



# Predicción de infectados por Covid-19 en el Perú por el modelo de media móvil integrada autorregresiva

Prediction of covid-19 infection in Peru by the autoregressive integrated moving average

<sup>1,a</sup>Alex Youn Aro Huanacuni

## ARTÍCULO ORIGINAL

<sup>1</sup>Ciencias Físico Matemáticas

### Correspondencia:

ayaro@unap.edu.pe

<sup>a</sup>ORCID: 0000-0002-8295-1816

**Palabras clave:** Infectados, Muertes, Modelo ARIMA, Predicción.

**Keywords:** Infected, Deaths, ARIMA model, Prediction.

### Información adicional

**Presentado:** 28/12/2021

**Aprobado:** 02/02/2022

## RESUMEN

Durante el brote del virus Covid-19, varios investigadores han estudiado diversos modelos matemáticos de pronóstico de infecciones y muertes; así como, la tasa de contagio del virus. En la actualidad sigue vigente el virus con algunas variantes y conocer su comportamiento es de mucha importancia para desarrollar acciones efectivas en el control de la situación actual y futura de la epidemia. El objetivo fue predecir la cantidad de infectados acumulados por Covid-19, de 38 días, a partir de 23 de diciembre del 2021, utilizando los datos registrados en la Organización Mundial de la Salud (OMS), del caso Perú, y realizando entrenamientos del modelo de media móvil integrada autorregresiva (ARIMA) en el software Python 3. Los modelos más óptimos obtenidos con datos reales de número de casos infectados y muertes diarias por Covid-19, según los parámetros estadísticos EMPA y  $R^2$  fueron ARIMA(3,0,1) en la predicción de casos diarios con EMPA=0,178 y  $R^2=0,804$  y ARIMA(3,1,1), con EMPA= 0,243 y  $R^2=0,579$ , en la predicción de muertes diarias. En los cinco modelos aplicados en el periodo de predicción, se estimó un promedio de 53518 personas infectadas por Covid-19.

## ABSTRACT

During the outbreak of the Covid-19 virus, several researchers have studied various mathematical models for predicting infections and deaths, as well as the rate of virus transmission. At present, the virus is still active with some variants and knowing its behavior is of great importance for the development of effective actions to control the current and future epidemic situation. In the research, the objective is to predict the number of accumulated Covid-19 infectious disease cases for 38 days, as of December 23, 2021, using the data registered in the World Health Organization (WHO), for Peru, and training the autoregressive integrated moving average (ARIMA) model in Python 3 software. The most optimal models obtained with real data of number of infected cases and daily deaths by Covid-19, according to the statistical parameters EMPA and  $R^2$  are ARIMA(3,0,1), in the prediction of daily cases with EMPA=0.178 and  $R^2=0.804$  and ARIMA(3,1,1), with EMPA=0,243 and  $R^2=0,579$ , in the prediction of daily deaths. In the 5 models applied in the prediction period, an average of 53518 persons are infected by Covid-19.

## INTRODUCCIÓN

La pandemia por el Covid-19 inició en Wuhan China 2019, extendiéndose por el mundo, el 30 de enero del 2020, La Organización Mundial de la Salud declaró emergencia de salud pública ofreciendo algunas recomendaciones para combatirlas al virus (Adhikari *et al.*, 2020; Chathappady *et al.*, 2021; Xu *et al.*, 2020). El Covid-19 es una enfermedad inmensamente contagiosa y patógena causada por el coronavirus del síndrome respiratorio agudo severo 2 (SARS-Cov-2) y está relacionado con el virus del murciélago (Hamid *et al.*, 2020; Shereen *et al.*, 2020). Aún no se conoce su procedencia, sin embargo, el virus ha mutado aumentando la velocidad de contagio de persona a persona. Los países están inmunizando con vacunas de alta eficacia y retornando a sus actividades de manera progresiva con algunas medidas de bioseguridad. A pesar de acciones tomadas por los gobiernos el virus persiste aún.

