de Lima, Perú.

Teléfono: 954682470

Correo electrónico: cordova.sotomayor.d@upch.pe

Recibido: 09 de junio de 2020

Evaluado: 17 de julio de 2020

Aprobado: 27 de julio de 2020

© La revista. Publicado por Universidad de San Martín de Porres, Perú.

 Licencia de Creative Commons Artículo en acceso abierto  
bajo términos de Licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional.  
(<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

**ORCID iDs**

Daniel Angel Córdova Sotomayor  <https://orcid.org/0000-0001-7373-2091>

Flor Benigna Santa María Carlos  <https://orcid.org/0000-0003-0440-8161>