

La co-residencia familiar y la COVID-19 en La Habana

Family co-residence an COVID-19 in Havana

Dra. Matilde de la C. Molina¹

MSc. Maydeé Vázquez²

MSc. Gabriela Dujarric³

Recibido: 10 de diciembre de 2020

Aceptado: 20 de diciembre de 2020

Publicado: 30 de diciembre de 2020

Cómo citar este artículo:

Molina, M de la C.; Vázquez M. y Dujarric, G. (2020). La co-residencia familiar y la COVID-19 en La Habana. *Novedades en Población*, 16(32), 33-54. <http://www.novpob.uh.cu>

Resumen

Se presenta un estudio exploratorio sobre las redes familiares de casos positivos al SARS-CoV-2 con el objetivo de caracterizar las familias y sus miembros en el período del 11 de marzo al 1 de junio de 2020. Se identifica la distribución de las redes familiares de los casos positivos por provincias y se enfatiza en La Habana, como epicentro de la epidemia en Cuba hasta ese período. Se muestran los resultados según variables sociodemográficas como densidad poblacional, edad, sexo, parentesco familiar. Se contrastan los resultados con evidencias de otras investigaciones internacionales. Se muestra la importancia del análisis de los patrones de co-residencia y las relaciones entre generaciones para la comprensión de la transmisibilidad de la COVID-19.

¹Doctora en Ciencias Demográficas. Profesora Titular. Subdirectora del Centro de Estudios Demográficos (CEDEM), de la Universidad de La Habana. ORCID ID: [0000-0002-2542-2029](https://orcid.org/0000-0002-2542-2029) E-mail: matilde@cedem.uh.cu

² Máster en Estudios de Población. Centro de Estudios Demográficos (CEDEM). Universidad de La Habana. Cuba. ORCID ID: 0000-0001-8679-8698. E-mail: maydee@cedem.uh.cu

³ Máster en Estudios de Población. Centro de Estudios Demográficos (CEDEM). Universidad de La Habana. Cuba. ORCID ID: 0000-0002-7353-1174. E-mail: gabriela@cedem.uh.cu

Palabras Clave: familia, red familiar, COVID-19, contactos domiciliarios.

Summary

An exploratory study is presented on the family networks of positive cases to SARS-CoV-2 with the objective of characterizing the families and their members in the period from March 11 to June 1, 2020. The distribution of family networks is identified of positive cases by provinces and it is emphasized in Havana, as the epicenter of the epidemic in Cuba until that period. The results are shown according to sociodemographic variables such as population density, age, sex, family relationship. The results are contrasted with evidence from other international investigations. The importance of analysis of co-residence patterns and relationships between generations is shown for understanding the transmissibility of COVID-19.

Key Words: family, family network, COVID-19, household contacts, co-residence.

Introducción

La familia es una unidad social constituida por un grupo de personas unidas por vínculos consanguíneos afectivos y/o cohabitacionales (Arés, 2010). Supone un proyecto futuro de existencia en común y un escenario de encuentro intergeneracional, además de la primera y más significativa red de apoyo para sus integrantes. Es un sistema que se inserta dentro de una estructura social más amplia y opera en calidad de institución social, cuya vida y forma está determinada por la sociedad donde se inserta; es una unidad psicológica particular como microsistema, con una especificidad propia, que la hace única e irrepetible, portadora de un sistema peculiar de códigos, pautas de interacción y estilos comunicativos. Los subsistemas que integran la familia funcionan con sus características propias, formando una verdadera unidad en su totalidad.

Así, la estructura familiar es compleja y la dinámica general de la misma está mediada por la interacción entre todos sus subsistemas. La familia es un sistema abierto, en tanto presenta límites permeables a la influencia de otros sistemas, como pueden ser la escuela o el barrio; está en constante interacción con ellos. Desarrolla, también, capacidad para afrontar y manejar, adecuadamente, las situaciones inesperadas o adversas que se le presentan. "Las fuerzas que

empujan al cambio provienen de los propios miembros de la familia, de los sistemas con los que la familia interactúa (meso sistema) y del propio macro sistema donde se enmarca la familia" (Espinal, Gimeno y González, s/f, p. 6). Así la familia se inserta y afronta diferentes eventos no siempre esperados, como pueden ser situaciones epidemiológicas que cambian el contexto donde se desarrolla el ciclo de vida familiar. Desde finales de 2019, el mundo vive una emergencia sanitaria, que impacta a todas las regiones.

Desde la Demografía, el análisis de los patrones de co-residencia y las relaciones entre generaciones aportan a la explicación para la comprensión de la transmisibilidad, su detención y las posibles sugerencias para la toma de decisiones gubernamentales. Un núcleo importante de análisis de la co-residencia lo constituye la familia.

José Miguel Guzmán⁴ señala que el riesgo de infección y de muerte puede aumentar o disminuir según el arreglo familiar de co-residencia, y eso puede ir en diferente sentido. Al inicio de la pandemia, cuando comenzaron a tomarse las medidas de distanciamiento físico, los adultos se quedaban en casa, pero los hijos se convertían en un elemento de transmisión del virus. Este es un elemento importante que hay que estudiar mejor, para analizar qué ha pasado, qué pasó durante la epidemia. En qué medida los arreglos familiares pueden ser un factor positivo o un factor negativo para detener la pandemia.

Se han realizado estudios internacionales que demuestran el valor de los estudios de familia para el conocimiento y la comprensión de la pandemia, así como para la toma de decisiones a nivel de políticas sociales.

Investigadores españoles demostraron que la población menor de 65 años podría llegar a inducir más del 50% de las muertes por contagios dentro del hogar, aunque solo el 14% de esta población reside con personas mayores (Esteve, Permanyer y Boertien, 2020).

