

Modelación de COVID-19 en Ecuador

COVID-19 modeling in Ecuador

Francisco Vera

Recepción: 23/07/2020 **Aceptación:** 30/09/2020 **Publicación:** 20/10/2020

Abstract Due to the COVID-19 pandemic that has affected us since the beginning of 2020; this work was carried out in order to present a mathematical model that allows to understand the dynamics of coronavirus or COVID-19 in Ecuador. The study was carried out using official sources, the purpose of this article is to know the evolution of this disease in the country in relation to the need to reactivate the economic system. *SEIR* and *SEIMR* models were used as the basis, including the effect of curfew, as well as cases that are not part of the official sources. This work is concluded with the presentation of the model and projections until the end of 2020.

Keywords COVID-19, mathematical model, SEIMR, SEIR.

Resumen Debido a la pandemia del COVID-19 que nos afecta desde inicios del 2020; se realizó este trabajo con el fin de presentar un modelo matemático que permita comprender la dinámica del coronavirus o COVID-19 en Ecuador. El estudio se realizó utilizando datos oficiales, cuyo fin es conocer la evolución de esta enfermedad en el país en relación con la necesidad de reactivar el sistema económico. Se utilizaron como base los modelos *SEIR* y *SEIMR*, se incluye el efecto del toque de queda, así como los casos que no forman parte de las cifras oficiales. Se concluye este trabajo con la presentación del modelo y las proyecciones hasta el final del año 2020.

Palabras Claves COVID-19, modelo matemático, SEIMR, SEIR.

Francisco Vera, Ph.D. en Estadística

Docente, ESPOL Polytechnic University, Escuela Superior Politécnica del Litoral, ESPOL, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas (FCNM), Campus Gustavo Galindo Km. 30.5 Vía Perimetral P.O. Box 09-01-5863, Guayaquil, Ecuador, e-mail: fvera@espol.edu.ec,

 <https://orcid.org/0000-0001-6541-7243>

1 Introducción

El 31 de diciembre de 2019, la comisión de salud provincial de Wuhan, China, reportó un aumento inusual de casos de neumonía del que, más tarde, se identificaría su causa: el nuevo coronavirus COVID-19. El 30 de enero de 2020 la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró la situación como una emergencia de salud pública de preocupación internacional y el 11 de marzo fue declarada como pandemia (World Health Organization, WHO, 2020). Desde entonces, en un esfuerzo por detener el avance de la pandemia, muchos países impusieron reglas de aislamiento social en sus poblaciones.

El 27 de febrero se descubrió el primer caso en Ecuador de una persona que habría ingresado al país el 14 de febrero, y al día siguiente comenzaron sus síntomas. El 11 de marzo se declara el estado de emergencia sanitaria en el sistema nacional de salud, y dos días después se activa el Comité de Operaciones de Emergencia, COE (2020), el mismo día del primer fallecimiento por COVID-19 (Ministerio de Salud Pública, MSP, 2020) .

El 17 de marzo, para frenar el paso de la pandemia, entró en vigencia un toque de queda en todo el territorio ecuatoriano que impedía la libre movilización de los ciudadanos. Desde entonces las actividades económicas han estado restringidas, afectando la vida de todos los habitantes del territorio nacional.

Aunque es importante reabrir la economía lo antes posible, es importante hacerlo de una manera que impida o minimice un rebrote de la epidemia en el país. Uno de los factores importantes que se deben tomar en cuenta es saber cuántas personas infecciosas hay en el territorio nacional. Sin embargo, uno de los problemas del COVID-19 es que un gran número de personas contagian a otros sin siquiera saber que tienen la enfermedad (Lavezzo et al., 2020; R. Li et al., 2020; Aguirre-Duarte, 2020). Además, es muy probable que en Ecuador muchas personas se hayan quedado en casa pensando que tenían simplemente una gripe muy fuerte, y no hayan buscado la ayuda de médicos o entidades gubernamentales. Tanto es así que el disparo de las cifras de muertes en el país no está en concordancia con lo que reflejan las cifras oficiales de muertes por el coronavirus. Todo esto dificulta la estimación efectiva del número de infecciosos en el país.

