

Roger Bonilla-Carrión⁽¹⁾.

1. Escuela de Estadística, Universidad de Costa Rica, San José, Costa Rica.

Autor correspondal: M.Sc. Roger Bonilla-Carrión, roger.bonilla@ucr.ac.cr

DOI: <https://doi.org/10.36109/rmg.v161i1.474>

Recibido: 9 de Febrero 2022

Aceptado: 15 de Febrero 2022

Resumen

Introducción: Para el adecuado diseño de políticas de prevención y control de la enfermedad por coronavirus COVID-19, es muy importante conocer el comportamiento geoestadístico de los casos. **Objetivo:** Identificar “clústeres” geoestadísticos de morbilidad por COVID-19 en Guatemala durante el primer año de pandemia. **Métodos:** Se analizó la tasa de morbilidad por COVID-19 entre el 13 de marzo del 2020 y el 13 de marzo del 2021. Se realizó un análisis geoestadístico (space scan) para identificar los clústeres significativos de COVID-19. **Resultados:** El análisis geoestadístico encontró 11 clústeres significativos con tasas más altas que el promedio nacional en Guatemala. **Conclusión:** En el primer año de pandemia de COVID-19 en Guatemala, la tasa no fue homogénea porque se encontraron clústeres con altas tasas de morbilidad por COVID-19. La identificación de clústeres significativos de COVID-19 debe ser un apoyo al proceso de toma de decisiones en salud, para tomar medidas en dichas zonas y así evitar el contagio por COVID-19.

Palabras clave: COVID-19, morbilidad, análisis geoestadístico, pandemia, Guatemala.

Abstract

Introduction: For the adequate design of policies for the prevention and control of the coronavirus disease COVID-19, it is very important to know the geostatistical behavior of the cases. **Objective:** To identify geostatistical “clusters” of morbidity from COVID-19 in Guatemala during the first year of the pandemic. **Methods:** The COVID-19 morbidity rate between March 13, 2020 and March 13, 2021 was analyzed. A geostatistical analysis (space scan) was performed to identify significant clusters of COVID-19. **Results:** The geostatistical analysis found 11 significant clusters with rates higher than the national average in Guatemala. **Conclusion:** In the first year of the COVID-19 pandemic in Guatemala, the rate was not homogeneous because clusters with high morbidity rates due to COVID-19 were found. The identification of significant clusters of COVID-19 should support the decision-making process in health, to take measures in said areas and thus avoid contagion by COVID-19.

Keywords: COVID-19, morbidity, geostatistical analysis, pandemic, Guatemala.

Introducción

En salud pública, evitar el contagio comunitario es una de las metas más importantes, a través del control de los casos [1]. Un ejercicio epidemiológico muy común es comparar las tasas entre zonas, pero dichas comparaciones son limitadas porque los casos de una enfermedad pueden estar influidas por la geografía local. Las fronteras político administrativas están definidas por aspectos institucionales, que produce sesgos de selección [2]. Un clúster es una región en donde los casos reportados son mayores a los esperados. Los expertos en salud pública deben evaluar el estado de salud en esos clústeres. La heterogeneidad geoespacial de las tasas de COVID-19 en Guatemala no ha sido explorada. Para el adecuado diseño de políticas de prevención y control de la enfermedad por coronavirus COVID-19, es muy importante conocer el comportamiento geoestadístico de los casos [3]. El presente artículo tiene como objetivo el localizar los clústeres geoestadísticos de morbilidad por COVID-19 en Guatemala en el primer año de pandemia. Hasta donde se ha revisado en la bibliografía, este es el primer estudio en Guatemala que identifica los clústeres geoestadísticos de morbilidad por COVID-19.

