

## Una aproximación estadística al comportamiento de brote de COVID-19 en la China continental

A simple statistic approximation to COVID-19 outbreak's behaviour mainland China

Héctor D. Molina-Ruiz<sup>a</sup>, Mónica García-Munguía<sup>a</sup>, Ma. de Lourdes E. García-Vargas<sup>a</sup>,  
Javier Carreón-Guillén<sup>b</sup>, Cruz García-Lirios<sup>b</sup>

---

### Abstract:

The early outbreak of COVID-19, have presented a complex scenario, over the global population's health. World's governments are warned on the epidemic actual scenario; particularly in mainland China, where the outbreak has been taken mayor contagious' scales. Present proposal explores the cubic splines statistic's tool, which uses first and second derivatives, to smooth a fitted curve, over the observations; giving the path to forecast the contagious' behaviour of COVID-19 outbreak, using four possible adjustment, natural, base 2 logarithm, base 10, logarithm and natural logarithm, to generate information which can help to understand the outbreak scenario.

### Keywords:

COVID-19, Cubic splines, Outbreak

---

### Resumen:

El brote temprano de COVID-19 ha creado un escenario complejo para la salud de la población mundial. Los gobiernos del mundo están preocupados por el escenario epidémico actual; particularmente en China continental, donde el brote se ha tomado contextos mayores. La presente propuesta explora la herramienta estadística de trazadores cúbicos, la cual utiliza un ajuste por primeras y segunda derivadas, lo cual permite suavizar la curva de ajuste entre cada punto. La herramienta de trazadores cúbicos, proporcionan la pauta para realizar el pronóstico del comportamiento correspondiente al brote de COVID-19, utilizando cuatro posibles ajustes: escala natural, logaritmo de base 2, logaritmo base 10 y logaritmo natural, con el objetivo de generar información que pueda ayudar a entender el escenario que guarda brote.

### Palabras Clave:

Brote, COVID-19, Trazadores cúbicos

---

### Introducción

Existen algunas epidemias de alcance mundial que han afectado a la población del planeta, uno de los casos más recordados es la peste bubónica, que provocó un descenso considerable en la proporción poblacional a nivel mundial. Los coronavirus pertenecen al orden "Nidovirales", en la familia "Coronaviridae", sub familia

"Coronavirinae", poseyendo 4 genes (Alpha coronavirus, beta coronavirus, gama coronavirus y delta coronavirus).

El COVID-19 (2019 n-CoV) pertenece al orden de los "Nidovirales". De acuerdo con Zhou *et al.* (2020) & Wu *et al.* (2020), el coronavirus de Wuhan (2019 n-CoV; COVID-19), se identifica como un beta coronavirus. En la figura 1 se muestra la taxonomía completa del COVID-19. Se

---

<sup>a</sup> Héctor Daniel Molina Ruiz, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, <https://orcid.org/0000-0003-4657-3237>, Email: [hmolina@uaeh.edu.mx](mailto:hmolina@uaeh.edu.mx)

<sup>a</sup> Mónica García Munguía, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, <https://orcid.org/0000-0002-0507-3933>, Email: [mgm\\_24@hotmail.com](mailto:mgm_24@hotmail.com)

<sup>a</sup> Ma. de Lourdes Elena García Vargas, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, <https://orcid.org/0000-0002-1724-4744>, Email: [maria\\_garcia10476@uaeh.edu.mx](mailto:maria_garcia10476@uaeh.edu.mx)

<sup>b</sup> Javier Carreón Guillén, Universidad Nacional Autónoma de México, <https://orcid.org/0000-0002-8915-0958>, Email: [javierng@unam.mx](mailto:javierng@unam.mx)

<sup>b</sup> Cruz García Lirios, Universidad Nacional Autónoma de México, <https://orcid.org/0000-0002-9364-6796>, Email: [garcialirios@yahoo.com](mailto:garcialirios@yahoo.com)

precisa que el coronavirus (COVID-19) pertenece al linaje “b” de la taxonomía.

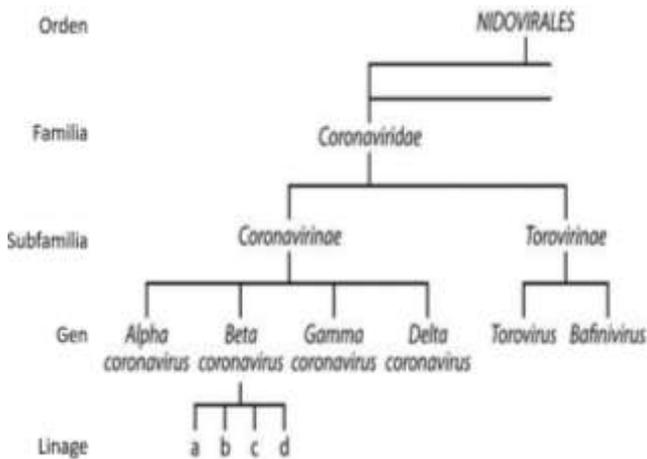


Figura 1: Taxonomía de los “Nidovirales” de acuerdo con el International Committee on Taxonomy of Viruses.

Fuente: Adaptado de Chan et al. (2015)

Con el surgimiento del nuevo coronavirus (el cual es un síndrome respiratorio agudo), perteneciente al gen “beta coronavirus” identificado inicialmente como COVID-19 y posteriormente nombrado, por la organización mundial de la salud como COVID-19, se presenta un riesgo potencialmente pandémico para la población global.

Los dos últimos síndromes respiratorios o infecciones del sistema respiratorio, con los cuales se relaciona el COVID-19 y que afectaron a los seres humanos, en recientes décadas, fueron el SARS (Severe Acute Respiratory Syndrome – Síndrome Respiratorio Agudo Severo) y el MERS (Middle Eastern Respiratory Syndrome – Síndrome Respiratorio del Medio Oriente). Ambas afecciones, corresponden de coronavirus, que brotaron en 2002 (SARS) y 2012 (MERS), matando a unas 750 y 450 personas, respectivamente.

Existe preocupación acerca del nuevo coronavirus, COVID-19, como una amenaza para la salud pública mundial (Benvenuto et al., 2020). Dicha preocupación estriba, en su dinámica de contagio y proliferación., a pesar de la reservada alerta, por parte de las instancias oficiales.

Por un lado, en Pradhan et al. (2020) se plantea que, si bien hay varias hipótesis sobre el origen del COVID-19, la fuente de este brote sigue siendo difícil de determinar. Por otro lado, en Zu et al. (2020), se expresa que, al parecer el COVID-19 proviene inicialmente de los murciélagos y fue transmitido hacia los humanos, vía pangolín o algún otro animal salvaje, cuya venta tuvo origen en el mercado de Huanan, para su subsecuente transmisión humano-a-humano.