Este documento presenta un modelo matemático para comprender la dinámica de esta epidemia en Ecuador. El modelo propuesto incluye el efecto del toque de queda, así como los casos que no forman parte de las cifras oficiales. La estimación de los parámetros epidemiológicos está basada en los casos acumulados reportados por el COE. También mostramos la proyección de la curva de personas infecciosas que permitirá tomar decisiones acertadas sobre las restricciones en la población.

2 Modelos epidemiológicos

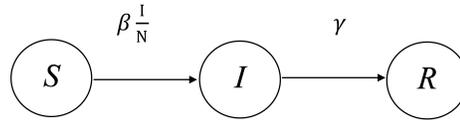
Los modelos matemáticos que utilizaremos en este documento para explicar la dinámica del COVID-19 en Ecuador son adaptaciones del modelo *SIR* (Kermack

y McKendrick, 1927). Variaciones de estos modelos se han utilizado con éxito por décadas para explicar la dinámica de epidemias (Keeling y Rohani, 2008; Vynnycky y White, 2010). Este tipo de modelo divide a la población en varios compartimientos y utiliza ecuaciones diferenciales ordinarias para explicar la dinámica temporal entre los compartimientos.

Por ejemplo, el modelo *SIR* más básico divide a una población de tamaño N en tres compartimientos: *Susceptibles*, *Infecciosos* y *Recuperados*, tal que $N = S + I + R$. Los susceptibles son personas que aún no han tenido la enfermedad pero podrían contagiarse, los infecciosos son los que están contagiando a otros y los recuperados son los que ya no están contagiando la enfermedad, ya sea porque se han recuperado, porque han fallecido o porque se han aislado del resto de la población. Para el caso ecuatoriano, estamos suponiendo que la población es de 17 510 643 personas (Instituto Nacional de Estadísticas y Censos, INEC, 2020).

Las ecuaciones diferenciales del modelo *SIR* clásico junto con un diagrama se describen a continuación:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I}{N} S \\ \frac{dI}{dt} &= +\beta \frac{I}{N} S - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned}$$



Suponiendo que el tiempo t está medido en días, el parámetro β se puede interpretar como el número promedio de contagios que una persona infecciosa realiza por día cuando la mayor parte de la población es susceptible. El parámetro γ es la tasa de recuperación, y se la puede interpretar como $1/T_r$, donde T_r es el tiempo promedio que transcurre desde que una persona es infecciosa hasta que deja de contagiar a otros, ya sea por aislamiento, recuperación o fallecimiento.

El comportamiento de la epidemia depende en gran medida del *número de reproducción básico* $R_0 = \beta/\gamma$, que mide el número promedio de contagios directos que realiza una persona contagiada durante todo el período en el que se mantiene infeccioso.

La estimación de los parámetros de los modelos se realiza por el *método de máxima verosimilitud*. Supondremos que el número de casos en un compartimiento C en un día t es una variable aleatoria $Y_t^{(C)}$ con distribución Poisson con parámetro $\lambda_t^{(C)}$ dependiente de la solución de las ecuaciones diferenciales. Por ejemplo, el número

ro de personas susceptibles el día t es $Y_t^{(S)}$, el cuál sigue una distribución Poisson con parámetro $\lambda_t^{(S)} = S(t)$. Supondremos además que todas estas frecuencias son independientes, por lo que la media de la Poisson sólo depende de la solución del sistema de ecuaciones.

Bajo estos supuestos, el logaritmo de verosimilitud para cualquier compartimiento es

$$L = - \sum_t \lambda_t^{(C)} + Y_t^{(C)} \log \lambda_t^{(C)} - \log Y_t^{(C)}!$$

El sistema de ecuaciones diferenciales y la maximización de la verosimilitud son resueltas empleando métodos numéricos.

Para comparar los modelos utilizamos la *desvianza* D , que se define como $D = 2(L_s - L)$, donde L_s es el logaritmo de verosimilitud del modelo saturado, en el que los parámetros de la Poisson son iguales a las observaciones, *i.e.*,

$$L_s = - \sum_t Y_t^{(C)} + Y_t^{(C)} \log Y_t^{(C)} - \log Y_t^{(C)}!$$

La desvianza entonces es igual a

$$D = 2 \sum_t \left[\left(\lambda_t^{(C)} - Y_t^{(C)} \right) + Y_t^{(C)} \log \left(\frac{Y_t^{(C)}}{\lambda_t^{(C)}} \right) \right]$$

Entre más pequeña es la desvianza, mejor es el ajuste del modelo a los datos observados.