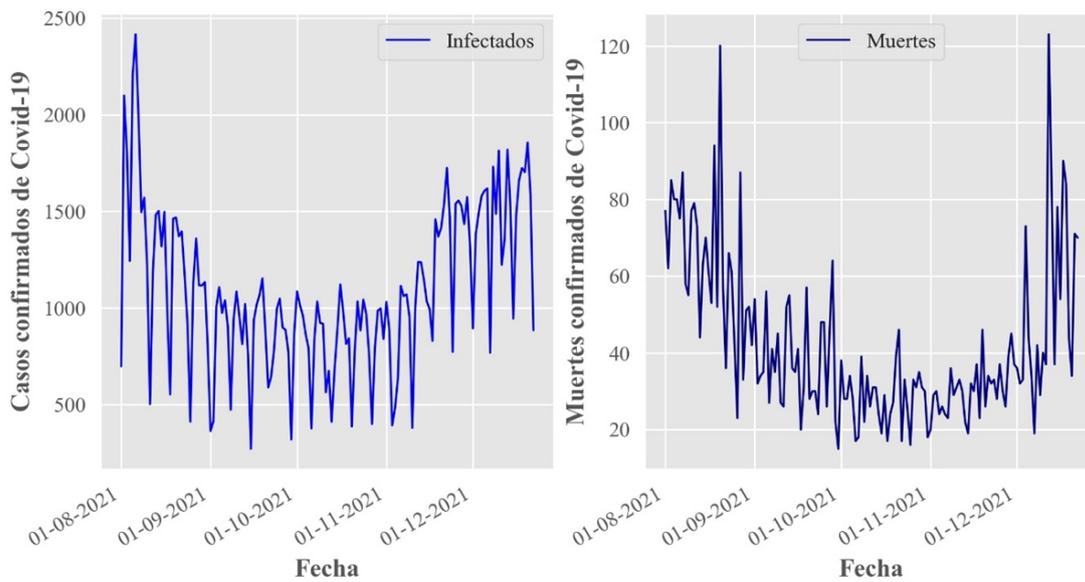
Al inicio de la pandemia no se conocía la tasa de contagio. Por ello, varios investigadores realizaron investigaciones para determinar el número de reproducción básica y predicciones de infectados, aplicando diferentes modelos matemáticos para comprender la reproducción de virus en los humanos. En la actualidad, los países cuentan con vacunas para Covid-19 para contrarrestar los contagios. Existe un descenso significativo de hospitalización y muertes por Covid-19, debido a la llegada de vacunas (Barandalla *et al.*, 2021). La protección de vacuna contra la infección podría disminuir debajo del 50%, en el primer año después de la vacunación (Cromer *et al.*, 2021) y afirman que las inmunizaciones de personas reducen la tasa de contagios y hospitalización después haber recibido primera dosis como señalan en (Agrawal *et al.*, 2021; Conlon *et al.*, 2021), siendo importante la vacunación de toda población. Sin embargo, en varios países de Sudamérica no han logrado inocular a la población en su totalidad, debido a la alta demanda de vacunas y falta de sensibilización a la población, por lo que la población susceptible está expuesta a nuevas variantes como delta, gamma, beta, alfa, ómicron entre otros y éstas muestran alta transmisibilidad y resistencia a las vacunas y terapias (Reman *et al.*, 2021). Estas variantes agudizarían el control de la situación y no se conocen con exactitud las tendencias futuras sobre infección y muertes por Covid-19.

En investigación, los objetivos fueron determinar modelos de media móvil integrada autorregresiva (ARIMA), que mejor desempeñan en la predicción de datos reales reportados en OMS. Además, predecir cantidades de infectados y muertes acumuladas durante los meses de diciembre 2021 y enero del 2022, para el caso Perú. El modelo ARIMA, se ha utilizado por otros investigadores (Awan & Aslam, 2020; Katoch & Sidhu, 2021; Malki *et al.*, 2021; Sabry *et al.*, 2021; Wang *et al.*, 2021), en países y contextos diferentes para pronóstico; así, como para ver tendencias futuras por medio de datos. En este estudio se siguieron los procedimientos para selección de modelos adecuados con el fin de obtener predicciones futuras, para ello se realizó entrenamiento de los modelos examinando los criterios de errores. Una vez, obtenido los modelos se estimaron los parámetros óptimos de predicción con datos reales del Perú y utilizando dichos modelos, se obtuvo los resultados deseados. Estos resultados ayudan a describir comportamiento dinámico de contagios entre individuos, durante el proceso de vacunación.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Área de estudio

Los datos utilizados en este estudio fueron obtenidos de Organización Mundial de la Salud (<https://covid19.who.int/WHO-COVID-19-global-data.csv>). En los datos reales se consideró el número de casos infectados y muertes por Covid-19, desde el 01-08-2021, hasta 22-12-2021, del Perú con un total de 144, observaciones como se muestran en la Figura 1. Asimismo, se excluyeron observaciones iniciales, debido a que en la investigación se pretende ver el contexto actual de la situación de la epidemia.