Desde el 29 de diciembre de 2019, la infección de neumonía por COVID-19 se ha extendido rápidamente desde Wuhan, provincia de Hubei, China, a la mayoría de

las provincias y condados colindantes (Liu et al., 2020). Al iniciar el mes de febrero de 2020, se han infectado más de 14,411 personas en China continental (casos confirmados), con 304 muertes y 328 recuperados, reportados en China continental, para el 19 de febrero del año 2020, la cifra de contagiados se elevó hasta 74,675, con 2,121 muertes, según datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS). En comparación con el SARS (8,000 infectados) y el MERS (1,200 infectados), los números oficiales de COVID-19, superan a sus predecesores.

Cabe hacer mención que el reporte de cifras oficiales, por parte de la OMS, inició en 20 de enero del año 2020, publicándose la información, el día siguiente (21 de enero). En la siguiente tabla, se enumeran los principales acontecimientos en torno al COVID-19, del 31 de diciembre al 20 de enero (Tabla 1).

Tabla 1: Eventos destacados del 31 de diciembre de 2019 al 20 de enero de 2020

- El 31 de diciembre de 2019, la oficina de la OMS en China fue informada de casos de neumonía con una etiología desconocida (causa desconocida) detectada en la ciudad de Wuhan, provincia de Hubei, China. Desde el 31 de diciembre de 2019 hasta el 3 de enero de 2020, las autoridades nacionales de China notificaron a la OMS, un total de 44 pacientes con neumonía de etiología desconocida. Durante este período, el agente causal no fue identificado.
- Los días 11 y 12 de enero de 2020, la OMS recibió información detallada por parte de la Comisión Nacional de Salud de China especificando que el brote se encuentra asociado con exposiciones en un mercado de productos del mar en la ciudad de Wuhan.
- Las autoridades chinas identificaron un nuevo tipo de coronavirus, el cual se aisló el 7 de enero de 2020.
- El 12 de enero de 2020, China compartió la secuencia genética del nuevo coronavirus para que los países pudieran utilizarla en el desarrollo de kits de diagnóstico específicos.
- El 13 de enero de 2020, el Ministerio de Salud Pública de Tailandia informó el primer caso de coronavirus confirmado por laboratorio (COVID-19), importado de Wuhan, provincia de Hubei, China.
- El 15 de enero de 2020, el Ministerio de Salud, Trabajo y Bienestar, Japón (MHLW) notificó un caso importado de coronavirus, confirmado por laboratorio (COVID-19).
- El 20 de enero de 2020, el *National IHR Focal Point (NFP)* de la República de Corea, informó el primer caso de nuevo coronavirus en este país.

Fuente: WHO (2020a)

Ante posibles escenarios epidémico o pandémicos, es importante contar con herramientas que permitan generar información para la toma de decisiones. En esta propuesta se plantea una herramienta de pronóstico a través de trazadores cúbicos, la cual permite generar un panorama al respecto del posible escenario, que desarrollaría una infección epidémica o pandémica, como lo puede ser el caso del COVID-19.

### A cerca del COVID-19

El número de casos de COVID-19 ha aumentado rápidamente en China y se han transmitido a otros países (Liu *et al.*, 2020). Los patrones de transmisión de COVID-19 son similares a los patrones de transmisión documentados en brotes anteriores, incluido el contacto corporal o vía aérea con personas infectadas con el virus (Pradhan *et al.*, 2020). Cabe hacer mención que, en palabras de Lizzi (2003), existen tres mecanismos de transmisión: de la vía aérea, el cual hace referencia a gotas pequeñas, menores a 5 micras suspendidas en el aire o por partículas de polvo que contienen al microorganismo infectante, las cuales se dispersan fácilmente por corrientes de aire y pueden ser inhaladas por huésped susceptible que esté en la misma habitación o en un área que comparta la circulación de aire; por gota, para el cual la transmisión se hace a través de gotas mayores a 5 micras, de una persona infectada que tiene contacto con las membranas mucosa de la nariz, boca y conjuntivas de un huésped susceptible, estas son gotas que se generan a partir de hablar, toser o estornudar y durante procedimientos que involucren la vía aérea; y, de contacto, que implica el contacto piel a piel y la transferencia física de microorganismos hacia un huésped susceptible desde una persona infectada o colonizada, tal como ocurre cuando un paciente es rotado en su cama por el personal, se baña a un paciente o se realiza cualquier otra actividad de cuidado que requiere contacto físico.

En Zhao *et al.* (2020), estimaron que el  $R_0$  media de COVID-19 varía de 2.24 (IC 95%: 1.96-2.55) a 3.58 (IC 95%: 2.89-4.39).

Ahmed, Quadeer & McKay (2020) proporcionan un conjunto de epítomos seleccionados que pueden ayudar a guiar los esfuerzos experimentales hacia el desarrollo de vacunas contra COVID-19. Gao *et al.* (2020), mostraron que los sitios de unión del inhibidor de la proteasa de COVID-19 y SARS-CoV (coronavirus del SARS – Severe Acute Respiratory Syndrome – Síndrome Respiratorio Agudo Severo), son casi idénticos, lo que significa que todas las posibles terapias anti-SARS-CoV, también incluyen medicamentos potenciales de COVID-19. La enzima clave para la replicación del coronavirus es la *proteasa principal larga* ~ 306 aa ( $M^{pro}$ ). Según Liu y Wang (2020), la aplicación clínica en pacientes de COVID-19, de

los medicamentos para la  $M^{pro}$  del SARS-CoV, dos inhibidores de la proteasa del VIH-1 (lopinavir y ritonavir), parecen ser efectivos, lo que demuestra la importancia del medicamento para el sitio de unión con el objetivo de suprimir la actividad COVID-19  $M^{pro}$ .

### Materiales y Métodos

La función *spline*, también conocida como *cutting lead*, o trazadores, permite realizar un ajuste polinomial, que supera a los métodos tradicionales de ajuste, lineal o con polinomios de grado  $n$ . De acuerdo con Schoenberg (1964), los trazadores o *spline* fueron introducidos en la literatura en el año de 1944.