Material y métodos

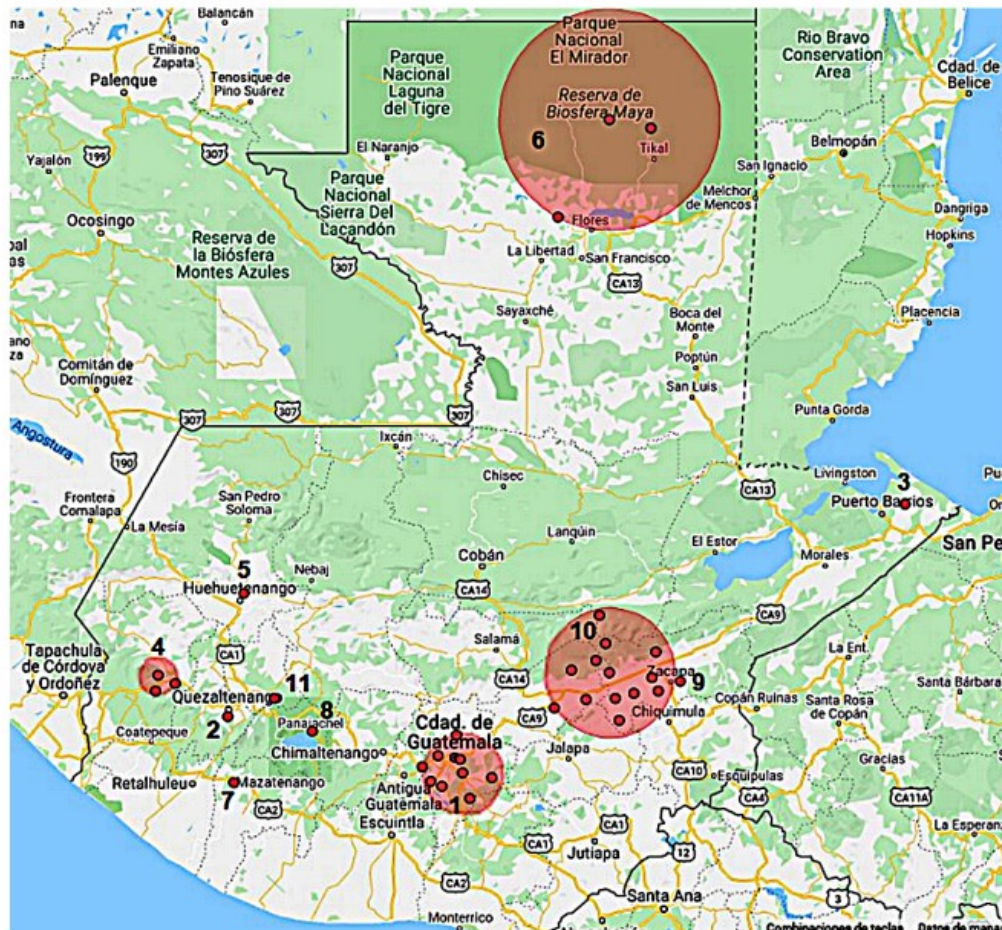
Los datos acumulados de morbilidad por COVID-19 se obtuvieron de la base de datos del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social de Guatemala (MSPAS) [4], entre el 13 de Marzo del 2020 y el 13 de Marzo del 2021, para el primer año de pandemia. Los casos de morbilidad fueron agregados a nivel de municipios, segundo orden de la división política administrativa de Guatemala. La población de cada municipio fue estimada por el Instituto Nacional de Estadística Guatemala (INE) [5].

