

---

# La densidad de población de los principales municipios del Estado de México contribuye a una rápida transmisión de la COVID-19

Anaya López Luis, Torres Meza Víctor M., Hinojosa Rodríguez Mauricio R.

Centro Estatal de Vigilancia Epidemiológica y Control de Enfermedades

---

## Resumen

La aparición y propagación de un nuevo coronavirus (SARS-nCoV-2) de Wuhan, China, se ha convertido en un problema de salud global. La enfermedad llamada COVID-19, ha afectado a todos los continentes y no existe, hasta este momento, vacuna o medicamento que pueda controlar la transmisión de esta pandemia.

Desde la detección del coronavirus a finales de diciembre de 2019, varios países han reportado un incremento de casos que afectan en su mayoría a personas que van de los 30 a los 69 años de edad del sexo masculino. La pandemia se está acercando a los 48 millones de personas contagiadas y esto se debe en gran medida a que las personas de varios países no están respetando las medidas de aislamiento, sana distancia y de protección personal, lo que representa un riesgo de transmisión que puede rebasar a los sistemas de salud en todo el mundo. Esto plantea la necesidad de saber cómo es la transmisión de la COVID-19 en el Estado de México.

Los resultados obtenidos nos demostraron que la velocidad de transmisión en el Estado de México en el periodo estudiado estuvo entre 1 y 1.9, esto también se encontró en el Valle de México. Sin embargo, en el Valle de Toluca un día alcanzó la cifra de 2; la región sur lo rebasó en tres días siendo el mayor valor 2.18; la región norte al igual que la región sur rebasó el valor 2 en tres días, alcanzando en un día el valor de 2.67.

Por ello, debemos de considerar que las regiones Norte y Sur tuvieron una mayor transmisión a pesar de tener menor densidad de población en comparación con el Valle de Toluca y aún más con el Valle de México.

## Summary

The appearance and spread of a new coronavirus (SARS-nCoV-2) from Wuhan, China, has become a global health problem, because, there is no vaccine or medicine to control its effects.

Since the detection of the novel coronavirus on December 2019, several countries have reported an increase in cases that mostly affect people between 30 and 69 years of age of the male sex, the pandemic is approaching 48 Millions of infected people and this is largely due to the fact that people in several countries are not respecting the measures of isolation, healthy distance and personal protection, which represents a risk of transmission that can exceed health systems throughout the world.

The results obtained showed us that the transmission speed in the State of Mexico in the period studied was between 1 and 1.9, this was also found in the Valley of Mexico. However, in the Toluca Valley one day was 2; the southern region exceeded it in three days, the highest value being 2.18; the northern region as well as the southern region exceeded the value 2 in three days, reaching the value of 2.67 in one day.

Therefore, we must consider that the North and South regions had a greater transmission despite having a lower population density compared to the Toluca Valley and even more so to the Valley of Mexico.

---

## Antecedentes

De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud (OMS), se identificó un nuevo coronavirus (2019-nCoV) como el virus causante de la neumonía de Wuhan de etiología desconocida por las autoridades chinas el 7 de enero de 2020. El virus fue nombrado como coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2) por el Comité Internacional de Taxonomía

de virus el 11 de febrero de 2020. Este estudio tuvo como objetivo determinar la velocidad de transmisión de la enfermedad COVID-19 en el Estado de México y en cada una de sus regiones. El uso de modelos matemáticos para conocer mejor el comportamiento de la pandemia de COVID-19 y hacer predicciones para tomar decisiones para el control y sobre todo la prevención de la enfermedad ha sido muy socorrido. Se ha tratado de simular la trasmisibilidad como en el estudio "Simulación de la transmisibilidad del nuevo coronavirus (SARS-nCoV-2) a





través de un modelo matemático basado en fases”, por medio del cual se desarrolló un modelo de red de transmisión Bats-Hosts-Reservoir-People (murciélagos-huésped-reservorio-gente), para simular la potencial transmisión de la fuente de infección (probablemente sean murciélagos) a la infección humana. Dado que la red Bats-HostsReservoir era difícil de explorar con claridad y las preocupaciones públicas se centraban en la transmisión desde Huanan el mercado mayorista de mariscos de Hunan (reservorio) a la gente, se simplificó el modelo de transmisión como Reservoir-People (RP) y se adoptó el enfoque de matriz de próxima generación para calcular el número de reproducción básica (R0) del modelo RP para evaluar la transmisibilidad del SARS-CoV-2.

