ANEXO

La **influencia** de los **hogares** en la **propagación** de **Covid-19** a **través** de una **simulación**

Diederik Boertien*
José Manuel Aburto**
Iñaki Permanyer***
Antonio López-Gay****
Albert Esteve*****

Metodología

El interés principal del trabajo es cuantificar la capacidad de propagación real de la pandemia en los hogares y no tanto su incidencia. La simulación se basa en datos reales de hogares mexicanos, repartidos por toda la geografía del país; considera como variables principales la edad de las personas y el tamaño y estructura por edad de las personas con las que conviven.

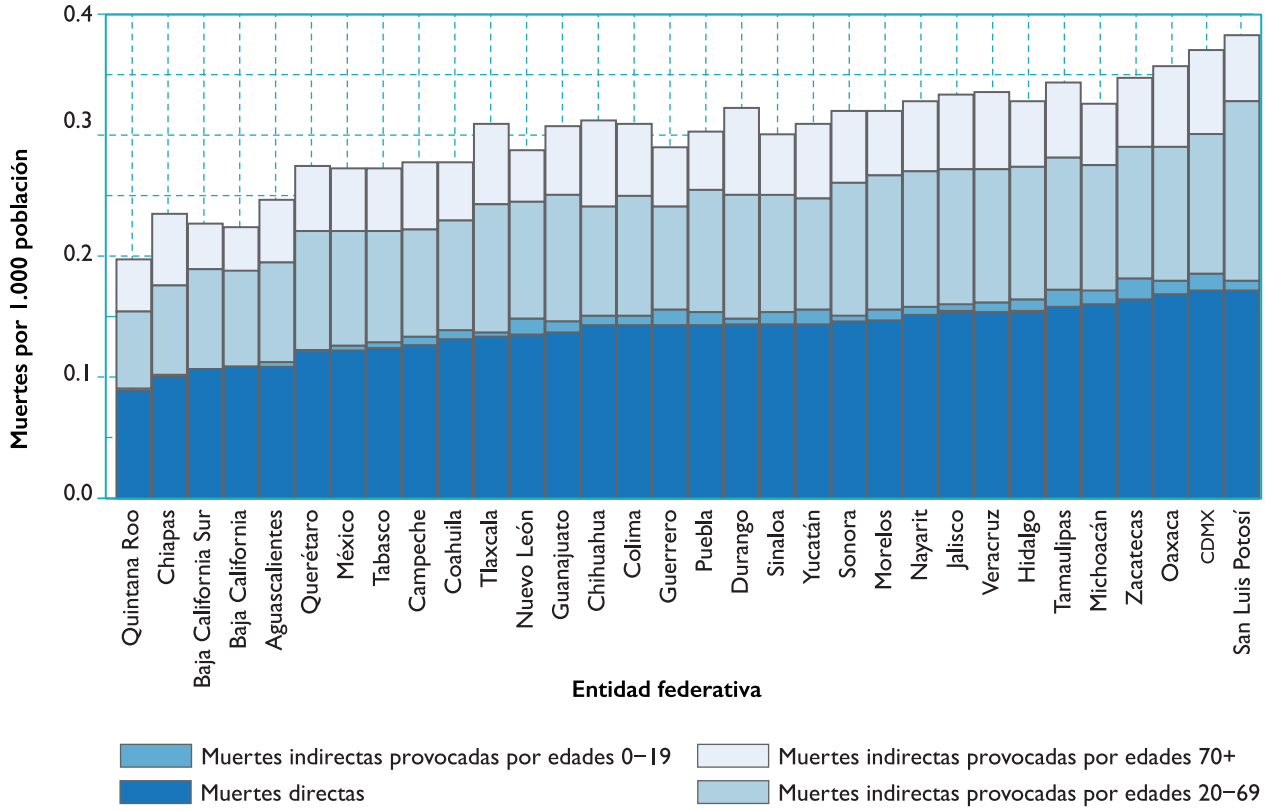
Usamos datos disponibles para México basados en la Muestra Intercensal de 2015 a través de IPUMS (Jeffers, King, Cleveland y Kelly Hall, 2017). Estos datos representan una muestra de 1.5% del total de hogares en el país y sus características. A partir de esta fuente es posible disponer de características de sus habitantes: edad, estados y municipios de residencia, y características importantes de los hogares.

En concreto, cuantificamos: *i)* el porcentaje de la población mexicana que llegaría a infectarse de sumarse los contagios dentro del hogar al 10% inicial que infectamos al azar, y *ii)* el número de personas que fallecerían bajo este supuesto. En un primer paso seleccionamos al azar a 10% de la muestra. Es posible que hubiéramos seleccionado a más de una persona en un hogar. Después "infectamos" a todas las personas que conviven con

la persona infectada. Este ejercicio permite estimar el potencial que podría tener un brote de ese tamaño en las distintas regiones y según las condiciones de propagación establecidas. Es decir, no tomamos en cuenta diferencias reales en la cantidad de personas que han sido infectadas en cada región.

