

# Tasa de reproducción efectiva (R0) para COVID-19 en Colombia

Effective reproduction rate (R0) for COVID-19 in Colombia

Díaz Pinzón Jorge Enrique <sup>1</sup>

VOLUMEN 41 | N°2 | AGOSTO 2023

FECHA DE RECEPCIÓN: 28/12/2022  
FECHA DE APROBACIÓN: 05/07/2023  
FECHA PUBLICACIÓN: 13/07/2023

1. Ingeniero Agrónomo. Magister en Gestión de la Tecnología Educativa. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá - Colombia.

Artículo original | Original Article

<https://doi.org/10.18537/RFCM.41.02.04>

Correspondencia:  
jediazp@unal.edu.com

Dirección:  
Cra. 68 F 64 F 49 A. 402

Código Postal:  
3685

Celular:  
3153870768

Bogotá-Colombia

## RESUMEN

**Introducción:** la tasa de reproducción efectiva (R0) es el número promedio de individuos que se infectan a partir del primer caso en una población susceptible, estima la velocidad de propagación de la enfermedad; es una herramienta de salud pública valiosa para evaluar el efecto de las medidas sanitarias implementadas y para el pronóstico de posibles casos futuros en una epidemia.

**Objetivo:** determinar tasas de reproducción (R0) para COVID-19, en Colombia, entre el 6 de enero de 2020 y el 31 de diciembre de 2021.

**Metodología:** estudio transversal, la información se obtuvo de la página web del Instituto Nacional de Salud para COVID-19.

**Resultados:** el modelo mostró la reducción del (R0) alcanzó la cifra de 1 en la primera quincena de abril de 2020, suceso relacionado con la primera cuarentena implementada en el país. A partir de abril de 2020 y hasta mediados de 2021, la R0 osciló entre 0.7 hasta 1,12, incrementándose a partir del 25 de diciembre a 1.28, para llegar a 2.07 el 31 de diciembre del 2021.

**Conclusiones:** R0 es un instrumento primordial para el desarrollo de políticas vinculadas a la prevención y mitigación de la pandemia. No obstante, su estimación demanda de un conjunto de hipótesis epidemiológicas, las cuales pueden variar entre enfermedades y contextos sociales.

**Palabras clave:** infecciones por coronavirus, pandemias, número básico de reproducción.

## ABSTRACT

**Introduction:** the effective reproduction rate ( $R_0$ ) is the average number of individuals that become infected from the first case in a susceptible population, it estimates the speed of spread of the disease; It is a valuable public health tool for evaluating the effect of implemented sanitary measures and for forecasting possible future cases in an epidemic.

**Objective:** to determine reproduction rates ( $R_0$ ) for COVID-19, in Colombia, between January 6, 2020 and December 31, 2021.

**Methodology:** a cross-sectional study was carried out; the information was obtained from the website of the National Institute of Health for COVID-19.

**Results:** the model showed the reduction of ( $R_0$ ) reached the figure of 1 in the first half of April 2020, an event related to the first quarantine implemented in the country. From April 2020 to mid-2021, the  $R_0$  ranged from 0.7 to 1.12, increasing from December 25 to 1.28, to reach 2.07 on December 31, 2021.

**Conclusions:**  $R_0$  is a fundamental instrument for the development of policies related to the prevention and mitigation of the pandemic. However, its estimation requires a set of epidemiological hypotheses, which may vary between diseases and social contexts.

**Keywords:** coronavirus infections, pandemics, basic reproduction number.

## INTRODUCCIÓN

Un nuevo tipo de coronavirus demostró tener gran capacidad de transmisión de persona a persona y provocó brotes de neumonía en una vasta área geográfica convirtiéndose luego en pandemia<sup>1-3</sup>, el 12 de enero de 2020 la Organización Mundial de la Salud nombró a la nueva neumonía 2019-nCoV, luego rebautizada como COVID-19<sup>4</sup>. La secuenciación del genoma del virus que generó el COVID-19 mostró que está relacionado con el SARS-CoV; el 11 de febrero considerando su similitud filogenética con el SARS-CoV, se denominó SARS-CoV-2<sup>5</sup>.

Las manifestaciones clínicas de los pacientes con COVID-19 eran principalmente fiebre, malestar, fatiga, dolor, tos seca, sensación de opresión torácica, disnea<sup>6</sup>; el virus mostraba una tasa de transmisión e infección muy alta en la fase presintomática; afectó a la salud pública mundial y la economía global<sup>8-9</sup>; para frenar la propagación de la enfermedad se requirieron nuevos reactivos y métodos de diagnóstico rápidos y precisos<sup>10</sup>.