Por su parte, Módenes, Marcos y García (2020), proponen el cálculo de un indicador que estima el riesgo residencial multidimensional, de manera que se puede medir la exposición de las personas mayores a los contagios dentro de la vivienda. Este riesgo está condicionado por la estructura de los hogares, las

⁴ Guzmán, JM. (2020). *La demografía del COVID-19. Datos y estadísticas en perspectivas*. Presentación especial en el marco del Día internacional de la estadística. Escuela de Estadística, Facultad de Ciencias Económicas y Sociales, Universidad Autónoma de Santo Domingo. República Dominicana.

características de la vivienda y la actividad laboral de los co-residentes. El indicador de riesgo residencial ante la COVID-19 puede utilizarse para identificar áreas o subpoblaciones más expuestas dentro de los países y guiar la acción política futura ante la pandemia. Se realizó una comparación entre España, Argentina y Colombia. Aunque las condiciones en España son mejores y su población total similar a la de Argentina y Colombia, su mayor envejecimiento eleva considerablemente las cifras absolutas de mayores en riesgo residencial. Así mientras que en Colombia viven en riesgo alto 2 millones de personas de 65 y más años, en Argentina se estima que son 1,8 millones y en España 1,7 millones. El riesgo de que los ancianos estén en contacto con la enfermedad dentro de la vivienda es elevado en los tres países considerados. No es algo puntual, sino estructural.

La tasa de ataque secundaria (SAR), definida como la probabilidad de que una infección ocurre entre personas susceptibles dentro de un grupo específico (es decir, hogar o contactos cercanos), puede proporcionar una indicación de cómo las interacciones sociales se relacionan con el riesgo de transmisión. Cada vez más, las investigaciones de brotes están proporcionando información sobre el riesgo de transmisión en diferentes entornos (Liu, Eggo y Kucharski, 2020).

Estos y otros resultados dan luz acerca de las posibilidades que tiene la investigación sobre familia para la explicación de la COVID-19. Características como el tipo de familia, el tamaño de la misma, su estructura por edad, las condiciones socioeconómicas, las características de la vivienda, el hacinamiento, las condiciones higiénico ambientales de la vivienda, pueden definir los patrones de co-residencia. Son importantes, además, para este patrón, tener en cuenta los comportamientos protectores de la familia, la percepción del riesgo de sus miembros y las relaciones entre generaciones.

A partir de los datos del MINSAP⁵ sobre la epidemia en Cuba, se ha realizado una aproximación al comportamiento de la co-residencia familiar, teniendo en cuenta los casos positivos a la COVID-19 que pertenecen a una misma red familiar.

Por redes familiares se entiende el conjunto de personas que residen en la misma vivienda o se ha declarado en la fuente de infección y en la identificación de los contactos que hay algún parentesco entre ellas. De aquí que una red

⁵ Datos del registro del MINSAP de los casos positivos a la COVID-19.

familiar está constituida por uno o más núcleos familiares con o sin lazos de cohabitación.

Desarrollo

Datos generales de las redes familiares en Cuba y sus provincias

De los 2092 casos positivos al COVID-19 en Cuba al cierre del 1ro de junio, 787 personas se encuentran asociadas a redes familiares, lo cual representa el 38% del total de casos positivos. Es decir, en Cuba, 38 personas de cada 100 estaban asociadas en ese momento a una red familiar.

Investigaciones consultadas de China, Francia y Hong Kong estimaron que las tasas de ataque secundario para contactos cercanos, en el hogar, eran del 35% (Park et al, 2020). En Estados Unidos, se constató que la tasa de infección de los contactos domésticos sintomáticos era 10,5%, significativamente más alto que para los contactos no domésticos.

Un análisis por regiones nos muestra el predominio de familias concentradas en la región Occidental con relación al resto de las regiones de Cuba. En esta región, la provincia de La Habana aporta la mayor cantidad, lo que se correspondía con su condición de epicentro de la pandemia en Cuba en ese período (figura 1).

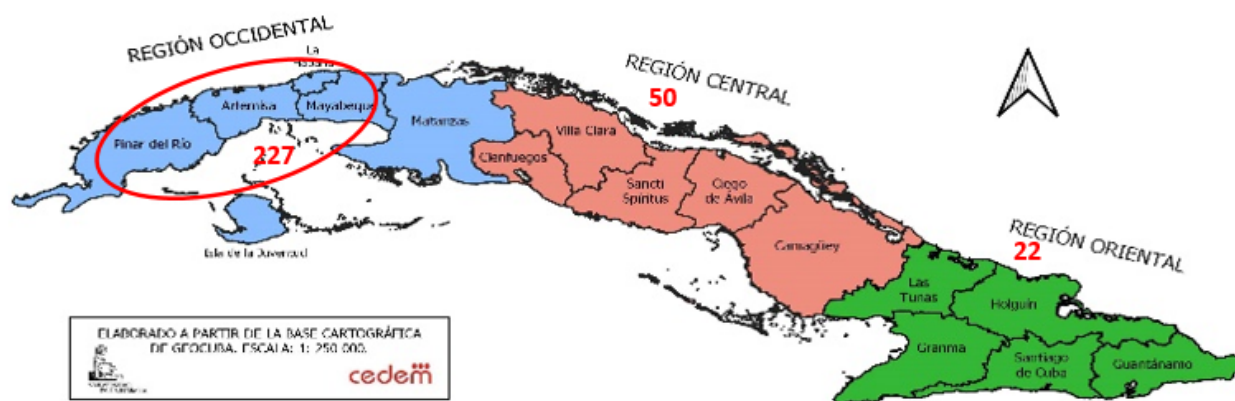


Figura 1. Mapa de Cuba por regiones y total de redes familiares por región.

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

En estas regiones la distribución de casos positivos que se encuentran asociados a redes familiares se comporta como sigue:

NOVEDADES EN POBLACIÓN

<http://www.novpob.uh.cu>

Regiones	Redes familiares	Integrantes de las redes familiares
Occidente	227	636
Centro	50	134
Oriente	22	56
Total	299	826

Tabla 1. Redes familiares, miembros y casos positivos a la COVID-19 por regiones de Cuba.

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

En la región Occidental el 43,9% de los casos están asociados a redes familiares, mientras que en el Centro del país se asocian a estas redes el 29,6% y en la región Oriental el 29,5%. En el Centro del país donde existen un mayor número de casos positivos con la enfermedad que en la región Oriental, se asocian a redes familiares una porción menor de casos. Este es un dato a profundizar teniendo en cuenta los eventos que se abrieron en las provincias, por ejemplo, en Villa Clara, el Hogar de Ancianos.