Se halló que el valor de R0 se estimó en 2.30 de reservorio a persona y 3.58 de persona a persona que significa que el número esperado de infecciones secundarias que resultan de la introducción de un solo individuo infectado en una población por lo demás susceptible era 3.58. El modelo mostró que la transmisibilidad del SARS-CoV-2 podría ser mayor que MERS en los países del Medio Oriente, similar a SARS, pero más bajo que MERS en la República de Corea.

Otro estudio se enfocó en la transmisión familiar, con el título de “Un grupo familiar de neumonía asociado con el nuevo coronavirus 2019 indica la transmisión de persona a persona: estudio de un grupo familiar”, se informó de un brote continuo de neumonía asociada con un nuevo coronavirus en la ciudad de Wuhan, Provincia de Hubei, China. Las y los pacientes afectados se vincularon geográficamente con un mercado local húmedo como fuente potencial.

En este estudio, se informó sobre los hallazgos epidemiológicos, clínicos, de laboratorio, radiológicos y microbiológicos de cinco pacientes en un grupo familiar que presentaron neumonía inexplicable después de regresar a Shenzhen, Guangdong provincia China, después de una visita a Wuhan, y un miembro adicional de la familia que no viajó a Wuhan. Se realizaron análisis de secuencias genéticas de estos/as pacientes.

Desde el 10 de enero de 2020, se estudió a una familia de seis pacientes que viajaron a Wuhan desde Shenzhen entre 29 de diciembre de 2019 y 4 de enero de 2020. De los seis miembros de la familia que viajaron a Wuhan, cinco fueron identificados como infectados con el nuevo coronavirus. Pero un miembro de la familia, que no viajó a Wuhan, se infectó con el virus después de varios días de contacto con cuatro de los miembros de la familia. Ninguno de los miembros de la familia tuvo contacto con Wuhan o comercializó animales, aunque dos habían visitado un hospital de Wuhan.

Cinco miembros de la familia (de 36 a 66 años) presentaron fiebre, síntomas del tracto respiratorio superior o inferior, o diarrea, o una combinación de estos 3-6 días después de la exposición. Se

presentaron al hospital (The University of Hong Kong-Shenzhen Hospital, Shenzhen) 6-10 días después del inicio de los síntomas. Ellos y un niño asintomático (de 10 años) tenían opacidades radiológicas en el pulmón de vidrio esmerilado, los pacientes de mayor edad (> 60 años) tenían síntomas más sistémicos, pulmón de vidrio esmerilado, linfopenia, trombocitopenia y aumento de los niveles de proteína C reactiva y lactato deshidrogenasa.

Los hisopos nasofaríngeos o de garganta de estos seis pacientes fueron negativos para los microbios respiratorios conocidos por punto de atención RT-PCR multiplex, pero cinco pacientes (cuatro adultos y el niño) fueron RT-PCR positivos para los genes que codifican el interno ARN polimerasa dependiente de ARN y proteína Spike de superficie de este nuevo coronavirus, que fueron confirmados por secuenciación Sanger. El análisis filogenético de los amplicones de RT-PCR de estos cinco pacientes y dos genomas completos por secuenciación de próxima generación mostró que este es un nuevo coronavirus, que está más cerca del coronavirus respiratorio agudo severo relacionado con el síndrome (SARS) encontrado en murciélagos de herradura chinos. Los hallazgos son consistentes con la transmisión de persona a persona de este nuevo coronavirus en el hospital y entornos familiares, y los informes de viajeros infectados en otras regiones geográficas.