Para estimar los modelos estamos usando los datos publicados por el COE nacional con los casos confirmados por PCR (Comité de Operaciones de Emergencia, COE, 2020).

2.1 Modelo SEIMR

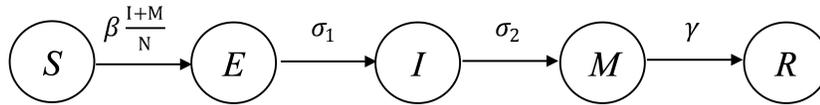
El COVID-19 tiene un período de incubación de 5.2 días (Q. Li et al., 2020). Este es el tiempo promedio que transcurre desde el momento que una persona se contagia hasta el inicio de los síntomas. No obstante, el paciente comienza a contagiar a otros 2.5 días antes del inicio de síntomas (He et al., 2020; Arons et al., 2020).

Para este documento teníamos disponible la fecha de inicio de síntomas de cada caso oficial de COVID-19, pero no teníamos la fecha de recuperación ni la fecha de aislamiento, aunque sí teníamos fecha de fallecimiento. Además, para cada caso tenemos disponible la fecha de notificación, es decir, cuándo llegaron a formar parte de los casos positivos. Esta última fecha es importante ya que para la fecha en que se redactó este documento, la información aún era dinámica y se estaban descubriendo casos que habían iniciado sus síntomas varios días antes. Con esta información se estimó para cada día cuántos casos faltaban y se ajustaron los casos reales antes de realizar las estimaciones correspondientes.

Para que la dinámica de la epidemia sea lo más realista posible, proponemos el uso de un modelo *SEIMR*, con compartimientos *S* para los *S*usceptibles, *E* para personas *E*xpuestas al virus que están en período de incubación y no están contagiando a otros, *I* para personas *I*nfeciosas que ya está contagiando a otros pero sus síntomas aún no se manifiestan, *M* personas con *M*anifestación de síntomas que están infectando a otros y *R* personas que han dejado de infectar, ya sea por *R*ecuperación, aislamiento o muerte. En el caso de Ecuador parece que la causa más probable por la que una persona deja de infectar a otros es el aislamiento.

Las ecuaciones diferenciales del modelo y el correspondiente diagrama se muestran a continuación:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I+M}{N} S \\ \frac{dE}{dt} &= +\beta \frac{I+M}{N} S - \sigma_1 E \\ \frac{dI}{dt} &= +\sigma_1 E - \sigma_2 I \\ \frac{dM}{dt} &= +\sigma_2 I - \gamma M \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma M \end{aligned}$$



Cabe notar que la expresión matemática para el número de reproducción básico de este modelo es

$$R_0 = \beta \left(\frac{1}{\sigma_2} + \frac{1}{\gamma} \right)$$

Tenemos las fechas de inicio de síntomas, pero no las fechas de recuperación ni las fechas de contagios. Por tal motivo, aunque no conocemos $Y_t^{(M)}$ ni $Y_t^{(R)}$, sí conocemos la suma $Y_t^{(M+R)} = Y_t^{(M)} + Y_t^{(R)}$, que sería el número de casos acumulados por fecha de inicio de síntomas. Suponemos que este número es Poisson con parámetro $\lambda_t^{(M+R)} = M(t) + R(t)$. Consideramos además que el 17 de marzo hubo un toque de queda, por lo que la dinámica de la epidemia antes de esa fecha se da en toda la población. En tal virtud, emplearemos sólo los casos antes del toque de queda. Supondremos además que $\sigma_1 = 1/2.7$, $\sigma_2 = 1/2.5$ y $\gamma = 1/4$.

El estimador de máxima verosimilitud obtenido es $\hat{\beta} = 0.5854335$. El número de reproducción básico estimado es $\hat{R}_0 = 3.8053175$. Es decir que, según este modelo, cada persona infectada contagia en promedio a 3.8 personas más durante el curso de su enfermedad. La figura 1 permite comparar los casos acumulados antes del toque de queda con la media estimada del modelo *SEIMR*.