La tasa de morbilidad por COVID-19 se calcula dividiendo los casos entre la población y se multiplica por 100 mil habitantes para cada uno de los municipios de Guatemala. Se realizó un análisis geoestadístico para identificar los clústeres en donde los casos son significativamente mayor a los esperados. El análisis geoestadístico fue puramente geográfico, que detecta clústeres con altas tasas de morbilidad. En el análisis geoestadístico se implementó un modelo de Poisson con un tamaño máximo de clústeres geoestadísticos de por lo menos el 25% de la población total, esto con el fin de identificar otros posibles clústeres. La hipótesis de un riesgo constante en una región se contrasta con la hipótesis que el riesgo es diferente fuera de dicha región. Para cada región, los casos de COVID-19 se reportan junto con los casos esperados según la distribución de Poisson, mostrando la población en riesgo. Posteriormente, se calcula la verosimilitud al interno de cada región y la que tenga mayor verosimilitud, es decir, la que contiene más casos observados que los esperados, se le llama clúster más probable. La significancia es evaluada con simulaciones de Montecarlo y el método utilizado está documentado en Kulldorf et. al. [2]. El análisis geoestadístico fue ejecutado con el software SaTScan versión 9.6 64-bits [2] y se corrieron diez mil iteraciones de tipo Montecarlo en una computadora personal Intel Core i5 de séptima generación y el error tipo 1 se definió en $\alpha = 0.05$. El mapeo se hizo por medio del paquete SaTScan versión 9.6 64-bits [2] que genera un archivo KML para representar datos geográficos para la plataforma Google Earth.

Resultados

El análisis geoestadístico encontró 11 clústeres significativos con tasas más altas de COVID-19 que el promedio nacional en Guatemala: En primer lugar, se detectó un clúster en la Ciudad de Guatemala (RR=4.58, $p=0.00$) constituido por 9 municipios. En segundo lugar, se detectó un clúster en Quetzaltenango (RR=3.24, $p=0.00$) constituido por un municipio. Posteriormente, se detectaron los siguientes clústeres: Puerto Barrios (RR=2.77, $p=0.00$, un municipio), San Marcos (RR=2.43, $p=0.00$, tres municipios), Huehuetenango (RR=2.07, $p=0.00$, un municipio), El Petén (RR=1.76, $p=0.00$, tres municipios), Mazatenango (RR=1.68, $p=0.00$, un municipio), Panajachel (RR=2.69, $p=0.00$, un municipio), El Zunco (RR=1.52, $p=0.00$, lugar poblado), Zacapa (RR=1.13, $p=0.00$, once municipios). Por último, se identificó un clúster en Totonicapán (RR=1.15, $p=0.00$) formado por un municipio (Mapa 1, Cuadro 1).

Mapa 1. Clústeres geoestadísticos de morbilidad por COVID-19 (tasas por cien mil habitantes). Guatemala (13-Mar-2020 al 13-Mar-2021).



Cuadro 1. Clústeres geoestadísticos de morbilidad por COVID-19 (tasas por cien mil habitantes). Guatemala (13-Mar-2020 al 13-Mar-2021).

No de clúster	Nombre del clúster ^a	Casos Reportados	Casos esperados	Riesgo relativo	Valor <i>p</i>
1	C. de Guatemala (9)	84 772	29 096.6	4.58	0.00*
2	Quetzaltenango (1)	6 718	2 124.6	3.24	0.00*
3	Puerto Barrios (1)	3 243	1 184.5	2.77	0.00*
4	San Marcos (3)	3 798	1 584.1	2.43	0.00*
5	Huehuetenango (1)	2 870	1 394.7	2.07	0.00*
6	El Petén (3)	1 941	1 107.4	1.76	0.00*
7	Mazatenango (1)	1 511	900.6	1.68	0.00*
8	Panajachel (1)	459	171.0	2.69	0.00*
9	El Zunco (1)	1 074	709.4	1.52	0.00*
10	Zacapa (11)	3 200	2 828.4	1.13	0.00*
11	Totonicapán (1)	1 452	1 267.9	1.15	0.00*

^a Número de municipios. * Significativo al .05

Fuente: Elaboración propia basado en los datos del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social de Guatemala (casos de COVID-19) y el Instituto Nacional de Estadística Guatemala (datos de población).