Un tercer estudio, se enfocó en el periodo de incubación. El artículo es “Infección de un grupo familiar asociado al nuevo coronavirus 2019 indica una posible transmisión de persona a persona durante el período de incubación” y señala que un brote continuo de neumonía asociado con el nuevo coronavirus 2019 en China. No está claro si el virus infeccioso existe durante el período de incubación, aunque la transmisión de persona a persona se ha informado en otros lugares y se reportaron las características epidemiológicas de un grupo familiar de pacientes en Shanghai, incluido un hombre de 88 años con limitaciones de movilidad que estuvo expuesto solo a miembros de la familia asintomáticos cuyos síntomas se desarrollaron más tarde. La evidencia epidemiológica demostró una posible transmisión del nuevo coronavirus 2019 durante el período de incubación.

Con frecuencia se ha interpretado que los Sistemas de Vigilancia Epidemiológica, deberían poder generar estimadores representativos de la población o incluso tener cobertura poblacional completa por eso es importante conocer sus alcances para que sus objetivos sean claros para las y los profesionales de la salud.

Dentro de la Vigilancia Epidemiológica, se analiza la transmisión comunitaria (grandes brotes de transmisión local), un elemento importante son los diferentes escenarios de transmisión que son muy variados a nivel internacional e incluso a nivel local y que la vigilancia deberá adecuarse a cada situación.





Si se utiliza un buen sistema de vigilancia de manera temprana, será más efectivo y se podrá dar un seguimiento puntual para montar una respuesta, conociendo los riesgos y como prevenirlos como los factores que pueden acelerar el contagio en el caso de COVID-19 que, hablando en voz alta, durante un minuto podría producir 1,000 gotas capaces de transportar el coronavirus, pero un estornudo puede producir 40,000, descubrieron las y los expertos. Mientras tanto, una tos, uno de los síntomas más comunes de Covid-19, puede producir alrededor de 3.000 gotas que podrían transmitir el virus.

Las gotas expulsadas al aire de los pulmones de alguien pueden ser inhaladas por otros transeúntes e incluso podrían girar 20 pies (6 m) en el aire y ser absorbidas por un sistema de ventilación y transportarse en el aire, según la investigación. También se sabe que las personas pueden detectar el virus al tocar superficies duras y luego tocarse la cara, lo que permite que ingrese por la nariz o la boca.

La mayoría caería al suelo antes de hacerlo a 2 m de distancia (6'7"), dijeron los científicos. Los más grandes de ellos, que miden 100 micrómetros ( $\mu\text{m}$ ) de ancho (0.01 cm), solo pueden suspenderse en el aire durante 10 segundos. Una partícula de 10  $\mu\text{m}$  podría permanecer suspendida durante 17 minutos, dijeron, mientras que una que mida entre uno y tres  $\mu\text{m}$  puede flotar 'indefinidamente'.

Los estudios de COVID-19 sugirieron que había una probabilidad del 37 por ciento de que cualquier partícula de 50  $\mu\text{m}$  tuviera el virus dentro si fuera expulsada de un paciente con coronavirus. Esta proporción se redujo con tamaños de gota más pequeños: una partícula de 10  $\mu\text{m}$  tenía 100 veces menos probabilidades (0,37 por ciento) de portar un virus.

Investigadores/as de la Universidad de Nicosia en Chipre también descubrieron que las máscaras se volvieron aún menos eficientes cuando las personas tosían repetidamente. Las y los científicos dicen que los hallazgos son 'alarmantes', y subrayan la importancia de mantener la regla de distancia de 6 pies en su lugar, incluso cuando se usan máscaras.

## Metodología

Se seleccionó el cálculo del Número Básico de Reproducción o  $R_0$  para conocer la velocidad de transmisión de la enfermedad COVID-19 en el Estado de México y en cada una de las regiones; este modelo matemático se considera sencillo pero eficaz para explicar la velocidad de transmisión del SARS-nCoV-2 en una población.

Se utilizó la información de la Base de Datos abiertos proporcionada por la Secretaría de Salud Federal del día 10 de julio de 2020 en su página oficial, los datos poblacionales se obtendrán del Sistema de Análisis Dinámico de la Información

(Cubos Dinámicos) de la Dirección General de Información en Salud en su apartado de proyecciones CONAPO.