A nivel comunitario, los modelos epidemiológicos se constituyeron en eje primordial para el análisis de la transmisibilidad, analizando procesos de propagación, detección, prevención, control, así como de posibles tratamientos<sup>11</sup>.

Los modelos básicos como SIR (Susceptible, Infectado y Recuperado) o SEIR (Susceptible, Expuesto, Infectado, Recuperado) se utilizaron por la simplicidad y eficiencia de sus resultados, permitieron entender el comportamiento de la enfermedad en una población determinada, y luego extrapolar la información a modelos más complejos<sup>12,13</sup>.

Dos indicadores de importancia epidemiológica para la predicción del impacto en la comunidad son la tasa básica y la tasa efectiva de reproducción; ambos ofrecen un panorama general sobre la eficacia de las medidas de contención contra la epidemia, así como las posibles consecuencias sobre la población y el sistema de salud<sup>11,14</sup>.

La tasa de reproducción,  $R_0$ , se define como el número promedio de individuos que pueden llegar a infectarse a partir del primer caso infectado en una población completamente susceptible<sup>11,14</sup>.

Cabe mencionar que las tasas modelan cuantos individuos susceptibles pueden ser infectados por una persona enferma, convirtiéndose así en una medida

de la “velocidad de contagio” si, por ejemplo, la tasa es igual a 2, significa que un enfermo infectaría a dos personas susceptibles. Operativamente, si la tasa es inferior a 1 se deduce que la enfermedad no se está propagando porque cada enfermo “contagiaría” a menos de 1 persona<sup>11</sup>.

**METODOLOGÍA**

Se realizó un estudio transversal, la información se obtuvo de la página web **del Instituto Nacional de Salud para COVID-19** entre el periodo comprendido entre el 6 de marzo de 2020 al 31 de diciembre de 2021<sup>15-18</sup>, además se utilizó el estimador COVID-19 de la Organización Mundial de la Salud y la Organización Panamericana de la Salud; ésta es una interfaz que ayuda a los países a calcular la tasa de transmisión de COVID-19 utilizando el número de casos notificados en fechas definidas según el paquete R “EpiEstim”<sup>19-21</sup>

La siguiente relación brinda una manera sencilla de valorar la tasa de reproducción de una epidemia con información comúnmente disponible de incidencia (casos nuevos) diaria<sup>14</sup>:

$$R(t - 6) = c(t) / \sum_{a=u}^{a=v} c(t - a) w(a)$$

donde: t: es el día calendario

a: es el número de días transcurridos desde el diagnóstico

u y v: son los límites del periodo en que un caso es contagioso

C(t): es el número de casos diagnosticados

W(a): es un ponderador (una distribución) de los casos ocurridos a días atrás.

Obsérvese el supuesto de que la estimación de (R0) con el número de casos diagnosticados hoy corresponde al (R0) de seis días atrás, pues se incorpora un atraso fijo de cuatro días para que surjan los síntomas y dos días para que se comuniquen los resultados de laboratorio de la prueba de diagnóstico<sup>14</sup>.

**RESULTADOS**

En la Figura N°1 se observa la curva epidémica para los casos de SARS-CoV-2 por días para los años 2020 y 2021 en Colombia, se presentan cuatro picos epidemiológicos bien definidos, el primero comienza desde el 6 de marzo de 2020 con 1 caso registrado hasta el 19 de agosto de 2020 con 13 056 casos; el segundo pico se evidencia a partir del 13 de octubre de 2020 con 5 015 casos hasta el 15 de enero de 2021 con 20 855 casos, el tercer pico va del 8 de marzo de 2021, con 2 205 casos hasta llegar al día 26 de junio de 2021 con 33 594 casos, y por último el cuarto pico de la epidemia comienza el día 20 de diciembre de 2021 con 1 699 casos, hasta llegar al 31 diciembre con 10 401 casos.

Figura N°1

Curva epidémica para COVID-19 en Colombia.