Discusión

El análisis geoestadístico identificó 11 clústeres de altas tasas de morbilidad de COVID-19 en Guatemala durante el primer año. Estos resultados son consistentes con la información empírica encontrada a los clústeres. En el caso de la Ciudad de Guatemala, es el clúster con mayor significancia y presenta alta densidad de población urbana y actividad comercial que puede explicar las altas tasas de morbilidad por COVID-19 [5]. Los clústeres de Quetzaltenango, Puerto Barrios, Huehuetenango y Mazatenango también presentan altas densidades de población urbana, además de actividad turística en el caso de Quetzaltenango, actividad portuaria, intercambio internacional de mercaderías y personas, en el caso de Puerto Barrios y actividad comercial, en el caso de Mazatenango. Los clústeres de Panajachel, Totonicapán, El Petén al norte del país y San Marcos, son centros de alta actividad turística y los dos últimos son lugares de retorno terrestre de inmigrantes, actividades que favorecen al aumento de los casos de COVID-19 [6]. Finalmente el clúster de Zacapa y su vecino El Zunco, son áreas de descanso y alimentación para conductores del transporte pesado, actividad que también favorece al aumento de los casos de COVID-19. Un elemento que podría reducir la validez de los resultados de este estudio es la cantidad de casos de COVID-19 reportada en la ciudad de Guatemala, el clúster más importante, cerca de 85 mil casos. El problema radica en que la información disponible fue a nivel de municipios y no por otras unidades menores por ejemplo barrios o aldeas. Lo anterior hace que exista una alta probabilidad que los clústeres significativos sean grandes, reproduciendo un sesgo de selección. Este artículo no trabajó con información más desagregada que la de nivel de municipios, excepto por El Zunco. En resumen, en el primer año de pandemia de COVID-19 en Guatemala, la tasa no fue homogénea porque se encontraron clústeres con altas tasas de morbilidad.

Agradecimientos

El autor agradece al Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social de Guatemala por proveer los datos de la morbilidad por COVID-19 y al Instituto Nacional de Estadística de Guatemala (INE) por suministrar los datos de población. A la Universidad de Costa Rica por facilitar los aspectos administrativos para la realización de este trabajo y al profesor Martin Kulldorff de la Escuela de Medicina de la Universidad de Harvard por la tecnología utilizada. Al Dr Roberto Orozco por sus consejos e instrucciones en la primera versión del artículo.

Referencias bibliográficas / References

1. Rodríguez-Morales AJ, Sánchez-Duque JA, Hernández S, Pérez-Díaz CE, Villamil-Gómez WE, Méndez CA, et al. Preparación y control de la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) en América Latina. *Acta Médica Perú*. 2020;37(1):3-7.
DOI <https://doi.org/10.35663/amp.2020.371.909>
2. Kulldorff M. & Information Management Services Inc. SaTScan v. 3.0.5: Software for the Spatial and Space-Time Scan Statistics. Bethesda, Maryland: National Cancer Institute. USA; 2002.
3. Ramírez-Valverde G, Colegio de Postgraduados, campus Montecillo, Ramírez-Valverde B, Colegio de Postgraduados campus Puebla. Modelo estadístico para defunciones y casos positivos de covid-19 en México. *EconoQuantum* [Internet]. 2020;18(1):1-20.
URL: <http://dx.doi.org/10.18381/eq.v18i1.7223>
4. Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social de Guatemala. Situación de COVID-19 en Guatemala [Consultado el 15/Ene/2022].
URL: <https://tablerocovid.mspas.gob.gt>
5. Instituto Nacional de Estadística de Guatemala (INE). Proyecciones Nacionales 2050-2050. [Consultado el 15/Ene/2022].
URL <https://www.ine.gob.gt/ine/proyecciones/>
6. Stølen KA. Experiencias de retornados guatemaltecos en el Petén. *Cah ALHIM*. 2001; (2). [Consultado el 20/Ene/2022].
URL: <http://dx.doi.org/10.4000/alhim.587>