**Figura 1.** Datos reales de infectados y muertes diarias por Covid-19, durante el 8 de agosto al 22 diciembre del 2021

Para aplicar un modelo ARIMA, se requieren 100, observaciones o más para obtener de manera eficiente (Box & Tiao, 1975). Por tal razón, en este estudio, se utilizó una serie temporal que contiene 144 datos reales para realizar experimentos en las predicciones de infectados y muertes diarias por Covid-19. Los datos se procesaron utilizando el software Python 3, y el paquete pmdarima, entrenando y eligiendo modelos compatibles con media móvil integrada autorregresiva.

**METODOLOGÍA**

El modelo media móvil autorregresiva de orden p y q (ARMA(p,q)), está compuesto por autorregresiva (AR(p)) y media móvil (MA(q)), y fue desarrollado por Box y Jenkins en los años 70 (George & Jenkins, 1978), y está dada por la ecuación siguiente:

$$I_t = \mu + \varphi_1 I_{t-1} + \varphi_2 I_{t-2} + \dots + \varphi_p I_{t-p} + \varepsilon_t + \theta_1 \varepsilon_{t-1} + \dots + \theta_q \varepsilon_{t-q}, \tag{1}$$

donde  $I_t$  es el valor de predicción en el tiempo t,  $\mu$  es constante,  $I_{t-1}$ ,  $I_{t-2}$  son coeficientes de AR(p),  $\varphi_1, \varphi_2, \dots, \varphi_p$  son coeficiente de MA(q) y  $\varepsilon_t$  denota error. El modelo autorregresivo media móvil integrada de orden p, d y q (ARIMA(p,d,q)), es la generalización de modelo ARMA(p,q) y está dada por la ecuación (George E. P. Box *et al.*, 2008):

$$\varphi_p(B)(1 - B)^d I_t = \mu + \theta_q(B)\varepsilon_t \tag{2}$$

donde,  $B^i I_t = I_{t-i}$ ,  $\varphi_p(B) = 1 - \varphi_1 B - \varphi_2 B^2 - \varphi_3 B^3 - \dots - \varphi_p B^p$  y  $\theta_q(B) = 1 - \theta_1 B - \theta_2 B^2 - \theta_3 B^3 - \dots - \theta_q B^q$ .

Como los modelos sirven para predecir futuros y se ajustan a los datos de las series temporales (He & Tao, 2018), los parámetros fueron estimados de las ecuaciones (1) y (2) para datos infectados por Covid-19, validando como en los resultados obtenidos por los autores Ceylan (2020), Hernandez *et al.* (2020), Malki *et al.* (2021), Yang *et al.* (2020), mediante los parámetros estadísticos de la raíz del error cuadrático medio (RECM), error medio absoluto (EMA), error medio porcentual absoluto (EMPA) y el coeficiente de determinación ( $R^2$ ). Los parámetros estadísticos se determinaron mediante las siguientes expresiones:

$$RECM = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (I_j - \hat{I}_j)^2}, \quad (3)$$

$$EMA = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n |I_j - \hat{I}_j|, \quad (4)$$

$$EMPA = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \frac{|I_j - \hat{I}_j|}{|I_j|}, \quad (5)$$

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{j=1}^n (I_j - \hat{I}_j)^2}{\sum_{j=1}^n (I_j - \bar{I}_j)^2}, \quad (6)$$

donde,  $I_j$  es el valor real  $\hat{I}_j$  es la media de la serie temporal y  $n$  es el número de observaciones consideradas.