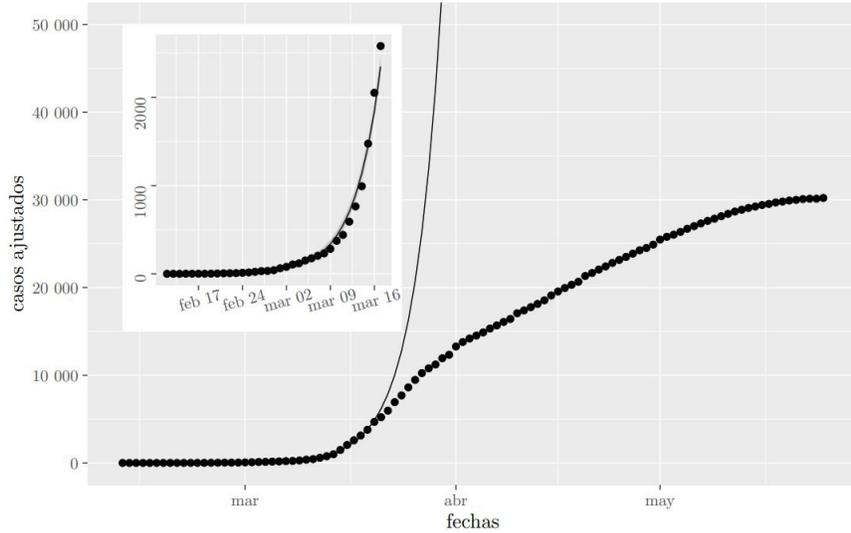


Figura 1: Modelo *SEIMR* ($M(t) + R(t)$) Ajustado a los casos del 12 de febrero al 17 de marzo

Fuente: Creación Propia

2.2 Modelación del toque de queda

El modelo estimado con los casos ocurridos antes del toque de queda proyecta que para el 15 de abril habrían 2 215 530 casos totales. Sin embargo, la medida logra que los infectados ya no contagien a tantas personas. Para capturar este efecto, supondremos que el parámetro β depende del tiempo, y que toma dos valores posibles, *i.e.*,

$$\beta^{(t)} = \begin{cases} \beta_1 & t < 17 \text{ de marzo} \\ \beta_2 & t \geq 17 \text{ de marzo} \end{cases}$$

Los estimadores de máxima verosimilitud para este modelo son $\hat{\beta}_1 = 0.5972129$ y $\hat{\beta}_2 = 0.1332731$. Los números de reproducción básicos para este modelo son

$R_{01} = 3.8818837$ antes del toque de queda y $R_{02} = 0.866275$ durante el toque de queda. La desviación de este modelo, calculada con todos los casos acumulados del 12 de febrero al 25 de mayo es de 982.5341321. La figura 2 muestra la curva estimada y los casos acumulados reales.

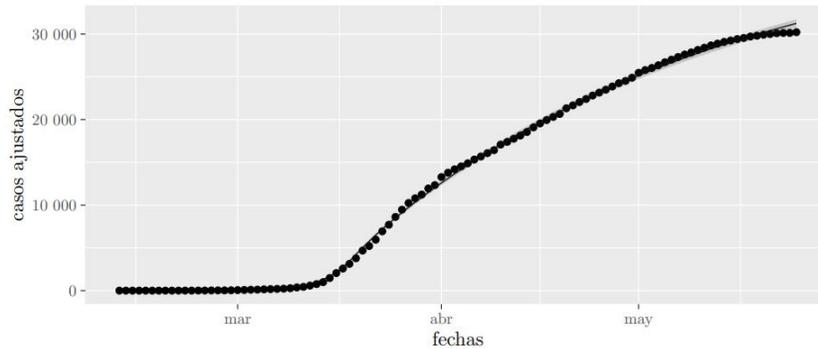


Figura 2: Modelo $SEIMR$ ($M(t) + R(t)$) con $\hat{\beta}_1 = 0.5972$, $\hat{\beta}_2 = 0.1333$ Desde el 12 de febrero hasta el 25 de mayo