El *spline* es una función de ajuste que se representa por (Ec. 1):

$$S_n^k(X) \dots \dots \dots (1)$$

donde:

- k representa la clase del *spline* o trazador
- n representa el grado del polinomio de ajuste
- X la variable aleatoria de referencia

Como se expresa en Roncero-Peña (2013), el *spline* o trazador es una curva diferenciable definida en porciones o trozos mediante polinomios, siendo los *splines* más utilizados aquellos de grado tres o cúbicos, ya que éstos ofrecen una buena relación entre flexibilidad y velocidad de cálculo; comparando con polinomios de orden superior. En palabras de Reinsch (1967), en general, el trazador cúbico o *spline* cúbico son fácilmente evaluables, además de arrojar resultados satisfactorios, al efectuar la interpolación o ajuste. La ventaja del trazador cúbico o *spline* cúbico consiste en que la función de ajuste debe cumplir una serie de restricciones, entre las que, figuran el uso de la primera y segunda derivada de la función, las cuales, al ser coincidentes en los diferentes nodos o puntos de la función,

En Zernicke, Caldwell & Roberts (1976) se expresa que el método para la función del trazador cúbico o *spline* cúbico, ajusta a los datos de la función original, produciendo un arreglo más adecuado para la curva de ajuste.

El trazador cúbico o *spline* cúbico, se calcula para un intervalo I tal que (Ec. 2):

$$I = \{a = x_0 < x_1 < \dots < x_n = b\}. \dots \dots (2)$$

A continuación, se presentan las restricciones que debe satisfacer el trazador cúbico o *spline* cúbico, ecuaciones (3), (4), (5), (6), (7), (8) y (9):

La condición de interpolación, para los diferentes puntos que integran la muestra, está dada por:

$$s_i(x_i) = f(x_i), \quad i = 0, 1, \dots, n-1, \quad s_{n-1}(x_n) = f(x_n) \dots \dots (3)$$

Condiciones de suavización para los nodos de correspondientes a los datos, son:

$$s'_i(x_{i+1}) = s'_{i+1}(x_{i+1}), \quad i = 0, \dots, n-2 \dots \dots (4)$$

$$s''_i(x_{i+1}) = s''_{i+1}(x_{i+1}), \quad i = 0, \dots, n-2 \dots \dots (5)$$

Las condiciones sobre los extremos de los intervalos, para el trazador cúbico o *spline* cúbico en el caso del *spline* cúbico natural, están dadas por:

$$s_0''(a) = 0 \dots\dots\dots (6)$$

$$s_{n-1}''(b) = 0 \dots\dots\dots (7)$$

Las condiciones sobre los extremos de los intervalos, en el caso del *spline* cúbico sujeto, están dadas por:

$$s_0''(a) = f'(a) \dots\dots\dots (8)$$

$$s_{n-1}''(b) = f'(b) \dots\dots\dots (9)$$

Para una matemática más detallada al respecto del tópico, se pueden consultar diferentes autores (Schoenberg, 1964; Reinsch, 1967; Zernicke, Caldwell & Roberts, 1976; Wood & Jennings, 1979; Roncero-Peña, 2013).

### Resultados y discusión

A continuación, se presenta la tabla que contiene la información para el suavizamiento a través de trazadores cúbicos o *spline* cúbicos (Tabla 2).

Tabla 2: Registro de contagios confirmados en el periodo comprendido del 20 de enero al 19 de febrero del año 2020

| Día   | Periodo [Xi] | Datos Históricos para los casos confirmados [Yi] |
|-------|--------------|--|
| 01_20 | 0            | 278  |
| 01_21 | 1            | 309  |
| 01_22 | 2            | 571  |
| 01_23 | 3            | 830  |
| 01_24 | 4            | 1297   |
| 01_25 | 5            | 1985   |
| 01_26 | 6            | 2741   |
| 01_27 | 7            | 4537   |
| 01_28 | 8            | 5997   |
| 01_29 | 9            | 7736   |
| 01_30 | 10           | 9720   |
| 01_31 | 11           | 11821  |
| 02_01 | 12           | 14411  |
| 02_02 | 13           | 17238  |
| 02_03 | 14           | 20471  |
| 02_04 | 15           | 24363  |
| 02_05 | 16           | 28060  |
| 02_06 | 17           | 31211  |
| 02_07 | 18           | 34598  |
| 02_08 | 19           | 37251  |
| 02_09 | 20           | 40235  |
| 02_10 | 21           | 42708  |
| 02_11 | 22           | 44730  |
| 02_12 | 23           | 46550  |
| 02_13 | 24           | 48548  |
| 02_14 | 25           | 50054  |
| 02_15 | 26           | 51174  |
| 02_16 | 27           | 70653  |
| 02_17 | 28           | 72528  |
| 02_18 | 29           | 74280  |
| 02_19 | 30           | 74675  |

Fuente: Elaboración propia con base en WHO (2020a-z), WHO (2020aa, ab, ac, ad, ae).

En la siguiente tabla (Tabla 3) se muestra el código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos, utilizado en esta propuesta.

Tabla 3: Código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos

```
clear all; close all; clc
Periodo = [0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17
18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30];
Contagios = [278 309 571 830 1297 1985 2741 4537
5997 7736 9720 11821 14411 17238 20471 24363
28060 31211 34598 37251 40235 42708 44730 46550
48548 50054 51174 70653 72528 74280 74675];
Periodo2 = 0:1:31;
%Contagios2
=
interp1(Periodo,Contagios,Periodo2,'spline');
Contagios2 = spline(Periodo,Contagios,Periodo2);
Contagios3 = spline(Periodo,Contagios,31);
plot(Periodo,Contagios,'ko'), title('Cubic splines
adjustment'), xlabel('Period'), ylabel('COVID-19
confirmed cases'), hold on
plot(Periodo2,Contagios2,'cy','Linewidth',[1]),hold on;
plot(31,Contagios3,'ko'); hold on
31
Contagios3
```

Fuente: Elaboración propia

En la figura 2 se muestra el comportamiento del número de casos contagiados, según cifras oficiales de la OMS (Organización Mundial de la Salud).

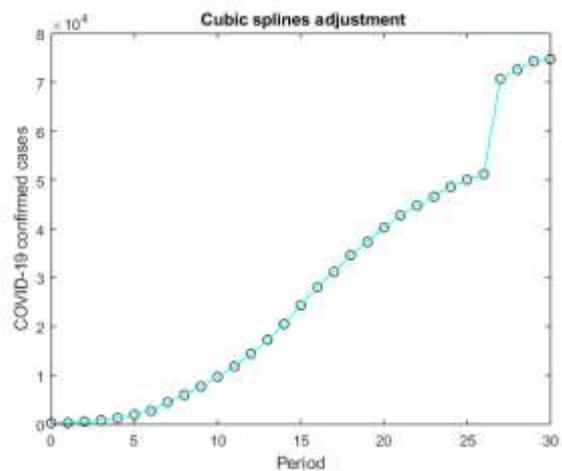


Figura 2: Ajuste por medio de trazadores cúbicos, donde la línea muestra la curva de ajuste. Fuente: Elaboración

propia, a través de la compilación de código (Tabla 3) en el programa computacional Matlab® 2017b

Para este caso, la predicción del número total de contagios es de 62,480 personas.