Según provincias (figura 2), La Habana constituye el territorio con mayor número de casos de familia en el país (55%), lo cual se corresponde con la cantidad de casos positivos (1 074) que en ella se concentra. Le siguen las provincias de Matanzas y Villa Clara, mientras que el resto de las provincias se encuentran por debajo de 15 redes familiares.

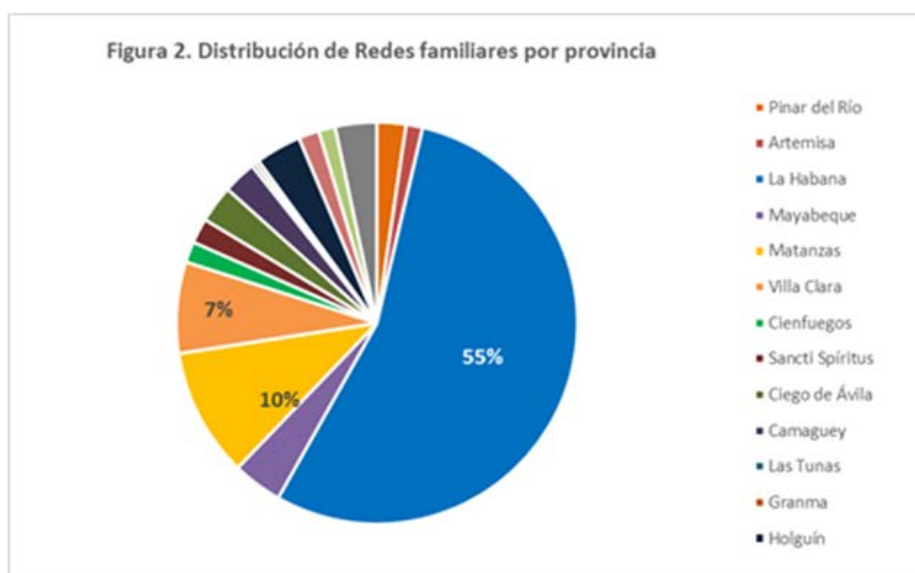


Figura 2. Distribución de Redes familiares por provincia

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

NOVEDADES EN POBLACIÓN

<http://www.novpob.uh.cu>

Nótese que existen provincias donde la mayoría de los casos están vinculados a redes familiares, como son: Pinar del Río, Mayabeque y Guantánamo (tabla 2).

Provincias	Redes Familiares (RF)		Miembros de RF	Total de casos +	% de casos en RF
	Frecuencia	%			
Pinar del Río	7	2,34	40	52	76,92
Artemisa	4	1,34	10	38	26,32
La Habana	163	54,52	453	1074	42,17
Mayabeque	12	4,01	34	48	70,83
Matanzas	31	10,37	78	195	40
Villa Clara	22	7,36	53	217	24,42
Cienfuegos	5	1,67	12	24	50
Sancti Spíritus	6	2,01	20	68	29,41
Ciego de Ávila	9	3,01	30	96	31,25
Camagüey	8	2,68	19	48	39,58
Las Tunas	1	0,33	2	17	11,76
Granma	1	0,33	2	13	15,38
Holguín	11	3,68	31	92	33,7
Santiago de Cuba	5	1,67	11	51	21,57
Guantánamo	4	1,34	10	17	58,82
Isla de la Juventud	10	3,34	21	42	50
TOTAL	299	100	826	2092	37,62

Tabla 2. Redes familiares y otros indicadores de las provincias

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

En el brote de China, la transmisión intrafamiliar fue muy frecuente en la provincia de Guandong y Sichuan, donde el 78-85% de los contagios ocurrieron en las familias según demostró un estudio de 344 familias de casos (Cercle d'Economia de Mallorca, 2020).

Por la connotación de la provincia de La Habana, que constituía el epicentro de la epidemia en el período de estudio, se realiza un análisis más detallado de las redes familiares identificadas en el territorio.

Características generales de las redes familiares de La Habana

De los 1 074 casos positivos a la COVID-19 de La Habana, 453 se asocian a redes familiares, lo que significa que, de cada 100 pacientes con el virus, 42

están vinculados a una red familiar. Ello muestra la transmisibilidad del virus dentro del hogar, lo que hace aumentar los contagios. Un estudio realizado en China (Luo, Liu y Liao, 2020) mostró que las infecciones secundarias adquiridas durante el uso de transporte público o en entornos de atención médica eran menores con relación a los contagios en los hogares. Es decir, los contactos domésticos tenían un mayor riesgo de infección.

En Barcelona evidencian que “el confinamiento reduce de manera dramática el número de contagios fuera de los hogares (infecciones primarias). Pero las personas infectadas pueden seguir transmitiendo la enfermedad dentro de los hogares (infecciones secundarias)” (Esteve, Permanyer y Boertien, 2020).

En Shenzhen, China (Qifang B. et al, 2020) el 11,2% de los contactos de los casos índices fueron contactos domiciliarios. En Estados Unidos, en tanto, el 10,5% de los contactos con síntomas eran integrantes de la familia (Burke et al, 2020). Un meta análisis de 54 investigaciones y 77 758 sujetos, realizado con el objetivo de evidenciar la transmisión domiciliaria y comparado con otros coronavirus, reportó que la tasa de ataque secundaria estimada en los hogares fue del 16,6%, siendo las tasas de ataque secundarias del SARS-CoV las más altas (Madewell et al, 2020). La diferencia en las tasas de ataque secundario para contactos domésticos en diferentes regiones del mundo puede expresar la variación en los hogares y las estrategias específicas de cada país sobre la contención y mitigación de la COVID-19.

En La Habana, los casos positivos a la COVID-19 están distribuidos en 163 redes familiares, teniendo un promedio de contagiados entre 2 y 6 integrantes.