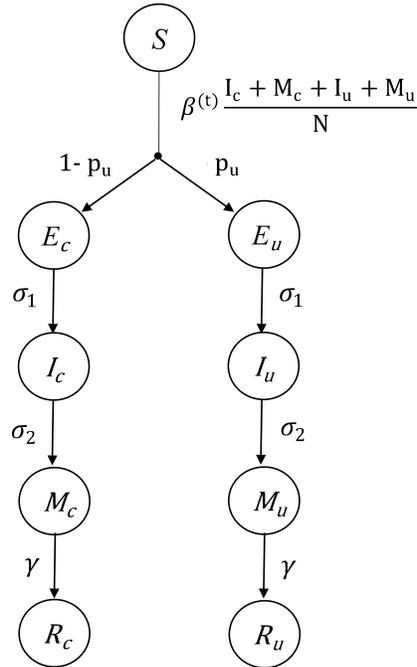
Fuente: Creación Propia

2.3 Modelación de casos no reportados: $SEIMR$ doble

En Ecuador, como en la mayoría de países del mundo, existe el problema de que no todas las personas que han tenido la enfermedad son parte de las cifras oficiales (Thorpe y Lyberger, 2020). Esto se puede deber a que quizás fueron asintomáticos, o simplemente porque, aunque tuvieron síntomas y en algunos casos hasta murieron, no buscaron la ayuda de un profesional o de las autoridades.

Para tomar en cuenta la presencia de estos casos, hemos modificado el modelo $SEIMR$, y cada compartimiento lo hemos dividido en dos: los casos oficiales (c) y los no reportados (u , unreported). Las ecuaciones diferenciales y el diagrama se muestran a continuación.

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta^{(t)} \frac{I_c + M_c + I_u + M_u}{N} S \\ \frac{dE_c}{dt} &= +(1 - p_u)\beta^{(t)} \frac{I_c + M_c + I_u + M_u}{N} S - \sigma_1 E_c \\ \frac{dE_u}{dt} &= +p_u\beta^{(t)} \frac{I_c + M_c + I_u + M_u}{N} S - \sigma_1 E_u \\ \frac{dI_c}{dt} &= +\sigma_1 E_c - \sigma_2 I_c \\ \frac{dI_u}{dt} &= +\sigma_1 E_u - \sigma_2 I_u \\ \frac{dM_c}{dt} &= +\sigma_2 I_c - \gamma M_c \\ \frac{dM_u}{dt} &= +\sigma_2 I_u - \gamma M_u \\ \frac{dR_c}{dt} &= \gamma M_c \\ \frac{dR_u}{dt} &= \gamma M_u \end{aligned}$$



Aunque este modelo tiene dos caminos para los pacientes, los infecciosos de ambas rutas contribuyen al contagio de los susceptibles. El parámetro p_u puede interpretarse como la probabilidad de que una persona con la enfermedad no forme parte de las cifras oficiales.

Los estimadores de máxima verosimilitud de los parámetros de este modelo son $\hat{\beta}_1 = 0.6461115$, $\hat{\beta}_2 = 0.1322738$ y $\hat{p}_u = 0.4841104$, resultando una desviación de 714.0512398, lo que constituye una mejora notable con respecto al modelo anterior por medio de aumentar un sólo parámetro. La prueba de hipótesis $H_0 : p_u = 0$ vs. $H_1 : p_u > 0$ tiene un valor p de $2.4297392 \times 10^{-60}$, indicando evidencia abrumadora de que existen casos no reportados que ayudan a explicar mejor la dinámica de las cifras oficiales.

Los números de reproducción básicos para este modelo son $R_{01} = 4.199725$ y $R_{02} = 0.85978$. Según este modelo, para el 25 de mayo habría unos 60 271 casos acumulados, entre reportados y no reportados. La figura 3 muestra los casos acumulados oficiales y el ajuste del modelo *SEIMR* doble.