En la siguiente tabla (Tabla 4) se muestra el código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos, considerando el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero del año 2020, lo anterior, debido a que del periodo 26 al periodo 27 se registró un comportamiento atípico en la cantidad de contagios.

Tabla 4: Código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero

```
clear all; close all; clc
Periodo = [27 28 29 30];
Contagios = [70653 72528 74280 74675];
Periodo2 = 27:1:31;
%Contagios2 =
interp1(Periodo,Contagios,Periodo2,'spline');
Contagios2 = spline(Periodo,Contagios,Periodo2);
Contagios3 = spline(Periodo,Contagios,31);
plot(Periodo,Contagios,'ko'), title('Cubic splines adjustment'), xlabel('Period'), ylabel('COVID-19 confirmed cases'), hold on
plot(Periodo2,Contagios2,'cy','Linewidth',[1]),hold on;
plot(31,Contagios3,'ko'); hold on
31
Contagios3
```

Fuente: Elaboración propia

En la figura 3 se muestra el comportamiento del número de casos contagiados, según cifras oficiales de la OMS (Organización Mundial de la Salud), para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero del año 2020.

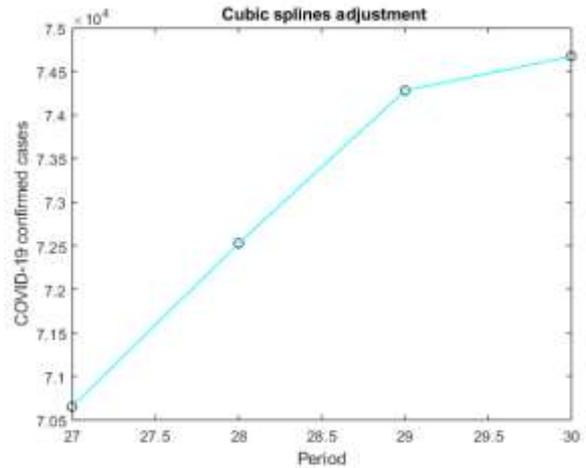


Figura 3: Ajuste por medio de trazadores cúbicos, donde la línea muestra la curva de ajuste para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero.

Fuente: Elaboración propia, a través de la compilación de código (Tabla 3) en el programa computacional Matlab® 2017b

Para este caso, la predicción del número total de contagios es de 72,479 personas, para el periodo 31, es decir para el día 20 de febrero.

En la siguiente tabla (Tabla 5) se muestra el ajuste logarítmico con base 2, base 10 y base e, de los datos contenidos en la tabla 2.

Tabla 5: Registro de contagios confirmados en el periodo comprendido del 20 de enero al 19 de febrero del año 2020, en escala logarítmica base 2, base 10 y base e (logaritmo natural)

| Día   | Periodo [Xi] | Datos Históricos (Yi) Log2 | Datos Históricos (Yi) Log10 | Datos Históricos (Yi) In |
|-------|--------------|----------------------------|-----------------------------|--------------------------|
| 01_20 | 0            | 8.118941                   | 2.44404                     | 5.62762                  |
| 01_21 | 1            | 8.271463                   | 2.48995                     | 5.73334                  |
| 01_22 | 2            | 9.157346                   | 2.75663                     | 6.34738                  |
| 01_23 | 3            | 9.696967                   | 2.91907                     | 6.72142                  |
| 01_24 | 4            | 10.34096                   | 3.11293                     | 7.16780                  |
| 01_25 | 5            | 10.95492                   | 3.29776                     | 7.59337                  |
| 01_26 | 6            | 11.42048                   | 3.43790                     | 7.91607                  |
| 01_27 | 7            | 12.14752                   | 3.65676                     | 8.42002                  |
| 01_28 | 8            | 12.55002                   | 3.77793                     | 8.69901                  |
| 01_29 | 9            | 12.91737                   | 3.88851                     | 8.95364                  |
| 01_30 | 10           | 13.24674                   | 3.98766                     | 9.18194                  |
| 01_31 | 11           | 13.52906                   | 4.07265                     | 9.37763                  |
| 02_01 | 12           | 13.81488                   | 4.15869                     | 9.57574                  |
| 02_02 | 13           | 14.07330                   | 4.23648                     | 9.75487                  |
| 02_03 | 14           | 14.32129                   | 4.31113                     | 9.92676                  |
| 02_04 | 15           | 14.57240                   | 4.38673                     | 10.10082                 |
| 02_05 | 16           | 14.77622                   | 4.44808                     | 10.24210                 |
| 02_06 | 17           | 14.92976                   | 4.49430                     | 10.34852                 |
| 02_07 | 18           | 15.07840                   | 4.53905                     | 10.45155                 |
| 02_08 | 19           | 15.18499                   | 4.57113                     | 10.52543                 |

|       |    |          |         |          |
|-------|----|----------|---------|----------|
| 02_09 | 20 | 15.29616 | 4.60460 | 10.60249 |
| 02_10 | 21 | 15.38221 | 4.63050 | 10.66214 |
| 02_11 | 22 | 15.44895 | 4.65059 | 10.70839 |
| 02_12 | 23 | 15.50649 | 4.66791 | 10.74828 |
| 02_13 | 24 | 15.56712 | 4.68617 | 10.79030 |
| 02_14 | 25 | 15.61119 | 4.69943 | 10.82085 |
| 02_15 | 26 | 15.64312 | 4.70904 | 10.84298 |
| 02_16 | 27 | 16.1084  | 4.84913 | 11.16553 |
| 02_17 | 28 | 16.14625 | 4.86050 | 11.19172 |
| 02_18 | 29 | 16.18068 | 4.87087 | 11.21559 |
| 02_19 | 30 | 16.18833 | 4.87317 | 11.22090 |

Fuente: Elaboración propia con base en WHO (2020 a-z), WHO (2020aa, ab, ac, ad, ae).

En la siguiente tabla (Tabla 6) se muestra el código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos, para la transformación logarítmica base 2, correspondiente a los datos utilizado en esta propuesta.

Tabla 6: Código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos para la transformación logarítmica base 2, en el programa computacional Matlab® 2017b

```
clear all; close all; clc
Periodo = [0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17
18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30];
Contagios = [8.118941073 8.271463028 9.157346935
9.696967526 10.34096276 10.95492329 11.42048661
12.14752294 12.55002526 12.91737208 13.2467406
13.52906447 13.81488283 14.07330478 14.32129396
14.57240417 14.77622739 14.92976696 15.07840102
15.18499153 15.29616341 15.38221872 15.44895514
15.50649355 15.56712424 15.61119774 15.64312339
16.1084632 16.14625045 16.18068619 16.18833771];
Periodo2 = 0:1:31;
%Contagios2 =
interp1(Periodo,Contagios,Periodo2,'spline');
Contagios2 = spline(Periodo,Contagios,Periodo2);
Contagios3 = spline(Periodo,Contagios,31);
plot(Periodo,Contagios,'ko'), title('Cubic splines
adjustment'), xlabel('Period'), ylabel('COVID-19
confirmed cases'), hold on
plot(Periodo2,Contagios2,'cy','Linewidth',[1]),hold on;
plot(31,Contagios3,'ko'); hold on
31
Contagios3
```

Fuente: Elaboración propia

En la figura 4 se muestra el comportamiento del número de casos contagiados, con ajuste logarítmico base 2, de acuerdo con cifras oficiales de la OMS (Organización Mundial de la Salud).