Para calcular cuántas personas fallecerían suponiendo 10% de infecciones y la transmisión dentro de los hogares, usamos las tasas de letalidad por edad de Verity *et al.* (2020). Aparte de la edad, no se considera ninguna otra característica para calcular el número de fallecidos. Verity *et al.* (2020) estimaron estas tasas basándose en varias muestras que incluyeron personas asintomáticas. En la gráfica A.1 calculamos los resultados en la República Mexicana usando datos de casos y muertes confirmados. Aunque la mortalidad estimada es mayor, las diferencias entre regiones varían poco. Lo mismo ocurre cuando simulamos una infección inicial de 30% de la población en vez de 10% (ver resultados en la gráfica A.2).

Gráfica A.1. Porcentaje de población que podría fallecer en cada entidad federativa suponiendo 30% de infecciones al azar y transmisión completa dentro de los hogares. México, 2015

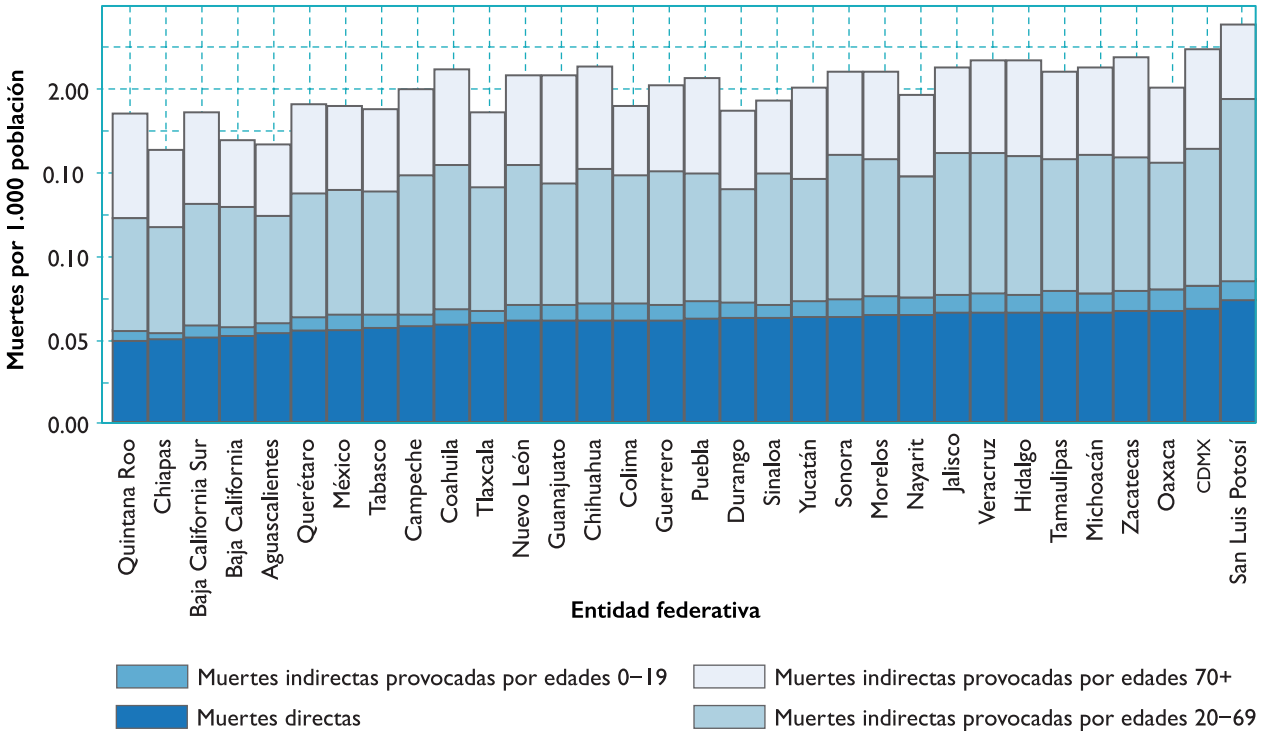


Fuente: resultados derivados a partir de la Encuesta Intercensal 2015, Inegi, y tasas de letalidad por Verity *et al.* (2020).

La simulación parte de dos supuestos: inicialmente, una población donde nadie se ha infectado, salvo una persona, con el virus que contagia a todos los demás miembros del hogar. Somos conscientes de que estos supuestos no son realistas, pero sirven para demostrar el impacto que podría tener la transmisión del virus en el hogar. Además, es posible replicar los resultados con una tasa menor de transmisión. Las diferencias relativas entre entidades federativas y municipios se mantendrían inalteradas, así como la mayor o menor repercusión por grupos de edades. Los números a los que aludimos representan el impacto máximo que podrá tener la transmisión dentro del hogar. Si llegaran a existir personas infectadas antes de nuestra propagación simulada, el impacto esperado de la transmisión dentro de los hogares disminuiría, aunque la posibilidad de infecciones repetidas complica este supuesto.