## RESULTADOS

### Evaluación de ajuste de datos reales aplicando el modelo ARIMA

Se utilizó un procedimiento iterativo para varias combinaciones de  $p$ ,  $d$  y  $q$  con el fin de determinar los 5 modelos que presentan mejores ajustes y que tengan capacidad de predicción. Los modelos de ARIMA, encontrados son para  $p=15,13,10,3$ ,  $q=0,1,2,3$  y  $d=0,1$ , con datos reales diarios del Perú (Tabla 1 y Tabla 2).

**Tabla 1**

Resultados de los modelos ARIMA aplicados a nuevos casos diarios reportados del 1 de agosto al 22 de diciembre del Perú.

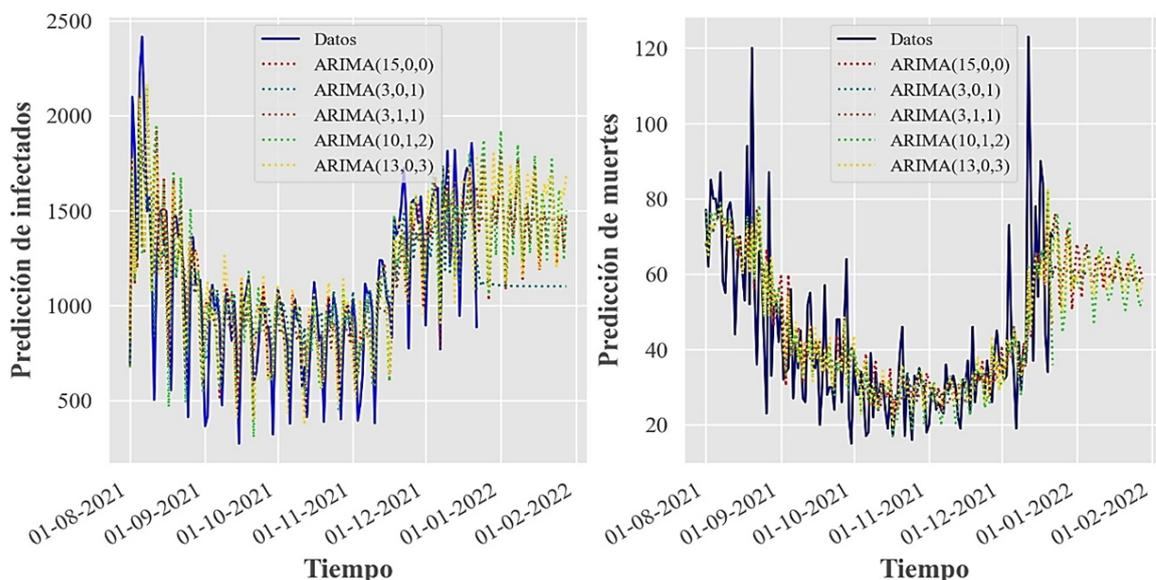
Modelo	RECM	EMA	EMPA	R <sup>2</sup>
ARIMA(15,0,0)	303,142	222,722	0,275	0,463
ARIMA(3,0,1)	183,222	144,410	0,178	0,804
ARIMA(3,1,1)	196,858	155,991	0,192	0,774
ARIMA(10,1,2)	308,208	228,429	0,275	0,445
ARIMA(13,0,3)	324,383	243,138	0,301	0,386

El modelo ARIMA(3,0,1), tuvo mejor desempeño en la predicción de datos infectados diarios por Covid-19, con RECM=183.222, EMA=144,410, EMPA=0,178 y R<sup>2</sup>=0,804, en seguida ARIMA(3,1,1), con RECM=196,858, EMA=155,991, EMPA=0,192 y R<sup>2</sup>= 0,774. Ambos son resultados óptimos para aproximar la predicción futura. En cambio, los modelos ARIMA(15,0,0), ARIMA(10,1,2) y ARIMA(13,0,3) tuvieron R<sup>2</sup> inferior a 0,5. Por lo tanto, los resultados son débiles y no son aplicables en la predicción de infectados. Por otra parte ARIMA(10,1,2) tuvo el más alto parámetro RECM=324,384, que los demás modelos. La predicción de muertes por Covid-19, por los modelos ARIMA(3,1,1), ARIMA(3,0,1), ARIMA(15,0,0), ARIMA(10,1,2) y ARIMA(13,0,3) resultado con un R<sup>2</sup> entre 0,507 y 0.579 siendo moderados con respecto a datos reales (Tabla 2). El mejor de ellos fue ARIMA(3,1,1), con RECM=13,661, EMA=9,279 y EMPA=0,243. Sin embargo, el resto de los modelos tienen parámetros estadísticos muy próximos.