Cantidad de familia por municipios y densidad poblacional

Uno de los indicadores demográficos que se tiene en cuenta en el análisis de la epidemia es la densidad de población. En La Habana, el municipio con mayor número de redes familiares es Centro Habana (tabla 3) y coincide que este territorio es el de mayor densidad de población, no solo de la provincia, sino también del país.

NOVEDADES EN POBLACIÓN

<http://www.novpob.uh.cu>

Municipios	Total de Redes Familiares (RF)	Cantidad de casos positivos miembros de RF	Casos positivos miembros de RF con relación al total de casos del municipio		Densidad poblacional Hab/km ²
			Total de casos del municipio	% miembros vinculados RF	
Playa	14	32	83	38,55	4 986,2
Plaza de la Revolución	10	32	73	43,83	11 564,5
Centro Habana	21	61	126	48,41	39 151,5
La Habana Vieja	7	22	48	45,83	18 607,1
Regla	5	13	27	48,14	4 288,9
La Habana del Este	11	31	98	31,63	1 235,5
Guanabacoa	5	22	38	57,89	970,8
San Miguel del Padrón	13	35	72	48,61	6 224,0
10 de Octubre	11	26	78	33,33	16 403,5
Cerro	11	41	91	45,05	12 232,2
Marianao	7	23	57	40,35	5 826,2
La Lisa	10	31	59	52,54	3 904,8
Boyeros	7	15	41	36,58	1 481,0
Arroyo Naranjo	10	32	66	48,48	2 503,1
Cotorro*	3	9	25*	36	1 245,1
Mixtas **	29	28			
Total	163	453	1074	42,13	

*El Cotorro tiene 177 casos reportados hasta el 1 de junio, 92 de ellos pertenecen al evento Centro Provincial de Atención Social. El cálculo del municipio se realiza sin este evento.

**Familias mixtas pueden estar compuesta por miembros pertenecientes a cualquiera de estos municipios. Estas representan el 11% del total de las familias.

Tabla 3. Redes familiares y densidad población por municipios de La Habana

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020. Anuario Demográfico 2019, ONEI 2020.

Se constata que existe una correlación y una relación estadísticamente significativa entre casos positivos y redes familiares, con la densidad poblacional del territorio. Partiendo de que este es un estudio hasta el día 81 de la pandemia en Cuba, se debe dar continuidad a este estudio en todo el país, ahondando en esta relación y analizando, además, otras posibles variables y factores que puedan estar incidiendo en este comportamiento (figura 3).

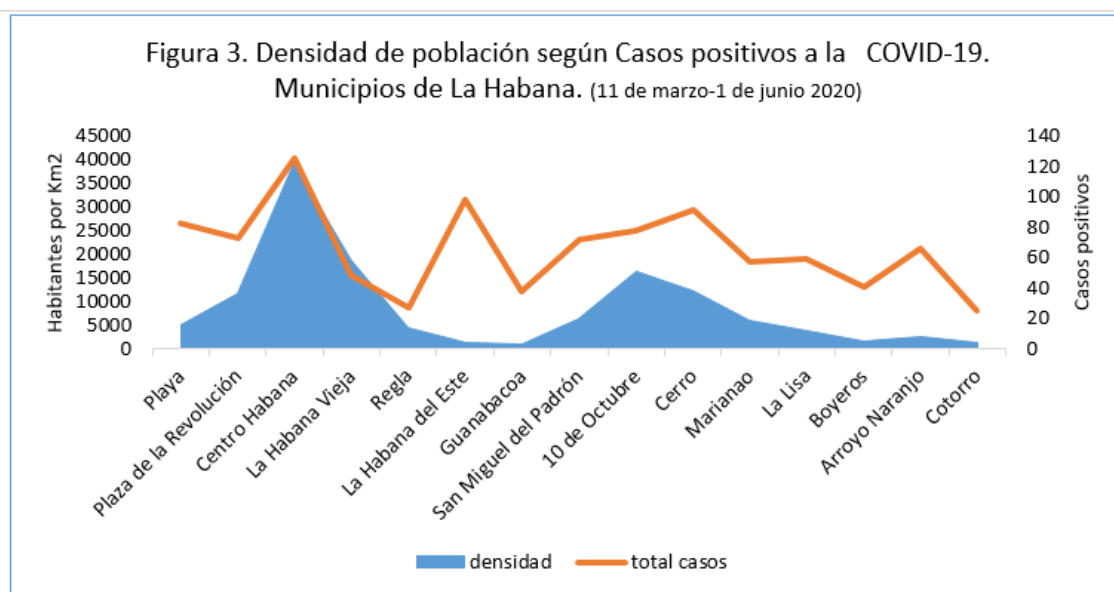


Figura 3. Densidad de población según Casos positivos a la COVID-19

Fuente: Elaboración propia a partir de Anuario Demográfico de Cuba 2019. ONEI, 2020, y de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

Entre estas otras variables o factores se encuentran la movilidad espacial, las características socioeconómicas de la familia, la estructura de los hogares, el hacinamiento; es decir, las pautas de co-residencia de la población. En los hogares con más integrantes, el riesgo de contagiarse es mayor. Y si en el hogar hay personas mayores, la mortalidad también sería mayor. A su vez, este riesgo está modulado por el tamaño de la vivienda y el número de habitaciones (Esteve, Permanyer y Boertien, 2020).

El distanciamiento físico requerido, la vivienda ventilada o espacios exteriores son condiciones que no se pueden cumplir siempre en las viviendas, por las características de las mismas. Además, otras medidas higiénicas sanitarias para prevenir el contagio en el hogar, como la desinfección de manos con frecuencia y fundamentalmente el uso del nasobuco, generalmente no se aplican dentro del hogar.

Indicadores sociodemográficos de las redes familiares

La edad media de quienes integran las redes familiares es de 42 años, lo cual se corresponde con la edad media (41,50 años) de los casos positivos en La Habana en el mismo período.