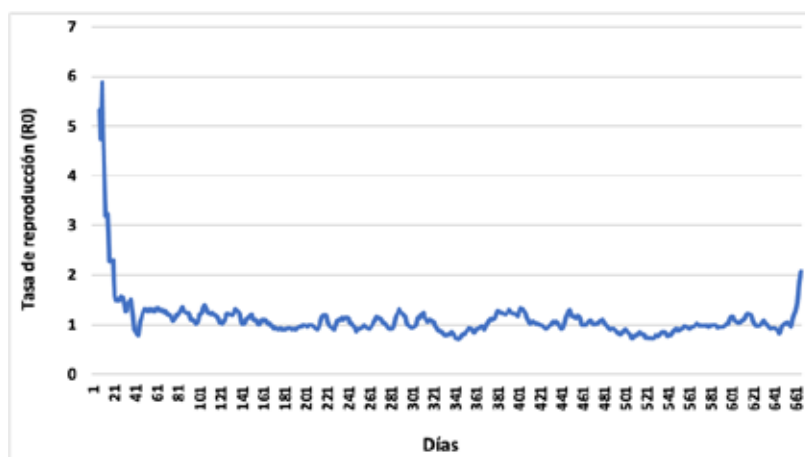


La Figura N°2 resalta la R0 a inicios de la pandemia en Colombia, el modelo muestra una fuerte reducción del indicador en la primera quincena de abril de 2020, este suceso se relaciona con la primera cuarentena implementada en el país; se observa con claridad que la tasa que llegó a estar

alrededor de 1. A partir de abril de 2020 hasta mediados de diciembre de 2021 la R0 osciló entre 0.7 hasta 1.12. A partir del 25 de diciembre se registra una cifra de 1.28, que se incrementa hasta llegar a 2.07 el 31 de diciembre de 2021.

Figura N°2

Tasa estimada de reproducción (R0) para COVID-19 en Colombia.



## DISCUSIÓN

Estimaciones fiables sitúan el valor R0 del COVID-19 entre 1.4-2.5; valores similares al R0 del SARS coronavirus se obtuvieron al inicio de la epidemia, los mismos que se redujeron a un R0 de 0.67-1.23 en estos días, valores más altos comparados con otros coronavirus como el síndrome respiratorio de oriente medio (MERS) que registró cifras de R0 entre 0.29-0.80; por tanto, se deduce que el nCoV-2019 es más fácilmente transmisible que el MERS<sup>22</sup>.

En el reporte de los primeros 425 pacientes de Wuhan se informó que la epidemia duplicó el número de casos cada 7.4 días. Con un intervalo serial promedio de 7.5 días (IC 95% 5.3- 19.0), R0 se estimó en 2.2 (IC 95% 1.4-3.9); la diseminación era alta<sup>22</sup>, con un periodo de incubación promedio de 5.2 días<sup>23</sup>; cuando la infección cruza barreras internacionales, se realizaron varios estudios calculando R0 en diferentes países. Liu en su investigación reportó R0 con un rango entre 1.5 y 6.6; en un país

cercano a Colombia como Perú, Román obtuvo R0 de 2.97; durante el brote el R0 alcanzó 3.2 en Corea del Sur y 3.3 en Italia<sup>23</sup>.

La relevancia práctica de estos datos permitió a la autoridad sanitaria monitorizar el impacto de un programa de contención; en Colombia, por ejemplo, R0 de la COVID-19, se estimó en 1.5 para el mes de marzo, poco tiempo después del inicio del brote<sup>14</sup>, lo que obligó a redefinir la política pública con medidas de prevención y mitigación, si bien estos modelos admiten hacer mediciones que parten de un panorama estadístico, es necesario avanzar en estudios asociados a la biología del virus que ayuden a calibrar de manera precisa estos valores<sup>23</sup>.

Por otro lado, R0 permitió determinar el impacto del número de pruebas positivas reportadas para medir el comportamiento de la pandemia; en Alemania se obtuvo un “R0 de pruebas” de 1.38, aunque el número de contagios se mantuvo en 1; se deduce por tanto que los valores R0 en las cifras de incidencia deben ser corregido por este factor<sup>24</sup>.

Otra variable de ajuste es de tipo estacional, que debe informarse como un rango, R0 enero – R0 julio, por ejemplo, en lugar de un valor estático; en Alemania se calculó un valor R0 de 1,34 para infecciones en marzo de 2020; correspondiendo R0 en enero de 1,68 y un mínimo en julio de 1,01; estos datos son más consistente con información sobre la progresión de la pandemia para el semestre, mayor en enero y menor en julio<sup>24</sup>.