**Tabla 2**

Resultados de los modelos ARIMA aplicados a nuevas muertes diarias reportados del 1 de agosto al 22 de diciembre del Perú.

Modelo	RECM	EMA	EMPA	R <sup>2</sup>
ARIMA(15,0,0)	14,658	10,044	0,273	0,515
ARIMA(3,0,1)	13,756	9,495	0,258	0,573
ARIMA(3,1,1)	13,661	9,279	0,243	0,579
ARIMA(10,1,2)	14,698	9,956	0,261	0,512
ARIMA(13,0,3)	14,770	10,065	0,273	0,507

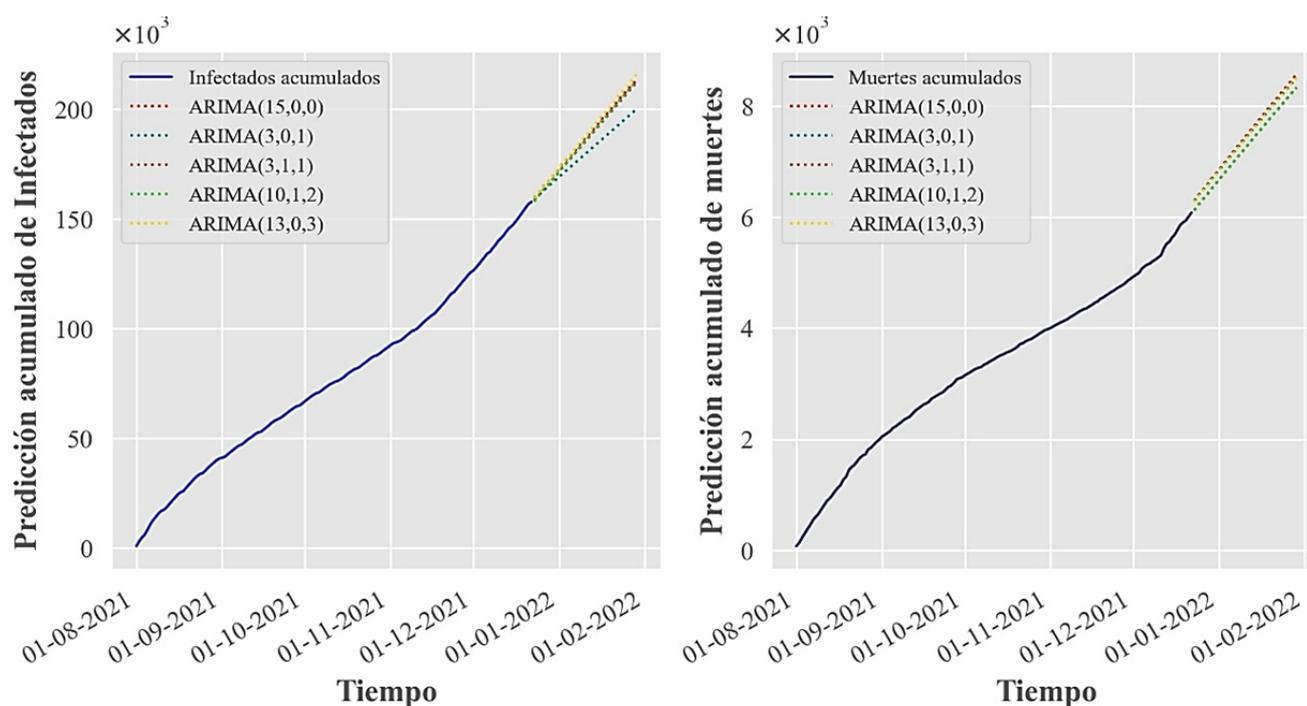


**Figura 2.** Predicción de casos infectados y muertes diarias por Covid-19, desde 1 de agosto del 2021 al 29 de enero del 2022.