El índice de masculinidad de las redes familiares con casos positivos a la COVID-19 en la provincia es de 88 hombres por 100 mujeres. Sin embargo, la relación general para la provincia es de 102 hombres por 100 mujeres. Se establece una

relación inversa de este indicador, siendo las mujeres las que más se contagian en las familias y su red domiciliaria, mientras que, de manera general, en la provincia se infectan más los hombres que las mujeres. Un análisis desde el enfoque de género puede acercarse a una explicación.

La media de la cantidad de personas contagiados en las redes es de 2,62, es decir, aproximadamente 3 integrantes por red. El rango de integrantes contagiados se ubica entre 2 y 6 personas. Si se tiene en cuenta que en La Habana viven 3,1 personas por vivienda particular ocupada, según el Censo de Población y Viviendas de 2012 (ONEI, 2014), se puede inferir que pudiera ser alto el nivel de transmisión al interior de las viviendas.

En la figura 4 se muestra el parentesco con el caso índice, constatándose que son los hijos e hijas, las madres y las esposas o esposos quienes más se contagian en la red familiar. Le siguen el padre, hermanas y hermanas y otros familiares.

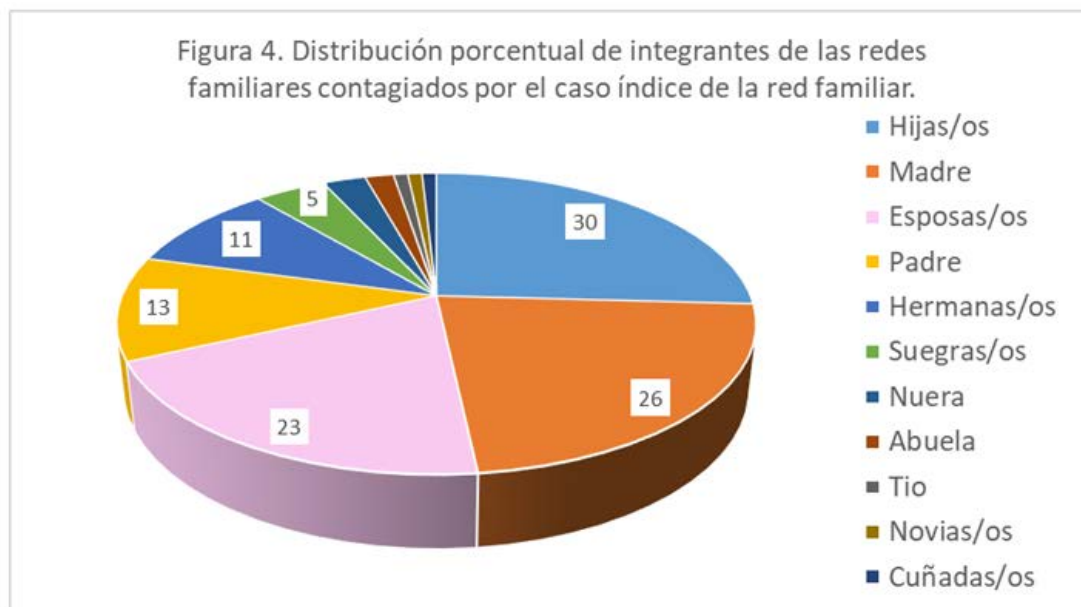


Figura 4. Distribución porcentual de integrantes de las redes familiares contagiados por el caso índice de la red familiar

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

En la relación entre la cantidad de integrantes contagiados y el parentesco familiar (figura 5) se nota que la transmisión es mayor según el grado de proximidad y cercanía. Donde solo se han contagiado dos integrantes predominan las parejas; con tres y cuatro integrantes, predominan los hijos e

hijas y las madres; con cinco y seis integrantes, predominan los padres y las hermanas o hermanos, y se mantienen las madres y los hijos e hijas del caso índice.

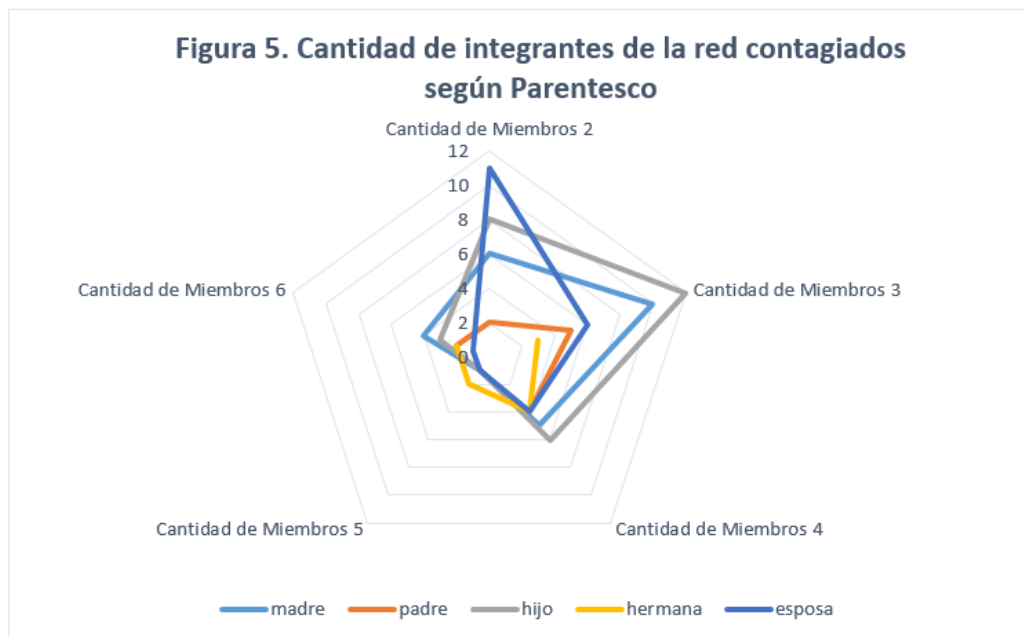


Figura 5. Cantidad de integrantes de la red contagiados según Parentesco

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

Resultados similares muestran estudios internacionales. Los riesgos no son iguales dentro de los hogares (Madewell et al, 2020), los cónyuges tienen mayor riesgo que otros contactos familiares, dado por la intimidad, dormir en la misma habitación o una exposición más prolongada o más directa a casos índice.