Estudios realizados por *Our World in Data* señalan los países con las mayores tasas de reproducción (R0) contra COVID-19 mientras al 18 de enero de 2022: Nepal 2.62, Irak 2.52, Japón 2.49, Bangladesh 2.72, Kosovo 2.20, y Omán 2.19; mientras que al 23 de enero fueron: Chile 2.93, Bangladesh 2.72 y Maldivas 1.96<sup>25</sup>; resultados comparados con Colombia al 31 de diciembre de 2021 que fue de 2.07 muestran el estado global de la pandemia.

Otra aplicación del R0 de COVID-19 es la posibilidad de valorar su comportamiento en comparación con brotes infecciosos anteriores, el valor de R0 de COVID-19 varió ampliamente de 1.4 a 6.68 con una media de 2.98, mayor a brotes anteriores como SARS, dengue, Zika, H1N1 con excepción de sarampión que tuvo el valor más alto alcanzando R0 = 13. Indirectamente R0 mide el efecto de medidas epidemiológicas como la cobertura de vacunación<sup>23,26</sup>.

## CONCLUSIONES

Si bien los resultados presentados en el caso de estudio, dilucidados a la luz de la simulación, consienten apreciar eventos asociados al análisis de la pandemia en Colombia, muestran la R0 como un instrumento primordial para el desarrollo de políticas vinculadas a la prevención y mitigación de la pandemia. No obstante, su estimación demanda de un conjunto de hipótesis epidemiológicas, las cuales pueden variar entre enfermedades y contextos sociales.

## RECOMENDACIONES

Continuar el análisis con la información para todo el año 2022 y 2023.

## ASPECTOS BIOÉTICOS

La información obtenida con este estudio fue guiada con absoluta reserva y de uso únicamente investigativo y divulgativo.

## INFORMACIÓN DE LOS AUTORES

Díaz Pinzón Jorge Enrique. Ingeniero Agrónomo. Magister en Gestión de la Tecnología Educativa. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá - Colombia. email: jediazp@unal.edu.co. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8870-7769>.

## CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

**JEDP:** Concepción y diseño del trabajo con el correspondiente análisis e interpretación de los datos, redacción y revisión crítica del manuscrito, aprobación de la versión final y capacidad de responder de todos los aspectos del artículo.

## CONFLICTO DE INTERESES

El autor declara que no existe ningún conflicto de intereses.

## FUENTES DE FINANCIAMIENTO

Autofinanciado.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Zhu N, Zhang D, Wang W, Li X, Yang B, Song J, et.al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med* 382:727–733. doi:10.1056/NEJMoa2001017
2. Wu F, Zhao S, Yu B, Chen Y, Wang W, Song Z, et. al. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature* 2020;579,265–269. doi:10.1038/s41586-020-2008-3
3. Chan J, Yuan S, Kok K, To K, Chu H, Yang J, et. al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. *Lancet*. 2020;395:514–523. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30154-9
4. Gorbalenya A, Baker S, Baric R, De Groot R, Drosten C, Gulyaeva A, et. al. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. *Nat Microbiol* 2020;5:536–544. doi:10.1038/s41564-020-0695-z