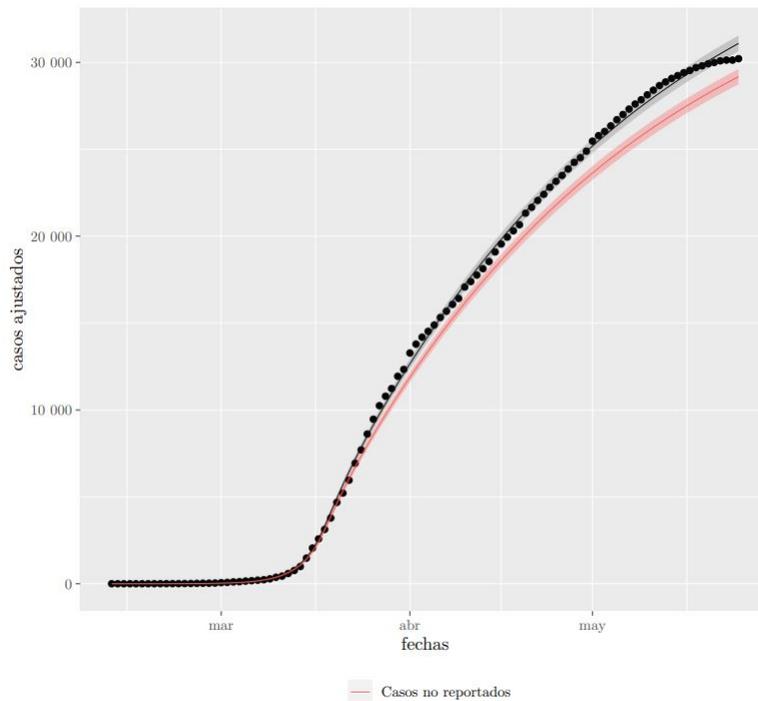


Figura 3: Modelo *SEIMR* doble ($M_c(t) + R_c(t)$). Porcentaje estimado de no reportados: 48.41 %

Fuente: Creación Propia

3 Muertes

La siguiente tabla muestra los datos históricos de muertes de los cuatro primeros meses del año en Ecuador para los años 2018 a 2020, según el Registro Civil de Ecuador.

Tabla 1: Muertes en Ecuador

Mes	Muertes mensuales			2018 a 2019		2020	
	2018	2019	2020	Incremento	Porcentaje	Proyectado	Diferencia
Enero	6608	6637	6669	29	0.44	6666.1	2.9
Febrero	5680	5867	5987	187	3.29	6060.2	-73.2
Marzo	5988	6942	8704	954	15.93	8048.0	656.0
Abril	5697	6065	17696	368	6.46	6456.8	11239.2

Fuente: (Registro Civil, Identificación y Cedulación, 2020)

Como puede verse en la tabla 1, entre el 2018 y 2019 hay un incremento importante del número de muertes. Si calculamos el porcentaje de incremento entre estos dos años y suponemos que del 2019 a 2020 se mantiene el mismo porcentaje, entonces podemos proyectar las muertes del año 2020. La diferencia entre las muertes reales y las proyectadas podrían atribuirse a COVID-19. En este caso, la suma de la columna diferencia es 11 825 fallecimientos. Además, el Registro Civil, Identificación y Cedulación (2020) reporta que desde el 1 de mayo hasta el 25 de mayo han habido 6 646 muertes a nivel nacional.

No todas estas muertes son directamente de personas contagiadas. Algunas podrían ser muertes por causas que no tienen nada que ver con la pandemia, y otras podrían ser causadas indirectamente, en el caso de personas que no pudieron recibir tratamiento médico oportuno para otras condiciones debido a la saturación del sistema de salud.

Las cifras de muertos oficiales por COVID-19 consisten en 3 275 casos comprobados y 2 144 casos probables, lo que da un total de 5 419 fallecimientos. Sin embargo, tomando en cuenta los no reportados, este modelo estima que el número real podría alcanzar los 10 504. Esta cifra es inferior a las muertes adicionales reportadas por el Registro Civil, por lo que el porcentaje de casos no reportados podría ser mayor.

Para explicar las muertes adicionales podríamos fijar la probabilidad de no reportar en un valor más alto y estimar los otros parámetros. Si fijamos el porcentaje de casos no reportados en 66.67 %, entonces el número de muertes totales quedaría en 16 257. Esta estimación tendría una desviación de 815.4163358, lo que indica que este modelo no se ajusta bien. No obstante la figura 4 es un comparativo de las cifras reales y esta estimación permite ver que la curva estimada captura bastante

bien la esencia de las cifras oficiales, mientras que predice con mayor exactitud el incremento de muertes en los últimos meses.