La metodología parte del supuesto de que una persona en cualquier comunidad urbana o rural perteneciente a cualquiera de las Regiones del Estado de México que se mantiene asilada en su casa y utiliza cubrebocas y se lava constantemente las manos con agua y jabón, tiene cero porcentajes de contagiarse de COVID-19, pero en la medida que evita estas precauciones, el porcentaje de contagio o transmisibilidad, aumenta. Se realizó el cálculo de  $R_0$ , para el periodo de 1 mes a partir del 10 de junio de 2020 y se consideró a los municipios de cada Región, se describe su número de población y cuántos casos positivos tiene cada zona.

La velocidad de contagio o transmisión está estrechamente ligada al porcentaje más alejado del valor de "cero", es decir, mientras un valor se encuentre más alejado de ese valor, más rápido se está teniendo contagios en ese día, lo que significa que 14 días antes, cualquiera de todos los factores que representan un riesgo de contagio, se relajaron y por esa razón se ve reflejado ese valor mayor en ese día en específico. Se tomó la base de datos libre y se hizo la clasificación por zonas y se obtuvieron los valores de los casos asociados que tienen el "valor1" en la base de datos.

El modelo matemático consiste en lo siguiente:

A partir del conocimiento de los casos confirmados en un periodo de tiempo determinado y los días en que se registraron.

Cuando en un día determinado ( $n$ ) se registran los casos confirmados o casos infectados ( $I$ ), pertenecerán a un día específico hasta que termine de transcurrir ese día; pero en el siguiente día, ya no se tendrá la misma cantidad sino que tendrán un incremento que se puede representar con la variable  $\Delta$  (delta) así tendremos  $\Delta I_n$  que será el incremento de casos infectados en un día " $n$ ".

Con la misma lógica, se podrá decir que al término de cada día se tendrán nuevos valores que se incorporarán al sistema y se puede conocer ese incremento diario. Para el cálculo del incremento en un día 7, tenemos que se expresa:  $I_8 - I_7$

Cuando se ignoran las medidas de prevención como confinamiento, lavado correcto de manos y uso de cubrebocas, este incremento puede llegar a ser exponencial debido a que la mayoría de investigadores/as han determinado para COVID-19 un  $R_0$  de 2.5, lo que significa que una persona infectada puede contagiar a dos personas más.

Por esta razón es importante que el contagio sea lo menor posible haciendo uso de las recomendaciones de las autoridades sanitarias y evitar el crecimiento exponencial.





Para demostrar que el incremento cada día se puede calcular de esa forma, obtendremos el valor de R0 y se desarrollará la siguiente ecuación diferencial:

$\Delta I_n = E \cdot p \cdot I_n$  donde:

$\Delta I_n$ , es el incremento de casos infectados,

E, es el nivel de exposición a la enfermedad

P, es la probabilidad de contagio

R0, es la velocidad de transmisión de la COVID-19

Podremos despejar entonces:

$$I_{n+1} - I_n = E \cdot p \cdot I_n$$

$$I_{n+1} = E \cdot p \cdot I_n + I_n$$

$$I_{n+1} = E \cdot p \cdot I_n + I_n$$

$$I_{n+1} = I_n (E \cdot p + 1)$$

Los valores  $E \cdot p + 1$ , son los más importantes en esta ecuación y representan el Factor de Riesgo (F), entonces

$F = E \cdot p + 1$  y al despejar obtenemos la fórmula que usaremos para determinar el R0 en el Estado de México quedando de la siguiente manera:

$$F = I_{n+1} / I_n$$

$I_n$

Donde  $I_{n+1}$  son los infectados del día siguiente divididos por los casos infectados del día anterior.

## Resultados

El Estado de México se conforma para este estudio de 4 Regiones, el Valle de México está integrada por 59 Municipios principalmente conurbados a la Ciudad de México, el Valle de Toluca por 22 municipios, la Zona Norte 16 municipios y la Zona Sur por 28 municipios. Tenemos en primer lugar que determinar los casos confirmados por regiones en el Estado de México y sus casos asociados como se muestra en el siguiente cuadro:

Casos confirmados por Región del Estado de México con información de la Base de Datos de la Secretaría de Salud Federal (Datos Abiertos) al 10 de junio de 2020.