5. De Groot R, Baker S, Baric R, Brown C, Drosten C, Enjuanes L, et. al. Commentary: Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV): Announcement of the Coronavirus Study Group. *Journal of Virology*. 2013;87(14):7790-7792 doi: 10.1128/jvi.01244-13
6. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, Zhang L, et. al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet*. 2020; 395(10223):497-506. doi:10.1016/S0140-6736(20)30183-5
7. Liu K, Fang Y, Deng Y, Liu W, Wang M, Ma J, et.al. Clinical characteristics of novel coronavirus cases in tertiary hospitals in Hubei Province. *Chin Med J (Engl)*. 2020;133(9):1025-1031. doi:10.1097/CM9.0000000000000744
8. Hu Z, Song C, Xu C, Jin G, Chen Y, Xu X, et. al. Clinical characteristics of 24 asymptomatic infections with COVID-19 screened among close contacts in Nanjing, China. *Sci China Life*. 2020;63(5):706-711. doi:10.1007/s11427-020-1661-4
9. Wang A, Jiang M, Liu H, Liu Y, Zhou J, Chen Y, et. al. Development and characterization of monoclonal antibodies against the N-terminal domain of African swine fever virus structural protein, p54. *Int J Biol Macromol* 2021;80:203–211. doi:10.1016/j.ijbiomac.2021.03.059
10. Wu Y, Ho W, Huang Y, Jin D, Li S, Liu S, et. al. SARS-CoV-2 is an appropriate name for the new coronavirus. *Lancet* 2020;395(10228):949-950. doi:10.1016/S0140-6736(20)30557-2
11. Páez-Salamanca G, Franco-Restrepo C, Zea J, Cruz-Rivera E, Quiroz-Salazar A, Cerón J, et. al. Estimación del número reproductivo efectivo de la transmisión del COVID-19 en Colombia. Instituto nacional de salud. 2020. Disponible en: [https://www.ins.gov.co/Direcciones/ONS/Historico\\_Rt/Estimaci%C3%B3n%20de%20n%C3%B3mero%20reproductivo%20efectivo%20de%20la%20transmisi%C3%B3n%20del%20Covid-19%20en%20Colombia.pdf](https://www.ins.gov.co/Direcciones/ONS/Historico_Rt/Estimaci%C3%B3n%20de%20n%C3%B3mero%20reproductivo%20efectivo%20de%20la%20transmisi%C3%B3n%20del%20Covid-19%20en%20Colombia.pdf)
12. Uribarri S, Rodríguez Meza M, Cervantes Cota J. Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros. *Cienc Ergo Sum*. 2013;20(3):238–46. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/104/10428759009.pdf>
13. Brauer F, Castillo-Chavez C, Feng Z. Correction to: *Mathematical Models in Epidemiology*. Springer. New York, 2019. doi: 0.1007/978-1-4939-9828-9
14. Comincini E, Wilches J, Saraví D. Factores epidemiológicos R0 y Re durante la COVID-19: ¿qué son y en qué difieren?. *Revista Cuidarte*. 2021;12(1):e1393. doi: 10.15649/cuidarte.1393
15. Bixby L. Método para la estimación de la tasa R de Covid-19. Universidad de Costa Rica. Disponible en : <https://ccp.ucr.ac.cr/documentos/portal/tasa-r-covid-19/R-Mate.pdf>
16. Díaz Pinzón J. Descripción estadística del COVID- 19 según el grupo etario en Colombia. *Repert. Med. Cir*. 2020;29(sup1)79–85. doi: 10.31260/RepertMedCir.01217372.1098
17. Díaz Pinzón J. Comorbilidades de los fallecidos por COVID-19 según el grupo etario en Colombia. *Repert. Med. Cir*. 2020;29(sup1)118-122. doi: 10.31260/RepertMedCir.01217372.1130
18. Díaz Pinzón J. Medidas de frecuencia por COVID-19 en Bogotá DC. *Repert. Med. Cir*. 2020;29(sup1)94-98. doi:10.31260/RepertMedCir.01217372.1110
19. Instituto Nacional de Salud. COVID-19 en Colombia. Disponible en : <https://www.ins.gov.co/Noticias/Paginas/Coronavirus.aspx>
20. Cori A, Ferguson N, Fraser C, Cauchemez S, A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics. *American Journal of Epidemiology*, 2013 ;178(9)1505–1512, doi :10.1093/aje/kwt133
21. Bettencourt L, Ribeiro R. Real time Bayesian estimation of the epidemic potential of emerging infectious diseases. *PLoS One*. 2008;3(5):e2185. doi : 10.1371/journal.pone.0002185

22. Cuestas E. La pandemia por el nuevo coronavirus COVID-19. *Revista de la Facultad de Ciencias Médicas de Córdoba* 2020; 77(1): 1-3. doi:10.31053/1853.0605.v77.n1.2793
23. Elsaid M, Nasef M, Huy N. R0 of COVID-19 and its impact on vaccination coverage: compared with previous outbreaks. *Hum Vaccin Immunother.* 2021;17(11):3850-3854. doi: 10.1080/21645515.2020.1865046
24. Prada J, Maag L, Siegmund L, Bencurova E, Liang C, Koutsilieri E, et. al. Estimation of R0 for the spread of SARS-CoV-2 in Germany from excess mortality. *Sci Rep.* 2022;12(1):17221. doi: 10.1038/s41598-022-22101-7
25. Mathieu E, Ritchie H, Ortiz-Ospina E, et al. A global database of COVID-19 vaccinations. *Nat Hum Behav.* 2021. Disponible en: <https://ourworldindata.org/covid-vaccinations>
26. Ridenhour B, Kowalik J, Shay D. El número reproductivo básico (R0): consideraciones para su aplicación en la salud pública. *Am J Public Health.* 2018;108(Suppl 6):S455-65. doi: 10.2105/AJPH.2013.301704s.