En Italia, hasta el 10 de abril, el 67,3% (113 de 168) de los niños tenían al menos un padre que dio positivo por infección por SARS-CoV-2 (Garazzino et al, 2020).

Un estudio realizado en Suiza con los primeros 40 casos menores de 16 años, en el período del 10 de marzo al 10 de abril de 2020, reveló que el 79% tenía un familiar adulto confirmado al SARS-CoV-2 antes de su diagnóstico, lo que confirma que los niños se habían infectado principalmente dentro de los hogares, por algún miembro de la familia. Los contactos familiares contagiados en la familia eran, por orden de frecuencia, la madre (97,5%), el padre (80%), los hermanos pediátricos (57,5%), los hermanos adultos (20%) y los abuelos (17,5%) (Posfay-Barbe et al, 2020).

Distribución por edad y sexo

La edad

En La Habana, la mayor cantidad de integrantes de las familias se concentran en la edad de 20 a 59 años, predominando el grupo de 40-59 años (figura 3), correspondiéndose con el grupo de edad predominante del total de casos positivos de la COVID-19 en la provincia.

La distribución por edad en las redes familiares, parecida a la distribución general de la COVID-19, pudiera responder a que es el grupo de 20 a 60 años el de mayor exposición al riesgo en su rol de cuidadores a los más dependientes (niños y ancianos), por lo tanto, se ocupan de labores como el abastecimiento de los hogares, alimentación y aseo, siendo los que menos cumplen con el confinamiento. A esto se une, además, que es el grupo de edad que más se ha mantenido laborando en el apoyo al enfrentamiento a la COVID-19 y otras tareas necesarias que no han cesado en este período.

Así se constató también en Corea del Sur, en 10 592 contactos de los hogares se registró que los pacientes índices tenían entre 20 y 29 años de edad (32,3%), seguidos por los grupos de 50 y 59 (19,3%), y de 40 a 49 (16,5%) años. Otros estudios internacionales han mostrado que el integrante de la familia que no se queda en casa y labora fuera del hogar tiene un mayor riesgo de exposición al SARSCoV-2, lo que puede aumentar el riesgo de transmisión a otras personas del hogar (Madewell et al, 2020)

De los casos confirmados con la COVID-19 en La Habana hasta el 1 de junio, la mayor parte de los menores de 20 años, y aproximadamente la mitad de las personas de 80 años y más, fueron infectados en el hogar (tabla 4), mientras que en los grupos 20-59 años y 60-79 años, la mayoría se contagia fuera del hogar.

Entre el 17 de enero y el 1 de marzo de 2020, se informaron 661 casos de COVID-19 en Ningbo y Wenzhou, en China; de estos casos, 36 (5%) eran niños (de 1 a 16 años). La ruta de transmisión para estos pacientes pediátricos fue por contacto cercano con miembros de la familia con COVID-19 (32 para un 89%), confirmando que adquirieron COVID-19 por una clara ruta de contagio: el contacto cercano con integrantes de la familia (Qiu et al, 2020). Mientras, en Ginebra, Suiza, entre el 10 de marzo y el 10 de abril de 2020, los pacientes

menores de 16 años con infección por SARS-CoV-2 constituían solo el 0,9% de todos los casos, 40 de 4 310 (Posfay-Barbe et al, 2020).

Lugar de contagio	Grupo de edad				
	0-19 años	20-59 años	60-79 años	80 años y más	Total
	%	%	%	%	%
Red Familiar	70,2	38,9	35,6	48,9	41,8
Fuera de la Red familiar	29,8	61,1	64,4	51,1	58,2

Tabla 4. Lugar del contagio según Grupo de edad

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

En un estudio de tres grupos familiares de 31 miembros se constató que, en la transmisión del virus a través de diferentes generaciones, la edad de los pacientes de segunda y tercera generación era menor que la de los pacientes índice de primera generación (Li et al, 2020), lo cual indica que los más jóvenes, niños y adolescentes, son contagiados por otros integrantes de la familia, probablemente adultos.

Al analizar la tasa de contagio o ataque secundario, se encontró la cifra más alta de contagio en los hogares con un paciente índice de 10 a 19 años de edad; 18,6%, y la más baja en los niños entre 0 y 9 años (5,3%). Estos datos reflejan los riesgos de transmisión en este grupo de edad, y pueden explicar la dinámica de contención de transmisión durante el cierre de las escuelas, mostrando que el patrón de transmisión era similar al de otros virus respiratorios en los niños (Madewell et al 2020).

El sexo

El 55,3% de quienes integran las redes familiares son mujeres y el 44,7% son hombres y se establece una relación estadísticamente significativa entre estas variables (figura 4).

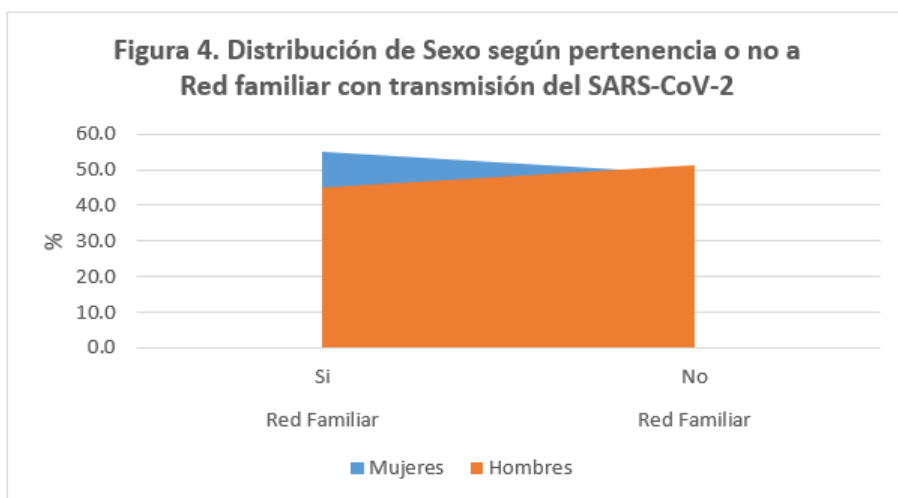


Figura 4. Distribución de Sexo según pertenencia o no a Red familiar con transmisión del SARS-CoV-2

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

Se observa una diferencia de 9.8 puntos porcentuales entre mujeres y hombres en las redes familiares y de -2.2 puntos porcentuales en el grupo donde la familia no ha sido transmisora del virus.