REGIÓN	CASOS CONFIRMADOS
Estado de México	20,723
59 municipios del Valle de México	17,030
Zona Metropolitana del Valle de Toluca	2,826
Zona Norte del Estado de México	542
Zona Sur del Estado de México	325

Fuente: Datos abiertos. COVID-19. Secretaría de Salud. Procesada por CEVECE

La densidad de población por Región, con información de Proyecciones del Consejo Nacional de Población (CONAPO), 2018.

REGIÓN	POBLACIÓN	Km2	hab./km2
Estado de México (59 Municipios conurbados)	12,876,148	6291.22	2,047
Ciudad de México (16 Ayuntamientos)	8,788,141	1,459	5,863
Valle de México (59 Municipios)	21,664,289	7790.22	7,909
Valle de Toluca (22 Municipios)	2,574,636	2804.15	918
Zona Norte Edomex (16 Municipios)	1,136,121	4,976.47	228
Zona Sur Edomex (28 Municipios)	1,017,714	7,943	128

Fuente: Proyecciones CONAPO. Secretaría de Salud. Procesada por CEVECE

Se aplicó la metodología antes expuesta, a partir del mes de junio de 2020 cuando se comenzó a reportar el comportamiento de la R0 y se pudo comprobar que la velocidad de transmisión de la COVID-19 en el Estado de México durante los meses de junio y julio, fue muy variada ya que a pesar del confinamiento no todas las personas tomaban las medidas de prevención.

Sería raro que existiera la misma velocidad de transmisión en todo el Estado de México, pero los valores que se presentan en el cuadro siguiente, son valores que tienen mucha variación debido a la acumulación de todas las regiones de la entidad, pero cuando se analiza la velocidad en cada una de las regiones, se puede observar otro fenómeno.



Fuente: Datos Abiertos COVID-19, Secretaría de Salud. Procesada por CEVECE

El cuadro se traduce como el comportamiento de la velocidad de transmisión de la COVID-19 en el Estado de México durante los meses de junio y julio de 2020 en donde la variabilidad refleja las medidas de prevención y promoción de la salud acatadas o no, en los 14 días previos a su confirmación.

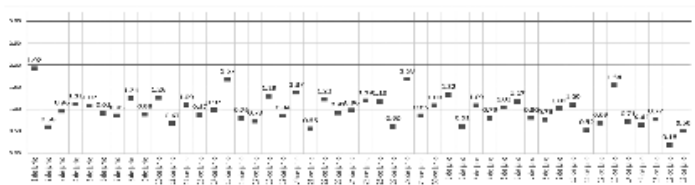
La hipótesis de que los casos confirmados de COVID-19 en las diferentes Regiones del Estado de México y su velocidad de contagio, se pudo demostrar con el comportamiento de los valores en cada una de las regiones y que estuvo determinado por factores como la densidad de población, el relajamiento de las medidas como la falta de lavado de manos y limpieza de superficies en donde las gotículas se quedan por varios días y son focos de infección o no usar cubrebocas cerca de personas que tosen y estornudan y así se puede propagar el virus.

Para el Valle de México, una de las regiones con más habitantes, se tienen valores más altos en la velocidad de transmisión y se puede evidenciar que hay más días con alta transmisión.





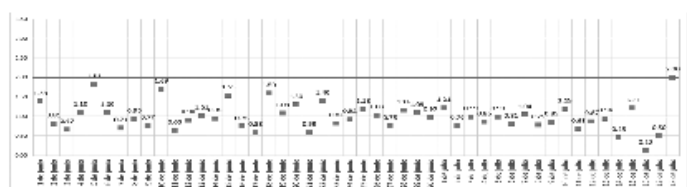
Número Básico de Reproducción del Valle de México



Fuente: Datos Abiertos COVID-19, Secretaría de Salud. Procesada por CEVECE

En el Valle de Toluca durante el mismo periodo de 2020, se aprecia una desaceleración a medida que avanza el mes y significa que las medidas de control se aplicaron de forma más eficiente durante los primeros días.