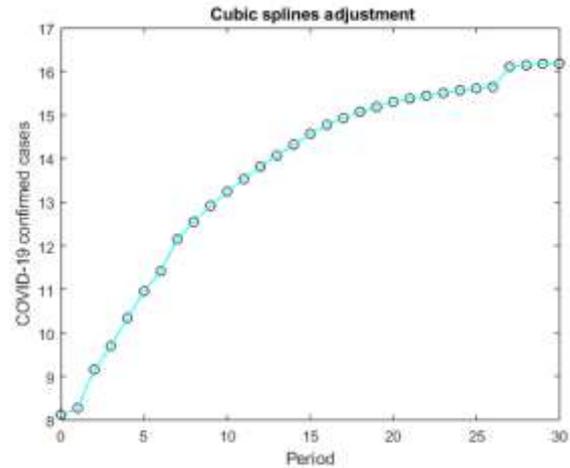


Figura 4: Ajuste por medio de trazadores cúbicos, donde la línea muestra la curva de ajuste, para la transformación logarítmica base 2. Fuente: Elaboración propia, a través de la compilación de código (Tabla 6) en el programa computacional Matlab® 2017b

Para este caso, el ajuste para la escala logarítmica resulta 15.9062, con lo cual, la predicción del número total de contagios es de 61410.59667, aproximadamente 61,411 personas.

En la siguiente tabla (Tabla 7) se muestra el código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos, para la transformación logarítmica base 2, considerando el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero del año 2020, debido al mencionado comportamiento atípico en la cantidad de contagios.

Tabla 7: Código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero, a través del ajuste logarítmico base 2

```
clear all; close all; clc
Periodo = [27 28 29 30];
Contagios = [16.1084632 16.14625045 16.18068619
16.18833771];
Periodo2 = 27:1:31;
%Contagios2 =
interp1(Periodo,Contagios,Periodo2,'spline');
Contagios2 = spline(Periodo,Contagios,Periodo2);
Contagios3 = spline(Periodo,Contagios,31);
plot(Periodo,Contagios,'ko'), title('Cubic splines
adjustment'), xlabel('Period'), ylabel('COVID-19
confirmed cases'), hold on
plot(Periodo2,Contagios2,'cy','Linewidth',[1]),hold on;
plot(31,Contagios3,'ko'); hold on
31
Contagios3
```

Fuente: Elaboración propia

En la figura 5 se muestra la transformación logarítmica base 2, del comportamiento correspondiente al número de casos contagiados, según cifras oficiales de la OMS (Organización Mundial de la Salud), para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero del año 2020.

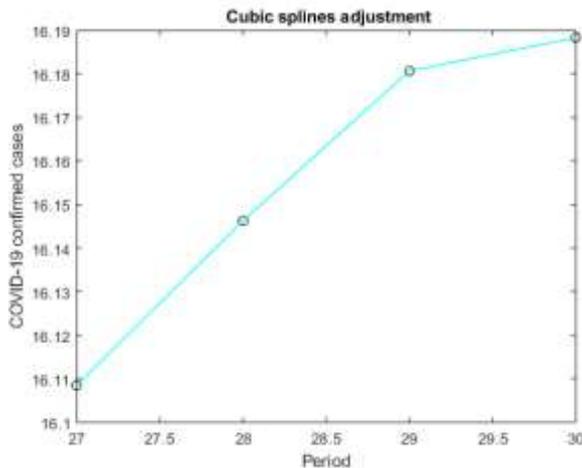


Figura 5: Ajuste por medio de trazadores cúbicos, donde la línea muestra la curva de ajuste para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero, a través del ajuste logarítmico base 2. Fuente: Elaboración propia, a través de la compilación de código (Tabla 7) en el programa computacional Matlab® 2017b

Para este caso, la predicción correspondiente al ajuste logarítmico base 2, es de 16.1458, por lo cual el número total de caso contagiados es de 72505.35846, es decir, aproximadamente 71,506 personas, para el periodo 31 (día 20 de febrero).

En la siguiente tabla (Tabla 8) se muestra el código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos, para la transformación logarítmica base 10, correspondiente a los datos utilizado en esta propuesta.

Tabla 8: Código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos para la transformación logarítmica base 2

```
clear all; close all; clc
Periodo = [0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17
18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30];
Contagios = [2.444044796 2.489958479 2.756636108
2.919078092 3.112939976 3.297760511 3.437909036
3.656768779 3.777934049 3.888516461 3.987666265
4.072654217 4.158694118 4.236486876 4.311139058
4.386730765 4.448087667 4.494307684 4.539050994
4.571137936 4.604604006 4.630509234 4.650598898
4.667919685 4.686171343 4.699438789 4.709049365
4.849130607 4.860505702 4.870871895
4.873175231];
Periodo2 = 0:1:31;
```

```
%Contagios2
interp1(Periodo,Contagios,Periodo2,'spline');
Contagios2 = spline(Periodo,Contagios,Periodo2);
Contagios3 = spline(Periodo,Contagios,31);
plot(Periodo,Contagios,'ko'), title('Cubic splines
adjustment'), xlabel('Period'), ylabel('COVID-19
confirmed cases'), hold on
plot(Periodo2,Contagios2,'cy','Linewidth',[1]),hold on;
plot(31,Contagios3,'ko'); hold on
31
Contagios3
```

Fuente: Elaboración propia

En la figura 6 se muestra el comportamiento del número de casos contagiados, con ajuste logarítmico base 10, de acuerdo con cifras oficiales de la OMS (Organización Mundial de la Salud).

