



24

SUBSECRETARÍA DE SALUD PÚBLICA  
DEPARTAMENTO DE EPIDEMIOLOGÍA



1880

Ord. B51/Nº / \_\_\_\_\_ /

Mat.: Manual operativo para el cálculo de indicadores TTA

Santiago,

20 MAY 2021

De : SUBSECRETARIA DE SALUD PÚBLICA

A : SEGÚN DISTRIBUCIÓN

En el contexto de la estrategia de Testeo, Trazabilidad y Aislamiento y por medio del presente se difunde el “**Manual Operativo Indicadores Estrategia Nacional de Testeo, Trazabilidad y Aislamiento COVID-19**” y el “**Manual Técnico Indicadores TTA**”.

Se solicita dar difusión a los equipos involucrados en la estrategia.


Saluda atentamente a Ud.,



DRA. PAULA DAZA NARBONA  
SUBSECRETARIA DE SALUD PÚBLICA

DISTRIBUCIÓN

- SEREMI de Salud
- Coordinación Nacional TTA
- Departamento de Epidemiología
- Oficina de Partes

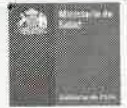
	PROCEDIMIENTO	
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0 Página 0 de 13

## DEPARTAMENTO DE EPIDEMIOLOGÍA

### MANUAL OPERATIVO PARA EL CÁLCULO DE INDICADORES ESTRATEGIA NACIONAL DE TESTEO, TRAZABILIDAD Y AISLAMIENTO COVID-19

ELABORADO POR	APROBADO POR
Departamento de Epidemiología 	Subsecretaría de Salud Pública 




	PROCEDIMIENTO		
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	<b>Versión: 2.0</b>	Página 1 de 13

## MANUAL OPERATIVO INDICADORES ESTRATEGIA TTA

### TABLA DE CONTENIDOS

1. INTRODUCCIÓN
2. CONCEPTOS CLAVES
3. INDICADORES ESTRATEGIA DE TESTEO

	PROCEDIMIENTO	
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0

## INTRODUCCIÓN


Para contener la pandemia, la Organización Mundial de la Salud (OMS) recomienda como estrategia central reforzar las acciones de testeo, trazabilidad y aislamiento (TTA). Es por esta razón que Chile fortalece el sistema de vigilancia de la salud pública existente, incorporando una estrategia territorial de TTA. Lo anterior implica reorganizar las funciones y tareas para el desarrollo de una acción eficaz y coordinada entre las Secretarías Regionales Ministeriales (SEREMI) de Salud, los gestores de la Red Asistencial y la Atención Primaria de Salud (APS)<sup>1</sup>, siendo esta última, la base esencial para esta respuesta global a la enfermedad por COVID-19.

El Ministerio de Salud (MINSAL) a través del Departamento de Epidemiología, para la estrategia TTA ha establecido indicadores con el objetivo de evaluar la situación de esta estrategia en los distintos territorios, dirigida a detectar niveles de riesgo para la población. Es importante destacar que ningún indicador por sí sólo es capaz de dar una visión completa de la situación epidemiológica de una región o comuna y es fundamental contextualizar esos indicadores en función del tamaño, territorio y las características de la población.

Este documento define los indicadores de la estrategia de TTA, sus características, responsabilidades de los distintos niveles del sistema y establece umbrales (meta esperada) para una evaluación en cada territorio. Estos indicadores están en permanente revisión por lo que podría haber modificaciones a futuro.

---

<sup>1</sup> Protocolo de Coordinación para acciones de vigilancia epidemiológica durante la pandemia COVID-19 en Chile: estrategia nacional de testeo, trazabilidad y aislamiento. DIPLAS-MINSAL.

	PROCEDIMIENTO	
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0 Página 3 de 13

## CONCEPTOS CLAVES

**Búsqueda activa de casos (BAC):** Estrategia de vigilancia epidemiológica basada en la búsqueda dirigida y proactiva de potenciales casos en la comunidad.

**Caso sospechoso:** Persona que cumple los criterios de definición de caso sospechoso según cuadro clínico (Ordinario B51-536 del 04 de febrero del 2021).

**Caso probable:** Persona que cumple los criterios de definición de caso probable según cuadro clínico (Ordinario B51-536 del 04 de febrero del 2021).

**Caso confirmado:** Persona que cumple los criterios de definición de caso confirmado según cuadro clínico (Ordinario B51-536 del 04 de febrero del 2021).

**Contacto estrecho:** Persona que cumple los criterios de definición de contacto estrecho (Ordinario B51-536 del 04 de febrero del 2021).

**Aislamiento:** Restricción de movimiento por 11, 14 o 21 días que se aplica a los casos confirmados y probables (Ordinario B51-537 del 04 de febrero del 2021).

**Cuarentena:** Restricción de movimiento por 11 días que se aplica a los contactos estrechos (Ordinario B51-535 del 04 de febrero del 2021).

**RT-PCR (sigla en inglés):** Reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa en tiempo real. Actualmente, la detección del virus se basa en esta técnica con muestras nasofaríngeas.


**Fecha de notificación:** Día, mes y año en que el médico tratante realizó el registro del caso en el sistema disponible.