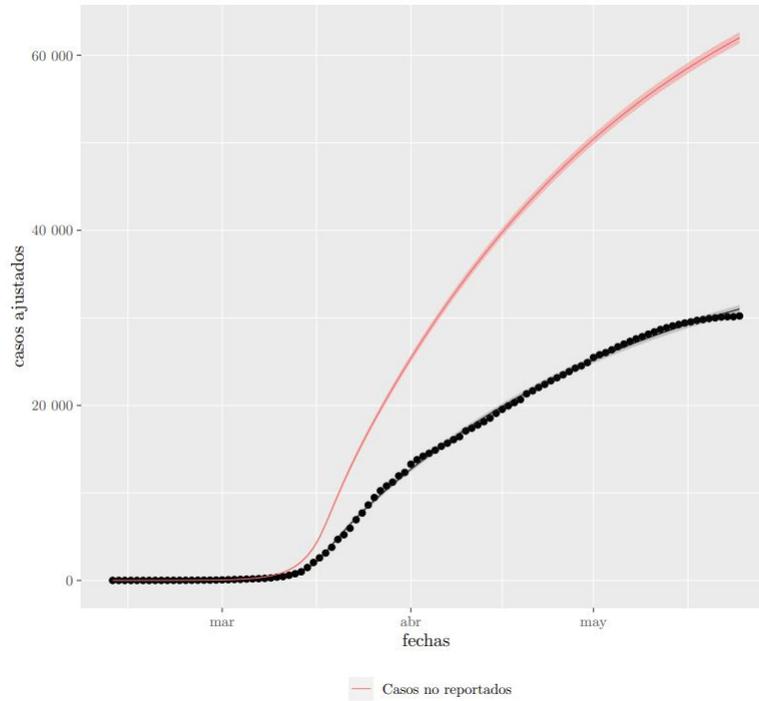
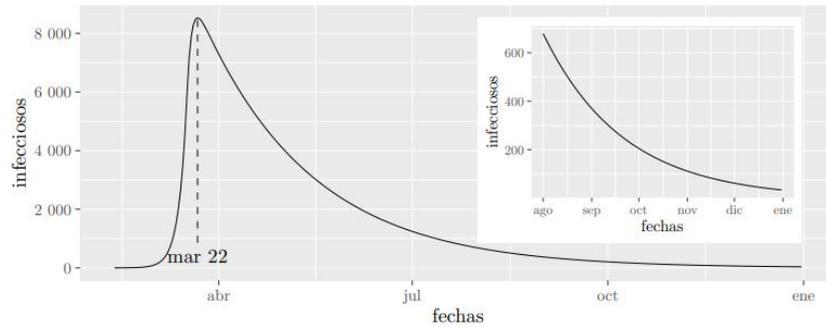


Figura 4: Modelo *SEIMR* doble ($M_c(t) + R_c(t)$) Porcentaje estimado de no reportados: 66.67 %

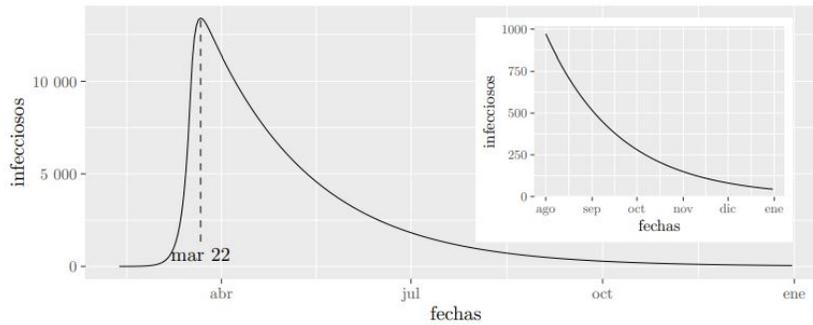
Fuente: Creación Propia

4 Proyecciones

Las estimaciones hechas anteriormente se pueden utilizar para proyectar el número de personas infecciosas que hay en el país, información que puede ser útil a la hora de tomar decisiones sobre la reapertura de la economía. Este número en el día t estará dado por $I_c(t) + M_c(t) + I_u(t) + M_u(t)$.



(a) Porcentaje de no estimados: 48.41 %.



(b) Porcentaje de no estimados: 66.67 %

Figura 5: Proyección de infecciosos ($I_c(t) + M_c(t) + I_u(t) + M_u(t)$). Proyección hasta el 31 de diciembre.

Fuente: Creación Propia

5 Conclusiones y Recomendaciones

Aunque los modelos epidemiológicos aquí estimados aproximan bastante bien las cifras oficiales, los casos no reportados pudieran ser muchos menos o muchos más que los estimados, ya que no tenemos información sobre estos casos. Aun así, las proyecciones indican que la epidemia continuará el resto del año.