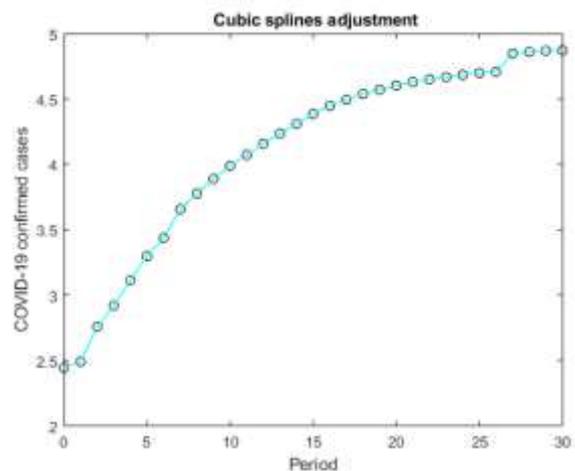


Figura 6: Ajuste por medio de trazadores cúbicos, donde la línea muestra la curva de ajuste, para la transformación logarítmica base 10. Fuente: Elaboración propia, a través de la compilación de código (Tabla 8) en el programa computacional Matlab® 2017b

Para este caso, el ajuste para la escala logarítmica resulta 4.7882, con lo cual la predicción del número total de caso contagiados es de 61404.47181, aproximadamente 61,405 personas.

En la siguiente tabla (Tabla 9) se muestra el código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos, para la transformación logarítmica base 10, considerando el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero del año 2020, debido al mencionado comportamiento atípico en la cantidad de contagios.

Tabla 9: Código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero, a través del ajuste logarítmico base 2

```
clear all; close all; clc
Periodo = [27 28 29 30];
```

```
Contagios = [4.849130607 4.860505702 4.870871895
4.873175231];
Periodo2 = 27:1:31;
%Contagios2
=
interp1(Periodo,Contagios,Periodo2,'spline');
Contagios2 = spline(Periodo,Contagios,Periodo2);
Contagios3 = spline(Periodo,Contagios,31);
plot(Periodo,Contagios,'ko'), title(' Cubic splines
adjustment'), xlabel('Period'), ylabel('COVID-19
confirmed cases'), hold on
plot(Periodo2,Contagios2,'cy','Linewidth',[1]),hold on;
plot(31,Contagios3,'ko'); hold on
31
Contagios3
```

Fuente: Elaboración propia

En la figura 7 se muestra la transformación logarítmica base 10, del comportamiento correspondiente al número de casos contagiados, según cifras oficiales de la OMS (Organización Mundial de la Salud), para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero del año 2020.

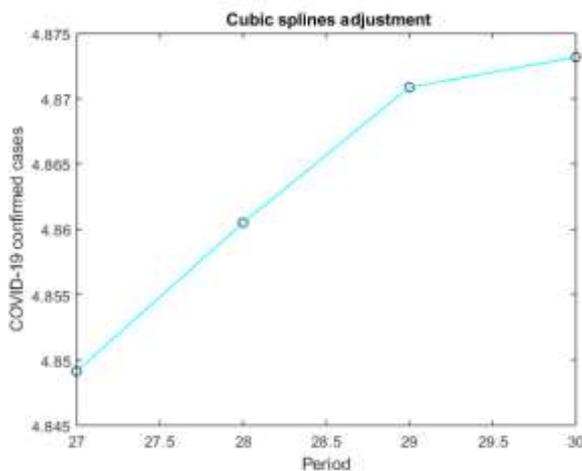


Figura 7: Ajuste por medio de trazadores cúbicos, donde la línea muestra la curva de ajuste para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero, a través del ajuste logarítmico base 10. Fuente: Elaboración propia, a través de la compilación de código (Tabla 9) en el programa computacional Matlab® 2017b

Para este caso, la predicción correspondiente al ajuste logarítmico base 10, es de 4.8604, por lo cual el número total de caso contagiados es de 72510.34976, es decir, aproximadamente 71,511 personas, para el periodo 31 (día 20 de febrero).

En la siguiente tabla (Tabla 10) se muestra el código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos, para la transformación logarítmica base e (logaritmo natural), correspondiente a los datos utilizado en esta propuesta.

Tabla 10: Código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos para la transformación logarítmica base e (logaritmo natural)

```
clear all; close all; clc
Periodo = [0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17
18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30];
Contagios = [5.627621114 5.733341277 6.34738921
6.721425701 7.167809184 7.593374193 7.916078096
8.42002128 8.699014623 8.953640037 9.181940897
9.37763289 9.575747083 9.754871528 9.926764529
10.10082087 10.24210035 10.34852588 10.45155116
10.52543407 10.60249254 10.66214154 10.7083997
10.74828228 10.79030828 10.8208577 10.84298687
11.16553585 11.19172797 11.21559702
11.22090064];
Periodo2 = 0:1:31;
%Contagios2
=
interp1(Periodo,Contagios,Periodo2,'spline');
Contagios2 = spline(Periodo,Contagios,Periodo2);
Contagios3 = spline(Periodo,Contagios,31);
plot(Periodo,Contagios,'ko'), title(' Cubic splines
adjustment'), xlabel('Period'), ylabel('COVID-19
confirmed cases'), hold on
plot(Periodo2,Contagios2,'cy','Linewidth',[1]),hold on;
plot(31,Contagios3,'ko'); hold on
31
Contagios3
```

Fuente: Elaboración propia

En la figura 8 se muestra el comportamiento del número de casos contagiados, con ajuste logarítmico base e (logaritmo natural), de acuerdo con cifras oficiales de la OMS (Organización Mundial de la Salud).

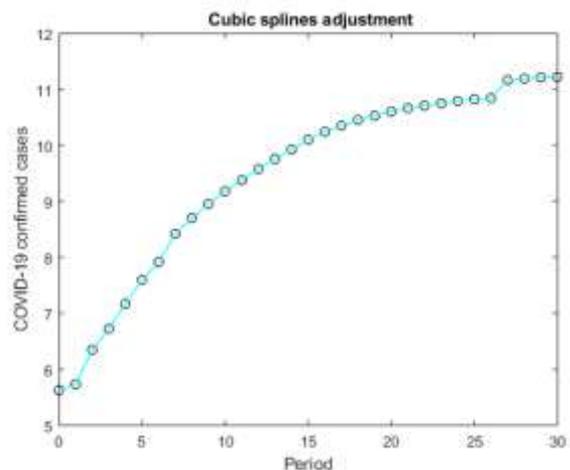


Figura 8: Ajuste por medio de trazadores cúbicos, donde la línea muestra la curva de ajuste, para la transformación logarítmica base e (logaritmo natural).

Fuente: Elaboración propia, a través de la compilación de código (Tabla 6) en el programa computacional Matlab® 2017b

Para este caso, el ajuste para la escala logarítmica resulta 11.0253, con lo cual la predicción del número total de caso contagiados es de 61408.28255, aproximadamente 61,409 personas.

En la siguiente tabla (Tabla 11) se muestra el código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos, para la transformación logarítmica base e (logaritmo natural), considerando el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero del año 2020, debido al mencionado comportamiento atípico en la cantidad de contagios.