Las predicciones diarias realizadas desde 23 de diciembre del 2021, al 29 de enero del 2022 para Perú, tuvieron tendencia oscilatoria de casos infectados con modelos ARIMA(15,0,0), ARIMA(3,1,1), ARIMA(10,1,2) y ARIMA(13,0,3) y decreciente por ARIMA(3,0,1). Estos modelos dieron como resultado la existencia continua de contagios. Así mismo se observa una disminución continua de la cantidad de muertes en los próximos meses de acuerdo con los modelos aplicados en la investigación (Figura 2).

### Predicción acumulada de infecciones y muertes por Covid-19, usando modelo ARIMA

Las predicciones acumuladas infectadas obtenidas por los modelos ARIMA, mostraron un crecimiento en número de infectados y muertes, durante el mes de enero del 2022 (Figura 3). En el experimento de ARIMA(15,0,0), se predijo un total de 55288 infectados. El mejor ajuste ARIMA(3,0,1), pronosticó que 42149 personas serian infectados por el virus afines del mes enero de 2022. Este resultado es bajo comparado a otros modelos como ARIMA(3,1,1) y ARIMA(10,1,2), con 55426 y 56523, personas con virus, respectivamente. Por otra parte, ARIMA(13,0,3), resulto en 58203 personas infectadas y este pronóstico es mayor de todos. Estas predicciones realizadas por cinco modelos fueron para cinco semanas a partir de 23 de diciembre de 2021. Se esperan tener un promedio de 53518, personas infectadas más al 29 de enero del 2022. Los resultados acumulados muestran que la tendencia lineal continuará, pesar de que el gobierno tomó medidas de vacunación obligatoria en la población.



**Figura 3.** Predicción de infecciones y muertes acumulados por Covid-19, desde 23 de diciembre del 2021 al 29 de enero del 2022.

Los modelos ARIMA(3,0,1), ARIMA(3,1,1), ARIMA(13,0,3) y ARIMA(15,0,0) predijeron 2271, 2273, 2303 y 2357 muertes acumuladas respectivamente, durante el periodo de evaluación. A pesar de esfuerzos de medidas restrictivas y masificación de vacunas en todo el país, los resultados señalan lo contrario, habrá aún reportes de muertes por Covid-19, durante el 2022.

## DISCUSIÓN

Los modelos ARIMA(3,0,1) y ARIMA(3,1,1), tienen mejores desempeños en la predicción de datos reales tanto en infectados como en muertes, según los parámetros estadísticos establecidos. Estos modelos son primordiales para pronóstico del futuro, por sus precisiones aceptables y validas obtenidas en los experimentos lo garantizan. Sin embargo, los demás modelos tienen alto error y poca proximidad, y no son recomendables su aplicación al pronóstico.

Hernandez-Matamoros *et al.*, (2020), aplicaron a 145 países dentro de los cuales a Perú con datos de 25 de abril al 11 de mayo del 2020, Obtuvieron un RECM de 325,219 con el modelo ARIMA, siendo similar a lo obtenido en el modelo ARIMA(13,0,3). En el caso de Italia, los modelos ARIMA(2,2,1) y ARIMA(0,2,0) resultaron con  $R^2=0,823$  y  $R^2=0,956$ , respectivamente y son modelos con alta precisión para predecir cantidad de infectados (Yang et al., 2020). De manera similar, el modelo ARIMA(3,0,1) de  $R^2=0,804$ , tuvo una alta capacidad de predicción. El modelo ARIMA(3,0,1), también fue aplicado por Ayele et al. (2020), para predicción de incidencia global por Covid-19. Además Ilie et al. (2020) consideraron ARIMA(3,0,1) y ARIMA(3,1,1) para realizar estudios en India y Serbia, donde el segundo modelo tuvo mejor ajuste con EMPA=2,167. Estos resultados obtenidos son similares al estudio alcanzado por los mejores modelos ARIMA(3,0,1) y ARIMA(3,1,1), encontrados en la predicción de datos reales de infectados y muertes por Covid-19, en el Perú.