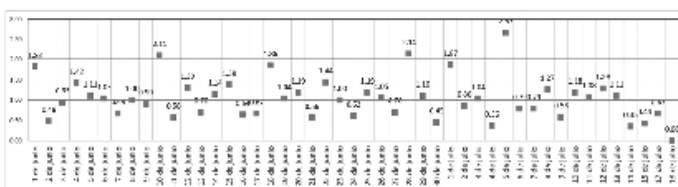
Número Básico de Reproducción del Valle de Toluca



Fuente: Datos Abiertos COVID-19, Secretaría de Salud. Procesada por CEVECE

En el caso de la Zona Norte del Estado de México, se evidencia la falta de cumplimiento de medidas de control para evitar los contagios por eso es que a pesar de tener municipios con menor densidad de población, el resultado fue parte de que la gente en esa zona no creyó en la existencia del virus.

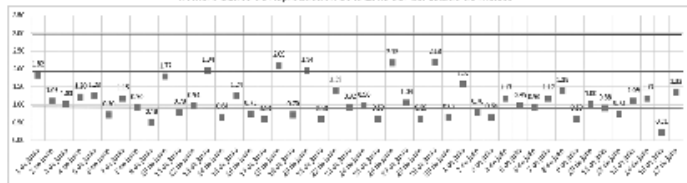
Número Básico de Reproducción de la Zona Norte del Estado de México



Fuente: Datos Abiertos COVID-19, Secretaría de Salud. Procesada por CEVECE

Por último, en la Zona Sur del Estado de México, a pesar de tener un aumento en el contagio durante el mes de junio, la tendencia se encuentra a la baja lo que redujo su velocidad de transmisión.

Número Básico de Reproducción de la Zona Sur del Estado de México



Fuente: Datos Abiertos COVID-19, Secretaría de Salud. Procesada por CEVECE

La supresión de nuevas infecciones ha surgido como una estrategia predominante de control en la salud pública que puede enfocarse en reducir nuevas infecciones limitando las interacciones de humano a humano, pero podría ser tanto social como económicamente insostenible a largo plazo por lo que se ha desarrollado y analizado un modelo de intervención epidemiológica para generar lo que llamamos ‘escudo inmunidad’ a escala poblacional.

El objetivo del escudo es ayudar a mantener las interacciones necesarias para el funcionamiento de bienes y servicios esenciales mientras se reduce la probabilidad de transmisión. El enfoque del escudo de inmunidad podría reducir sustancialmente la duración de la pandemia y reducir la carga general del brote actual, y puede trabajar sinérgicamente con el distanciamiento social. Algunas jurisdicciones tienen preferencia y adoptaron reactivamente una combinación de restricciones de viaje (demostrado ser eficaz para reducir la dispersión si se implementa temprano suficiente).

## Discusión

Como se ha mostrado en otros estudios, la transmisibilidad del COVID-19, ha quedado demostrada por diferentes factores como la movilidad, el aislamiento y la falta de medidas de protección. Existe una sensación infundada de seguridad en las personas que se han recuperado por lo que han cuestionado a las autoridades de salud sobre el contar con un certificado de inmunidad y lo que teme la OMS es que aumenten los riesgos de transmisión por el desacato de las medidas de prevención y control, como el lavado constante de manos, el aislamiento y el uso de mascarillas de protección.

Los hallazgos son raros, no hay barreras geográficas entre el Valle de México y el resto del Estado y es difícil explicar la letalidad por zonas, (número de defunciones entre el total de casos confirmados), el problema se encuentra en los municipios con mayor densidad poblacional ya que como en el caso de la Ciudad de México, sus aeropuertos no han dejado de operar, han relajado las medidas preventivas y en los Municipios del Valle de México al tener esa cercanía con la CDMX.