Tabla 11: Código utilizado para el ajuste por medio de trazadores cúbicos para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero, a través del ajuste logarítmico base e (logaritmo natural)

```
clear all; close all; clc
Periodo = [27 28 29 30];
Contagios = [11.16553585 11.19172797 11.21559702 11.22090064];
Periodo2 = 27:1:31;
%Contagios2 =
interp1(Periodo,Contagios,Periodo2,'spline');
Contagios2 = spline(Periodo,Contagios,Periodo2);
Contagios3 = spline(Periodo,Contagios,31);
plot(Periodo,Contagios,'ko'), title('Cubic splines adjustment'), xlabel('Period'), ylabel('COVID-19 confirmed cases'), hold on
plot(Periodo2,Contagios2,'cy','Linewidth',[1]),hold on;
plot(31,Contagios3,'ko'); hold on
31
Contagios3
```

Fuente: Elaboración propia

En la figura 9 se muestra la transformación logarítmica base e (logaritmo natural), del comportamiento correspondiente al número de casos contagiados, según cifras oficiales de la OMS (Organización Mundial de la Salud), para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero del año 2020.

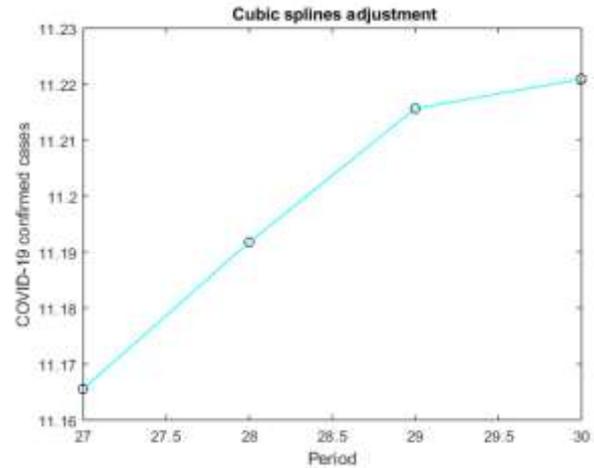


Figura 9: Ajuste por medio de trazadores cúbicos, donde la línea muestra la curva de ajuste para el periodo 27 a 30, correspondiente a los días 16 al 19 de febrero, a través del ajuste logarítmico base e (logaritmo natural). Fuente: Elaboración propia, a través de la compilación de código (Tabla 11) en el programa computacional Matlab® 2017b

Para este caso, la predicción correspondiente al ajuste logarítmico base e (logaritmo natural), es de 11.1914, por lo cual el número total de caso contagiados es de 72504.21666, es decir, aproximadamente 71,505 personas, para el periodo 31 (día 20 de febrero).

En la siguiente tabla (Tabla 12) se resumen los resultados para el pronóstico de contagios, correspondientes al periodo 31 (día 20 de febrero).

Tabla 12: Pronóstico de contagios para el periodo 31 (20 de febrero), de acuerdo a los ajustes logarítmicos base 2, 10 y e (logaritmo natural)

|  | Ajuste logarítmico base 2 | Ajuste logarítmico base 10 | Ajuste logarítmico base e |
|--|---------------------------|----------------------------|---------------------------|
| Resultado de ajuste para periodo 0 a 30                                  | 15.9062                   | 4.7882                     | 11.0253                   |
| Conversión de ajuste para periodo 0 a 30, a la potencia correspondiente  | 61410.59667               | 61404.47181                | 61408.28255               |
| Resultado de ajuste para periodo 27 a 30                                 | 16.1458                   | 4.8604                     | 11.1914                   |
| Conversión de ajuste para periodo 27 a 30, a la potencia correspondiente | 72505.35846               | 72510.34976                | 72504.21666               |

Fuente: Elaboración propia

## Discusión

El COVID-19 ha emergido como una alarma global, debido a la posibilidad de un escenario pandémico, en este contexto, es importante generar herramientas de monitoreo para esta temática de actualidad.

Los métodos de pronóstico tradicionales muestran buenas características para la realización de un ajuste que permita la generación de información para la toma de decisiones. El pronóstico mediante trazadores cúbicos (*cubic splines*), aporta mejores ajustes a la serie de datos debido al uso de primeras y segundas derivadas, para el ajuste inter-segmento. Para el caso de la presente propuesta se observa que la cantidad de contagios pronosticados es consistente con los datos recopilados, en los reportes situacionales, emitidos por la organización mundial de la salud.

## Referencias

- Ahmed, F., Quadeer, A.A. & McKay, R.M. (2020). Preliminary identification of potential vaccine targets for COVID-19 based on SARS-CoV immunological studies, DOI: [10.1101/2020.02.03.933226], URL: [https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.02.03.933226v1.full].
- Benvenuto, D., Giovanetti, M., Ciccozzi, A., Spoto, S., Angeletti, A. & Ciccozzi, M., (2020). The 2019-new coronavirus epidemic: Evidence for virus evolution, Journal of Medical Virology, DOI: [10.1002/jmv.25688], URL: [https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/jmv.25688].
- Chan, J.F.W., Lau, S.K.P., To, K.K.W., Cheng, V.C.C., Woo, P.C.Y., Yuen, K.Y. Middle East respiratory syndrome coronavirus: another zoonotic betacoronavirus causing SARS-like disease. Clinical Microbiology Reviews, (2015), 28(2), 465 – 522, American Society for Microbiology DOI: [10.1128/CMR.00102-14], URL: [https://cmr.asm.org/content/28/2/465.full].
- Gao, K., Nguyen, D.D., Wang, R. & Wei, W. (2020). Machine intelligence design of COVID-19 drugs, DOI: [10.1101/2020.01.30.927889], URL: [https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.30.927889v1.full].
- Liu, T., Hu, J., Kang, M., Lin, L., Zhong, H., Xiao, J., He, G., Song, T., Huang, Q., Rong, Z., Deng, A., Zeng, W., Tan, X., Zeng, W., Zhu, Z., Li, J., Wan, D., Lu, J., Deng, H., He, J. & Ma, W. (2020). Transmission dynamics of 2019 novel coronavirus (COVID-19), DOI: [10.1101/2020.01.25.919787], URL: [https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.25.919787v1.full].
- Liu, X. & Wang, X.J. (2020). Potential inhibitors for COVID-19 coronavirus M protease from clinically approved medicines, DOI: [10.1101/2020.01.29.924100], URL: [https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.29.924100v1.full].
- Lizzi, A. (2003). Transmisión de enfermedades, IntraMed, URL: [https://www.intramed.net/contenido.asp?contenido=22745&pagina=3].
- Pradhan, P., Pandey, A.K., Mishra, A., Gupta, P., Tripathi, P.K., Menon, M.B., Gomes, J., Vivekanandan, P. & Kundu, B (2020). Uncanny similarity of unique inserts in the COVID-19 spike protein to HIV-1 gp120 and Gag, DOI: [10.1101/2020.01.30.927871], URL: [www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.30.927871v1.full#ref-17].
- Reinsch, C.H. (1967). Smoothing by spline functions, Numerische Mathematik, 10(3), 177—183, DOI: 10.1007/BF02162161, URL: [https://link.springer.com/article/10.1007/BF02162161].
- Roncero-Peña, B. (2013). Splines cúbicos suavizantes en el diseño naval, Tesis para la obtención de grado como Ingeniero Naval y Oceánico, Departamento de Matemática Aplicada y Estadística, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Naval y Oceánica, Universidad Politécnica de Cartagena, URL: [http://repositorio.upct.es/handle/10317/3641?show=full].
- Schoenberg, I. J. (1964). On Interpolation by Spline Functions and its Minimal Properties, En: Approximation Theory / Über Approximationstheorie, 109–129, DOI: [10.1007/978-3-0348-4131-3\_12], URL: [https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-0348-4131-3\_12].
- WHO (2020a). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 1, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200121-sitrep-1-2019-ncov.pdf].
- WHO (2020b). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 2, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200122-sitrep-2-2019-ncov.pdf].
- WHO (2020c). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 3, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200123-sitrep-3-2019-ncov.pdf].
- WHO (2020d). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 4, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200124-sitrep-4-2019-ncov.pdf].
- WHO (2020e). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 5, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200125-sitrep-5-2019-ncov.pdf].
- WHO (2020f). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 6, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200126-sitrep-6-2019-ncov.pdf].
- WHO (2020g). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 7, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200127-sitrep-7-2019-ncov.pdf].
- WHO (2020h). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 8, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200128-sitrep-8-ncov-cleared.pdf].
- WHO (2020i). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 9, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200129-sitrep-9-ncov-v2.pdf].
- WHO (2020j). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 10, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200130-sitrep-10-ncov.pdf].
- WHO (2020k). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 11, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200131-sitrep-11-ncov.pdf].
- WHO (2020l). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 12, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200201-sitrep-12-ncov.pdf].
- WHO (2020m). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 13, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200202-sitrep-13-ncov-v3.pdf].
- WHO (2020n). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 14, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/situation-reports/20200203-sitrep-14-ncov.pdf].