Relacionando los grupos por edad y sexo, el predominio de las mujeres se mantiene en todos los grupos de edad en las redes familiares y se destaca el grupo de hombres de 60 -79 años de edad (figura 5), en los casos donde la familia no ha sido transmisora del virus.

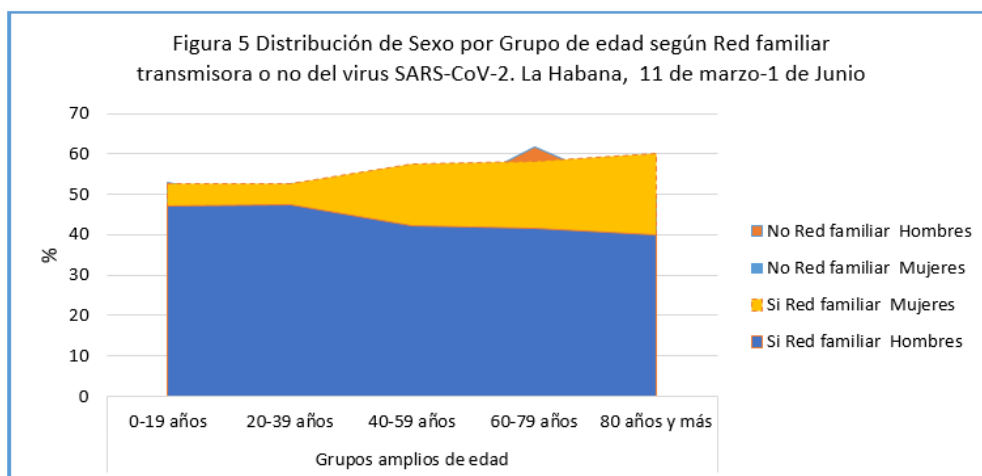


Figura 5 Distribución de Sexo por Grupo de edad según Red familiar transmisora o no del virus SARS-CoV-2.

Fuente: Elaboración a partir de Registro estadístico del MINSAP COVID-19. Cuba 11 de marzo al 1 de junio de 2020.

Una mirada desde el enfoque de género puede aportar otros argumentos e hipótesis para explicar este comportamiento. Primero, el aumento de las mujeres en la jefatura de hogar. Segundo, los roles que asumen las mujeres en el cuidado de niños y ancianos -estereotipados y patriarcales-; lo cual implica -en ambas situaciones- una movilidad mayor para la búsqueda de alimentación y otros medios y recursos para el cuidado. Tercero, una alta participación de la mujer en tareas relacionadas con los sectores imprescindibles, lo cual conlleva movilidad y mayor tiempo de contacto sistemático. Cuarto, al ser una sociedad matricéntrica, la mujer se convierte en centro de contacto familiar, siendo un eslabón importante de la cadena en la transmisión del virus. Solo un estudio con enfoque de género puede aproximarnos a algunas de estas hipótesis o develar otras.

¿Qué otros resultados han mostrado las evidencias internacionales?

Otros estudios han explorado sobre la presencia o no de síntomas ante el diagnóstico positivo. Se ha confirmado que los integrantes de una familia pueden ser positivos a la COVID-19 y no presentar síntomas, lo cual se ha convertido en una dificultad para la prevención y tratamiento de la COVID-19 (Gao et al, 2020). Los reportes sobre familias consultados por Gao y sus colaboradores (2020) refieren la presencia de familias positivas a la COVID-19 en las cuales pocos miembros habían presentado síntomas con un diagnóstico positivo al SARS-CoV2 (Chan et al, 2020), y el impacto de la movilidad de sus integrantes de zonas no epidémicas a zonas epidémicas, por motivo de visitas familiares, como aconteció en China (Lu et al, 2020)

Sobre la relación de la medida del confinamiento en el hogar y la transmisibilidad del SARS-CoV-2, se apunta que aumentó el contagio en las familias comparado con el período en el cual no se había tomado esta medida. Los contagios en el hogar aumentaron entre el 30% al 55% de las personas que se contagiaron en el domicilio. Anterior a la medida se contagiaron en las viviendas familiares entre el 5% y el 35% de las personas, según refieren Madewell y sus colaboradores (2020) en la sistematización realizada de 54 estudios relevantes con un total de 77 758 participantes (casos y contactos) con el objetivo de estimar la tasa de ataque secundaria del SARS-CoV-2 en los hogares. Los contactos incluyen a los integrantes de la familia de los casos índice, incluidos aquellos que viven fuera

del hogar con los cuales hubo contacto físico, es decir, que forman parte de su red familiar.

Estos resultados llaman la atención sobre la necesidad del cumplimiento de las medidas preventivas para no transmitir el SARS-CoV-2 dentro de los hogares. El distanciamiento físico no siempre se cumple dentro de la vivienda, en algunas ocasiones porque las propias condiciones de la misma no lo permiten, y/o porque no hay conciencia de que la cercanía física y la demostración afectiva a través del contacto corporal resultan factores de riesgo para la alta transmisibilidad del virus. Los hogares son ambientes favorables para la transmisión.

Las personas que no pueden trabajar en casa pueden tener un mayor riesgo de exposición al SARSCoV-2, lo que puede aumentar el riesgo de transmisión a otros miembros del hogar (Madewell et al, 2020).

Algunas ideas para continuar...

Estos resultados constituyen una aproximación a la necesidad de estudiar la co-residencia familiar a partir de la lectura de los datos que describen el comportamiento de la pandemia y su relación con el factor familiar. La continuación de la investigación develará resultados que posibilitarán realizar un análisis con enfoque de género, interseccional y de derecho, que posibiliten la toma de decisiones para estrategias y políticas públicas ante otras situaciones emergentes o las posibles olas que se presenten mientras no se detenga el contagio.