Existen limitaciones sobre modelos aplicados a los datos reales puesto que, no se consideró todas posibilidades de autorregresión, media móvil e integrada. En el estudio, se seleccionó modelos de acuerdo a datos reales de Perú, y no se aplicó conversión de datos. En cierta forma, estos modelos estudiados ayudan al gobierno a tomar acciones pertinentes sobre la situación actual y futura. Otros estudios similares se pueden realizar con ARIMA para departamentos del Perú.

## CONCLUSIÓN

El experimento realizado con 5 modelos, el ARIMA(3,0,1), es excelente para predecir número de casos infectados diarios; mientras que, en la predicción de muertes por día, el modelo ARIMA(3,1,1), fue el más óptimo. Entre todos los modelos aplicados se obtuvo un promedio de 53518, personas infectadas por Covid-19, durante el periodo de predicción.

## BIBLIOGRAFÍA

- Adhikari, S. P., Meng, S., Wu, Y., Mao, Y., Ye, R., Wang, Q., Sun, C., Sylvia, S., Rozelle, S., Raat, H., & Zhou, H. (2020). A scoping review of 2019 Novel Coronavirus during the early outbreak period: Epidemiology, causes, clinical manifestation and diagnosis, prevention and control. *Infectious Diseases of Poverty*, 1–12. <https://doi.org/10.21203/rs.2.24474/v1>
- Agrawal, U., Katikireddi, S. V., McCowan, C., Mulholland, R. H., Azcoaga-Lorenzo, A., Amele, S., Fagbamigbe, A. F., Vasileiou, E., Grange, Z., Shi, T., Kerr, S., Moore, E., Murray, J. L. K., Shah, S. A., Ritchie, L., O'Reilly, D., Stock, S. J., Beggs, J., Chuter, A., ... Sheikh, A. (2021). COVID-19 hospital admissions and deaths after BNT162b2 and ChAdOx1 nCoV-19 vaccinations in 2·57 million people in Scotland (EAVE II): a prospective cohort study. *The Lancet Respiratory Medicine*, 9(12), 1439–1449. [https://doi.org/10.1016/s2213-2600\(21\)00380-5](https://doi.org/10.1016/s2213-2600(21)00380-5)
- Awan, T. M., & Aslam, F. (2020). Prediction of daily COVID-19 cases in European countries using automatic ARIMA model. *Journal of Public Health Research*, 9(3), 227–233. <https://doi.org/10.4081/jphr.2020.1765>