Las decisiones que tomen las autoridades no sólo deben tomar en cuenta las proyecciones de los infecciosos, sino muchos otros aspectos, como los económicos, sociales, médicos, entre otros. Aun así, los resultados presentados aquí pueden ser muy útiles a la hora de decidir cuando volver a la normalidad.

6 Bibliografía

Referencias

- Aguirre-Duarte, N. (2020). “Can people with asymptomatic or pre-symptomatic COVID-19 infect others: a systematic review of primary data”. *medRxiv*. Descargado de <https://www.medrxiv.org/content/early/2020/04/16/2020.04.08.20054023> doi: 10.1101/2020.04.08.20054023
- Arons, M. M., Hatfield, K. M., Reddy, S. C., Kimball, A., James, A., Jacobs, J. R., ... Jernigan, J. A. (2020). Presymptomatic SARS-CoV-2 Infections and Transmission in a Skilled Nursing Facility. *New England Journal of Medicine*, 382(22), 2081-2090. doi: 10.1056/NEJMoa2008457
- Comité de Operaciones de Emergencia, COE. (2020). “*Situación Nacional Por Covid-19 (Coronavirus)*”. Descargado de <https://www.gestionderiesgos.gob.ec/wp-content/uploads/2020/05/INFOGRAFIA-NACIONALCOVI-19-COE-NACIONAL-27052020-08h00.pdf>
- He, X., Lau, E. H., Wu, P., Deng, X., Wang, J., Hao, X., ... Leung, G. (2020). Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. *Nature medicine*, 26(5), 672–675. doi: 10.1038/s41591-020-0869-5
- Instituto Nacional de Estadísticas y Censos, INEC. (2020). “*Proyecciones Poblacionales*” 2020. Descargado de <https://www.ecuadorencifras.gob.ec/proyecciones-poblacionales/>
- Keeling, M. J., y Rohani, P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. New Jersey: Princeton University Press.
- Kermack, W. O., y McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing papers of a Mathematical and Physical character*, 115(772), 700–721. doi: 10.1098/rspa.1927.0118
- Lavezzo, E., Franchin, E., Ciavarella, C., Cuomo-Dannenburg, G., Barzon, L., Del Vecchio, C., ... Crisanti, A. (2020). Suppression of COVID-19 outbreak in the municipality of Vo, Italy. *medRxiv*. Descargado de <https://www.medrxiv.org/content/early/2020/04/18/2020.04.17.20053157> doi: 10.1101/2020.04.17.20053157
- Li, Q., Guan, X., Wu, P., Wang, X., Zhou, L., Tong, Y., ... Feng, Z. (2020). Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected

- Pneumonia. *New England Journal of Medicine*, 382(13), 1199-1207. doi: 10.1056/NEJMoa2001316
- Li, R., Pei, S., Chen, B., Song, Y., Zhang, T., Yang, W., y Shaman, J. (2020). Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2). *Science*, 368(6490), 489–493. Descargado de <https://science.sciencemag.org/content/368/6490/489> doi: 10.1126/science.abb3221
- Ministerio de Salud Pública, MSP. (2020). “*Actualización de Casos de Coronavirus en Ecuador 2020*”. Descargado de <https://www.salud.gob.ec/actualizacion-de-casos-de-coronavirus-en-ecuador/>
- Registro Civil, Identificación y Cedulación. (2020). “*Boletín de Defunción: Cifras de Enero al 15 de Mayo de 2020*”. Descargado de <https://www.registrocivil.gob.ec/cifras/>
- Thorpe, D. G., y Lyberger, K. (2020). Estimating the number of SARS-CoV-2 infections in the United States. *medRxiv*. Descargado de <https://www.medrxiv.org/content/early/2020/04/22/2020.04.13.20064519> doi: 10.1101/2020.04.13.20064519
- Vynnycky, E., y White, R. (2010). *An Introduction to Infectious Disease Modelling*. New York: OUP OXFORD.
- World Health Organization, WHO. (2020). *Timeline - COVID-19 2020*. Descargado de <https://www.who.int/news-room/detail/27-04-2020-who-timeline---covid-19>