- WHO (2020o). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 15, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200204-sitrep-15-ncov.pdf].
- WHO (2020p). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 16, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200205-sitrep-16-ncov.pdf].
- WHO (2020q). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 17, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200206-sitrep-17-ncov.pdf].
- WHO (2020r). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 18, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200207-sitrep-18-ncov.pdf].
- WHO (2020s). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 19, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200208-sitrep-19-ncov.pdf].
- WHO (2020t). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 20, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200209-sitrep-20-ncov.pdf].
- WHO (2020u). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 21, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200210-sitrep-21-ncov.pdf].
- WHO (2020v). Novel Coronavirus (2019-nCoV), Situation Report – 22, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200211-sitrep-22-ncov.pdf].
- WHO (2020w). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 23, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200212-sitrep-23-ncov.pdf].
- WHO (2020x). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 24, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200213-sitrep-24-covid-19.pdf].
- WHO (2020y). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 25, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200214-sitrep-25-covid-19.pdf].
- WHO (2020z). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 26, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200215-sitrep-26-covid-19.pdf].
- WHO (2020aa). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 27, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200216-sitrep-27-covid-19.pdf].
- WHO (2020ab). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 28, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200217-sitrep-28-covid-19.pdf].
- WHO (2020ac). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 29, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200218-sitrep-29-covid-19.pdf].
- WHO (2020ad). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 30, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200219-sitrep-30-covid-19.pdf].
- WHO (2020ae). Corona virus disease 2019 (COVID-19), Situation Report – 31, World Health Organization, URL: [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200220-sitrep-31-covid-19.pdf].
- Wood, G. A. & Jennings, L. S. (1979). On the use of spline functions for data smoothing. *Journal of Biomechanics*, 12(6), 477–479, DOI: [10.1016/0021-9290(79)90033-2], URL: [https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/0021929079900332?via%3Dihub].
- Wu, F., Zhao, S., Yu, B., Chen, Y.M., Wang, W., Hu, Y., Song, Z.G., Tao, Z.W., Tian, J.H., Pei, Y.Y., Yuan, M.L., Zhang, Y.L., Dai, F.H., Liu, Y., Wang, Q.M., Zheng, J.J., Xu, L., Holmes, E.C. & Zhang, Y.Z. Complete genome characterization of a novel coronavirus associated with severe human respiratory disease in Wuhan, China, (2020), DOI: [10.1101/2020.01.24.919183], URL: [https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.24.919183v2.full].
- Zemicke, R. F., Caldwell, G. & Roberts, E. M. (1976). Fitting Biomechanical Data with Cubic Spline Functions, *Research Quarterly. American Alliance for Health, Physical Education and Recreation*, 47(1), 9–19. DOI: [10.1080/10671315.1976.10615335], URL: [https://shapeamerica.tandfonline.com/doi/10.1080/10671315.1976.10615335#.XcwOsDNKjIU].
- Zhao, S., Lin, Q., Ran, J., Musa, S.S., Yang, G., Wang, W., Lou, Y., Gao, D., Yang, L., He, D. & Wang, M.H. (2020). Preliminary estimation of the basic reproduction number of novel coronavirus (COVID-19) in China, from 2019 to 2020: A data-driven analysis in the early phase of the outbreak, DOI: [10.1016/j.ijid.2020.01.050], URL: [https://www.ijidonline.com/article/S1201-9712(20)30053-9/fulltext].
- Zhou, P., Yang, X.L., Wang, X.G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., Si, H.R., Zhu, Y., Li, B., Huang, C.L., Chen, H.D., Chen, J., Luo, Y., Guo, H., Jiang, R.D., Liu, M.Q., Chen, Y., Shen, X.R., Wang, X., Zheng, X.S., Zhao, K., Chen, Q.J., Deng, F., Liu, L.L., Yan, B., Zhan, F.X., Wang, Y.Y., Xiao, G. & Shi, Z.L. Discovery of a novel corona virus associated with the recent pneumonia outbreak in humans and its potential bat origin, (2020), DOI: [10.1101/2020.01.22.914952], URL: [https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.22.914952v2.full.pdf].
- Zu, Z.Y., Jiang, M.D., Xu, P.P., Chen, W., Ni, Q.Q., Lu, G.M. & Zhang, L.G. (2020). Corona virus Disease 2019 (COVID-19): A Perspective from China, DOI: [10.1148/radiol.202000490], URL: [https://pubs.rsna.org/doi/10.1148/radiol.202000490].