- Ayele, A. W., Zewdie, M. A., & Bayko, T. (2020). Modeling and Forecasting the Global Daily Incidence of Novel Coronavirus Disease ( COVID-19 ): An Application of Autoregressive Moving Average ( ARMA ) Model. *International Journal of Public Health and Safety*, 5(April).
- Barandalla, I., Alvarez, C., Barreiro, P., de Mendoza, C., González-Crespo, R., & Soriano, V. (2021). Impact of scaling up SARS-CoV-2 vaccination on COVID-19 hospitalizations in Spain. *International Journal of Infectious Diseases*, 112, 81–88. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2021.09.022>
- Box, G. E. P., & Tiao, G. C. (1975). Intervention Analysis with Applications to Economic and Environmental Problems. *Journal of the American Statistical Association*, 70(349), 70–79. <https://doi.org/10.2307/2285379>
- Box, George E. P., & Jenkins, G. M. (1978). *Time Series Analysis forecasting and Control*.
- Box, George E. P., Jenkins, G. M., & Reinsel, G. C. (2008). Time series analysis. In *Water Resources Research*. <https://doi.org/10.1029/WR003i003p00817>
- Ceylan, Z. (2020). Estimation of COVID-19 prevalence in Italy, Spain, and France. *Science of the Total Environment*, 729, 138817. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.138817>
- Chathappady House, N. N., Palissery, S., & Sebastian, H. (2021). Corona Viruses: A Review on SARS, MERS and COVID-19. *Microbiology Insights*, 14, 1–8. <https://doi.org/10.1177/11786361211002481>
- Conlon, A., Ashur, C., Washer, L., Eagle, K. A., & Hofmann Bowman, M. A. (2021). Impact of the influenza vaccine on COVID-19 infection rates and severity. *American Journal of Infection Control*, 49(6), 694–700. <https://doi.org/10.1016/j.ajic.2021.02.012>
- Cromer, D., Steain, M., Reynaldi, A., Schlub, T. E., Wheatley, A. K., Juno, J. A., Kent, S. J., Triccas, J. A., Khoury, D. S., & Davenport, M. P. (2021). Neutralising antibody titres as predictors of protection against SARS-CoV-2 variants and the impact of boosting: a meta-analysis. *The Lancet Microbe*, 5247(21), 1–10. [https://doi.org/10.1016/s2666-5247\(21\)00267-6](https://doi.org/10.1016/s2666-5247(21)00267-6)
- Hamid, S., Mir, M. Y., & Rohela, G. K. (2020). Novel coronavirus disease (COVID-19): a pandemic (epidemiology, pathogenesis and potential therapeutics). *New Microbes and New Infections*, 35, 100679. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2020.100679>
- He, Z., & Tao, H. (2018). Epidemiology and ARIMA model of positive-rate of influenza viruses among children in Wuhan, China: A nine-year retrospective study. *International Journal of Infectious Diseases*, 74, 61–70. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2018.07.003>
- Hernandez-Matamoros, A., Fujita, H., Hayashi, T., & Perez-Meana, H. (2020). Forecasting of COVID19 per regions using ARIMA models and polynomial functions. *Applied Soft Computing Journal*, 96, 106610. <https://doi.org/10.1016/j.asoc.2020.106610>
- Ilie, O. D., Cojocariu, R. O., Ciobica, A., Timofte, S. I., Mavroudis, I., & Doroftei, B. (2020). Forecasting the spreading of COVID-19 across nine countries from Europe, Asia, and the American continents using the arima models. *Microorganisms*, 8(8), 1–19. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8081158>
- Katoch, R., & Sidhu, A. (2021). An Application of ARIMA Model to Forecast the Dynamics of COVID-19 Epidemic in India. *Global Business Review*, 1–14. <https://doi.org/10.1177/0972150920988653>

- Malki, Z., Atlam, E. S., Ewis, A., Dagneu, G., Alzighaibi, A. R., Elmarhomy, G., Elhosseini, M. A., Hassanien, A. E., & Gad, I. (2021). ARIMA models for predicting the end of COVID-19 pandemic and the risk of second rebound. *Neural Computing and Applications*, 33(7), 2929–2948. <https://doi.org/10.1007/s00521-020-05434-0>
- Raman, R., Patel, K. J., & Ranjan, K. (2021). Covid-19: Unmasking emerging sars-cov-2 variants, vaccines and therapeutic strategies. *Biomolecules*, 11(7). <https://doi.org/10.3390/biom11070993>
- Sabry, I., Mourad, A. H. I., Idrisi, A. H., & Elwakil, M. (2021). Forecasting COVID-19 cases in Egypt using ARIMA-based time-series analysis. *Eurasian Journal of Medicine and Oncology*, 5(2), 123–131. <https://doi.org/10.14744/ejmo.2021.64251>
- Shereen, M. A., Khan, S., Kazmi, A., Bashir, N., & Siddique, R. (2020). COVID-19 infection: Origin, transmission, and characteristics of human coronaviruses. *Journal of Advanced Research*, 24, 91–98. <https://doi.org/10.1016/j.jare.2020.03.005>
- Wang, G., Wu, T., Wei, W., Jiang, J., An, S., Liang, B., Ye, L., & Liang, H. (2021). Comparison of ARIMA, ES, GRNN and ARIMA-GRNN hybrid models to forecast the second wave of COVID-19 in India and the United States. *Epidemiology and Infection*, 149, 1–9. <https://doi.org/10.1017/S0950268821002375>
- Xu, Y., Cheng, M., Chen, X., & Zhu, J. (2020). Current approaches in laboratory testing for SARS-CoV-2. *International Journal of Infectious Diseases*, 100, 7–9. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.08.041>
- Yang, Q., Wang, J., Ma, H., & Wang, X. (2020). Research on COVID-19 based on ARIMA model  $\Delta$ —Taking Hubei, China as an example to see the epidemic in Italy. *Journal of Infection and Public Health*, 13(10), 1415–1418. <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2020.06.019>