Otra suposición es que la probabilidad de infectar a un miembro del hogar no varía según edad. Hay un debate considerable sobre el papel que juegan los menores de edad en la transmisión del virus. Si resulta que infectan menos que otros grupos etarios, su papel en la transmisión en el hogar estaría sobreestimada en este artículo.

Gráfica A.2. Porcentaje de población que podría fallecer en cada estado suponiendo 10% de infecciones al azar y transmisión completa dentro de los hogares, usando tasas de fatalidad alternativas. México 2015



Fuente: tasas de letalidad basadas en casos y muertes confirmadas en México al 31 de julio de 2020, recogido del *Coverage database Project: Riffe*, T, E. Acosta, *et al.* (2020).

Las estimaciones se realizaron para el total nacional y desagregadas para las 32 entidades federativas. El nivel de infectados inicial que asume el modelo determina el número absoluto de infectados y de muertes, pero el efecto multiplicador de los hogares, la posición relativa de las entidades federativas y la contribución de cada grupo de edad a la propagación del virus se mantiene constante a distintos niveles de infección.

*Centro de Estudios Demográficos,
Universidad Autónoma de Barcelona,
dboertien@ced.uab.es
**Centro Leverhulme de Ciencias
Demográficas, Departamento de Sociología,
Universidad de Oxford;
Centro Interdisciplinario de Dinámica de la
Población,
Universidad del Sur de Dinamarca,
jose-manuel.aburto@sociology.ox.ac.uk
***Centro de Estudios Demográficos,
Universidad Autónoma de Barcelona,
ipermanyer@ced.uab.es
****Centro de Estudios Demográficos,
Universidad Autónoma de Barcelona,
tlopez@ced.uab.es
*****Centro de Estudios Demográficos,
Universidad Autónoma de Barcelona,
aesteve@ced.uab.es

Referencias

Jeffers, K., M. King, L. Cleveland y P. Kelly Hall (2017), "Data Resource Profile: IPUMS-International", *International Journal of Epidemiology*, Vol. 46, Núm. 2, pp. 390-391. Disponible en: https://doi.org/10.1093/ije/dyw321.

Riffe, T., E. Acosta, COVERAGE-DB project team, M. Aburto, D.Alburez-Gutierrez, A. Altová, U. Basellini, S. Bignami, D. Breton, E. Choi, J. Cimentada, G. de Armas, E. del Fava, A. Delgado, V. Diaconu, J. Donzowa, C. Dudel, A. Fröhlich, A. Gagnon, M. Garcia-Cristomo, V. M. Garcia-Guerrero, A. González-Díaz, I. Hecker, D. E. Koba, M. Kolobova, M. Kühn, M. Lépori, C. Liu, A. Lozer, M. Manea, M. Masum, R. Mogi, C. Monicolle, S. Morwinsky, R. Musizvingoza, M. Myrskylä, M. R. Nepomuceno, M. Nickel, N. Nitsche, A. Oksuzyan, S. Oladele, E. Olamijuwon, O. Omodara, S. Ouedraogo, M. Paredes, M. Pascariu, M. Piriz, R. Pollero, L. Qanni, F. Rehermann, F. Ribeiro, S. Rizzi, F. Rowe, I. Sasson, J. Shi, R. Silva-Ramirez, C. Strozza, C. Torres, S. Trias-Llimos, F. Uchikoshi, A. van Raalte, P. Vázquez-Castillo, E. Vilela, I. Williams, V. Zarulli (2020), "COVERAGE-DB: A database of age-structured COVID-19 cases and deaths", MedRXIV. Disponible en: https://doi.org/10.1101/2020.09.18.20197228.

Verity, R., L. C. Okell, I. Dorigatti, P. Winskill, C. Whittaker, N. Imai, G. Cuomo-Dannenburg, H. Thompson, P. G. T. Walker, H. Fu, A. Dighe, J. T. Griffin, M. Baguelin, S. Bhatia, A. Boonyasiri, A. Cori, Z. Cucunubá, R. Fitz John, K. Gaythorpe, W. Green, A. Hamlet, W. Hinsley, D. Laydon, G. Nedjati-Gilani, S. Riley, S. van Elsland, E. Volz, H. Wang, Y. Wang, X. Xi, C. A. Donnelly, A. C. Ghani, y N. M Ferguson (2020), "Estimates of the severity of coronavirus disease 2019: A model-based analysis". *The Lancet Infectious Diseases*, Vol. 20, Núm. 6, pp. 669-677. Disponible en: https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30243-7.