Las constataciones internacionales revelan la importancia de incorporar al estudio la presencia o no de síntomas en los casos y su relación con la tasa de ataque secundario. Se hace necesaria la investigación epidemiológica inmediata a todos los integrantes del hogar, o familiares con los cuales se ha tenido contacto, para prevenir la omisión de posibles fuentes de contaminación. Asimismo, llaman la atención sobre los niños dado que sus tasas, en algunas regiones, no son mucho más bajas que el promedio de la población contagiada. Se requiere más investigación para esclarecer el comportamiento de contagio de este virus y hasta el momento no hay datos certeros sobre el papel que los niños desempeñan en la transmisión (Madewell et al, 2020).

Los hogares son y seguirán siendo importantes fuente de transmisión, dando cuenta de la necesidad de fortalecer las estrategias de prevención en las familias,

aumentar el uso de nasobuco, mejorar la ventilación en las viviendas siempre que sea posible, respetar el aislamiento voluntario ante síntomas o contacto con casos sospechosos, de ser positivo, lavado frecuente de las manos, y otras medidas que sean necesarias (Burke et al, 2020y Li et al, 2020)

Referencias bibliográficas

- Arés, P. (2010). La Familia. Una mirada desde la Psicología. La Habana: Editorial Científico-Técnica.
- Burke, R. et al (2020, marzo 6). Active Monitoring of Persons Exposed to Patients with Confirmed COVID-19 — United States, January–February 2020. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep*, 69(9), 245–246. doi:DOI: <http://dx.doi.org/10.15585/mmwr.mm6909e1external icon>
- Cercle d'Economia de Mallorca (2020). Informe Técnico Covid-19. Mallorca, España, marzo 28. Retrieved from <https://cerclmallorca.es/wp-content/uploads/2020/03/2020-03-28-Info%CC%81n-actualizada-COVID-19-Def.pdf>
- Chan, J. et al (2020). A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. *Lancet*, 395, 514e23.
- Espinal, I., Gimeno, A., y González, F. (s/f). El enfoque sistémico en los estudios sobre la familia. Santo Domingo: Universidad Autónoma de Santo Domingo.
- Esteve, A., Permanyer, I., y Boertien, D. (2020). La vulnerabilidad de las provincias españolas a la covid-19 según su estructura por edad y de co-residencia: implicaciones para el (des)confinamiento. *Perspectives Demogràfiques*.(19), 1-4.
- Gao, Z. et al (2020, mayo 15). A systematic review of asymptomatic infections with COVID-19. *Journal of Microbiology, Immunology and Infection*. doi:<https://doi.org/10.1016/j.jmii.2020.05.001>
- Garazzino, S. et al (2020). Multicentre Italian study of SARS-CoV-2 infection in children and adolescents, preliminary data as at 10 April 2020. *Euro Surveill*. 2020;25(18). doi:<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.18.2000600>

- Li, J. et al (2020). Epidemiological and clinical characteristics of three family clusters of COVID-19 transmitted by latent patients in China. *Epidemiology & Infection*, 148(137). doi:<https://doi.org/10.1017/S0950268820001491>
- Liu, Y., Eggo, R. M., y Kucharski, A. J. (2020). Secondary attack rate and superspreading events for SARS-CoV-2. Vol 395 March 14, 2020. *The Lancet*, 395. doi: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30462-1](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30462-1)
- Lu, S. t al (2020). Alert for nonrespiratory symptoms of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) patients in epidemic period: a case report of familial cluster with three asymptomatic COVID-19 patients. *JMed Virol.* marzo 19. <https://doi.org/10.1002/jmv.25776>
- Luo, L., Liu, D., y Liao, X. (2020). Contact Settings and Risk for Transmission in 3410 Close Contacts of Patients with COVID-19 in Guangzhou, China: A Prospective Cohort Study. *Ann Intern Med.*(173), agosto 13, 879-887. doi: 10.7326/M20-2671
- Madewell, Z. et al (2020). Transmisión domiciliar del SARS-CoV-2 Una revisión sistemática y metaanálisis. *JAMA Network Open.* ;3(12):e2031756.doi: 10.1001/jamanetworkopen.2020.31756 (Reprinted), 3(12), 1-17. doi:10.1001/jamanetworkopen.2020.31756
- Módenes, J. A., Marcos, M., y García, D. M. (2020). Covid-19: ¿la vivienda protege a los mayores en América Latina? Argentina y Colombia comparadas con España. *Perspectives Demographiques* (20), 1-4.
- ONEI (2014). *Censo de Población y Viviendas 2012*. La Habana: ONEI.
- Park, Y. J. et al (2020). Contact Tracing during Coronavirus Disease Outbreak, South Korea, 2020. *Emerging Infectious Diseases Vol. 26, No. 10, October 2020*, 2465-68. doi:<https://doi.org/10.3201/eid2610.201315>
- Posfay-Barbe, K. et al (2020). COVID-19 in Children and the Dynamics of Infection in Families. *Pediatrics*, 146(2), agosto, e20201576. doi:DOI: <https://doi.org/10.1542/peds.2020-1576>
- Qifang B. et al (2020). Epidemiología y transmisión de COVID-19 en 391 casos y 1286 de sus contactos cercanos en Shenzhen, China: un estudio de cohorte retrospectivo. *Lancet Infect Dis*, agosto, 20, 911–19. doi:10.1016/S1473-3099(20)30287-5
- Qiu, H. et al (2020). Clinical and epidemiological features of 36 children with coronavirus disease 2019 (COVID-19) in Zhejiang, China: an observational

cohort study. *Lancet Infect Dis*, marzo 25, 20, 689–96.
doi:[https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30198-5](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30198-5)

Rojas-Silva, O. et al (2020). Aspectos generales de la COVID-19 en pacientes pediátricos. *Revista Cubana de Medicina Militar*, v. 49, n. 3, e0200877.
Retrieved from <http://www.revmedmilitar.sld.cu/index.php/mil/article>.