## Conclusiones

La velocidad de transmisión en el Estado de México en el periodo estudiado no rebasó el valor máximo de 2, lo mismo sucedió en el Valle de México. Sin embargo, en el Valle de Toluca un día alcanzó la cifra de 2; la región sur lo rebasó en tres días siendo el mayor valor 2.18; la región norte al igual que la región sur rebasó el valor 2 en tres días, alcanzando en un día el valor de 2.67.

Podemos decir que en su conjunto el Estado de México tuvo una transmisión no alta, sin embargo al analizar por región, las regiones Valle de Toluca, Norte y Sur tuvieron días por arriba o igual a 2, en el Valle de México al igual que en el Estado en su conjunto nunca rebasó la velocidad de transmisión de 2. Por ello, debemos de considerar que las regiones Norte y Sur son las de mayor transmisión a pesar de tener menor densidad de población.

Para entender lo que nos demuestra este estudio sería necesario plantear algunas hipótesis que podrán ser demostradas en investigaciones posteriores,







## Bibliografía

1. World Health Organization. Coronavirus. World Health Organization, cited January 19, 2020. Available: <https://www.who.int/health-topics/coronavirus>.
2. Zhou P, Yang XL, Wang XG, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 2020. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>.
3. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia. *N Engl J Med*. 2020. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001316>.
4. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet*. 2020. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5).
5. Chan JF, Yuan S, Kok KH, To KK, 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. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30154-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30154-9).
6. 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*. 2020. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001017>.
7. Bogoch II, Watts A, Thomas-Bachli A, Huber C, Kraemer MUG, Khan K. Pneumonia of unknown etiology in Wuhan, China: Potential for International Spread Via Commercial Air Travel. *J Travel Med*. 2020. <https://doi.org/10.1093/jtm/taaa008>.
8. Zhao S, Lin Q, Ran J, Musa SS, Yang G, Wang W, et al. Preliminary estimation of the basic reproduction number of novel coronavirus (2019-nCoV) in China, from 2019 to 2020: a data-driven analysis in the early phase of the outbreak. *Int J Infect Dis*. 2020. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.01.050>.
9. Zhao S, Musa SS, Lin Q, Ran J, Yang G, Wang W, et al. Estimating the unreported number of novel coronavirus (2019-nCoV) cases in China in the first half of January 2020: a data-driven Modelling analysis of the early outbreak. *J Clin Med*. 2020. <https://doi.org/10.3390/jcm9020388>.
10. World Health Organization. Novel Coronavirus – China. World Health Organization. cited January 20, 2020. Available: <https://www.who.int/csr/don/12-january-2020-novel-coronavirus-china/en/>.
11. Chen T, Rui J, Wang Q, Zhao Z, Cui J-A, Yin L. A mathematical model for simulating the transmission of Wuhan novel Coronavirus. *bioRxiv*. 2020: 2020.2001.2019.911669. Accessed 13 Feb 2020.
12. Chen T, Ka-Kit Leung R, Liu R, Chen F, Zhang X, Zhao J, et al. Risk of imported Ebola virus disease in China. *Travel Med Infect Dis*. 2014;12:650–8.
13. Yi B, Chen Y, Ma X, Rui J, Cui JA, Wang H, et al. Incidence dynamics and investigation of key interventions in a dengue outbreak in Ningbo City, China. *PLoS Negl Trop Dis*. 2019;13:e0007659.
14. Chen T, Leung RK, Zhou Z, Liu R, Zhang X, Zhang L. Investigation of key interventions for shigellosis outbreak control in China. *PLoS One*. 2014;9:e95006.
15. National Health Commission of the People's Republic of China. Update on the novel coronavirus pneumonia outbreak. Beijing, China: National Health Commission of the People's Republic of China, 2020. [http://en.nhc.gov.cn/2020-02/13/c\\_76512.htm](http://en.nhc.gov.cn/2020-02/13/c_76512.htm). Accessed 13 February 2020.
16. Huang C, Wang Y, Li X, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet* 2020; 395:497–506.
17. Chan JFW, Yuan S, Kok KH, 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; 395:514–23.