**Caso notificado:** Persona que cumple los criterios de definición de caso sospechoso, probable o confirmado y está registrada en la plataforma EPIVIGILA.

**Fecha toma de muestra:** Día, mes y año en que se obtuvo una muestra del caso para su análisis de laboratorio.

**Caso vivo:** Caso confirmado notificado, tal que la variable estado caso se encuentre como vivo en sistema EPIVIGILA. La actualización de esa información deberá estar a cargo de SEREMI de salud diariamente.

**Caso activo:** Caso de COVID-19 confirmado o probable cuya fecha de inicio de síntomas, de notificación o de toma de muestra es menor o igual a 11 días a la fecha del reporte actual (casos vivos).

	PROCEDIMIENTO		
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0	Página 4 de 13

**Caso activo en seguimiento:** Son todos aquellos casos activos notificados, en los cuales se realizó la investigación epidemiológica y se encuentran bajo seguimiento según protocolo. Operacionalmente son los casos activos que cuentan con registro de seguimiento en EPIVIGILA en todas las fechas de seguimiento.

**Caso nuevo:** Corresponde a los notificados que son:

- Caso confirmado en las últimas 24 horas.
- Caso probable notificado en las últimas 24 horas.

**Caso nuevo no notificado:** Corresponde a los casos reportados por laboratorio.


**Contacto nuevo no notificado:** Corresponde a un contacto estrecho de un caso nuevo no notificado.

**Contacto nuevo:** Contacto estrecho de un caso nuevo. Se excluyen los no notificados.

**Notificación nueva confirmada:** Caso que cumple la definición de caso confirmado y que fue ingresado en las últimas 24 horas.

**Caso investigado:** Caso confirmado o probable que en EPIVIGILA tiene registro de la actividad del primer hito de seguimiento.

**Semana de interés TTA:** Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

	PROCEDIMIENTO		
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0	Página 5 de 13

### Indicador 1: Cantidad de test PCR realizados por Búsqueda Activa de Casos (BAC)

**Objetivo:** Aumentar o mantener la cantidad de test RT-PCR realizados por BAC.

**Responsable de ejecución y/o control:**  
Centros de Salud, SEREMI de Salud, Servicio de Salud.

**Meta:**  $\geq 10\%$

**Periodicidad:** Semanal.

Periodo semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

**Escala Territorial:** comuna, regional, nacional.

**Fuente de información:** base EPIVIGILA y registros gestión BAC, actualizadas con los reportes de laboratorio al día de la determinación del indicador

**Cálculo del indicador a nivel comunal**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ not. BAC c/test por comuna residencia semana } x}{N^{\circ} \text{ total not. c/test por comuna residencia semana } x}$$

**Cálculo del indicador a nivel regional**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ not. BAC c/test por región residencia semana } x}{N^{\circ} \text{ total not. c/test por región residencia semana } x}$$

**Cálculo del indicador a nivel nacional**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ not. BAC c/test en el país, semana } x}{N^{\circ} \text{ total not. c/test en el país, semana } x}$$

**Observación**

- Se considera notificación con test aquella notificación (o registro gestión BAC) que tiene resultado de test PCR.
- Se considera notificación BAC aquella notificación (o registro gestión BAC) que indique tipo caso búsqueda BAC.

## Indicador 2: Índice positividad test RT-PCR

<p><b>Objetivo:</b> Disminuir positividad.</p> <p><b>Meta:</b> Disminuir el índice de positividad por tramo de ubicación.</p> <p><i>Tramo 1 (&gt;nivel nacional):</i> baja progresiva hasta alcanzar nivel nacional</p> <p><i>Tramo 2 (= nivel nacional):</i> bajar semanalmente al menos un 5%</p> <p><i>Tramo 3 (menor nivel nacional y &gt; 10%):</i> 10%</p> <p><i>Tramo 4 (&lt;10%):</i> 5%</p> <p><i>Tramo 5 (&lt;5%)</i> mantener &lt; 5%</p>	<p><b>Responsable de ejecución y/o control:</b> Centros de Salud, SEREMI de Salud, Servicio de Salud.</p>
--	---

**Periodicidad:** Semanal.  
Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

**Escala Territorial:** comuna, regional, nacional.

**Fuente de información:** base EPIVIGILA y registros gestión BAC, actualizadas con los reportes de laboratorio al día de la determinación del indicador.

**Cálculo del indicador a nivel comunal**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ notificados } c/\text{test positivo por comuna residencia semana } x}{N^{\circ} \text{ total notificados } c/\text{test por comuna residencia semana } x}$$

**Cálculo del indicador a nivel regional**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ notificados } c/\text{test positivo por región residencia semana } x}{N^{\circ} \text{ total notificados } c/\text{test por región residencia semana } x}$$

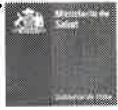
**Cálculo del indicador a nivel nacional**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ notificados } c/\text{test positivo en el país, semana } x}{N^{\circ} \text{ total notificados } c/\text{test en el país, semana } x}$$

**Observación**

- Se considera notificación con test aquella notificación (o registro gestión BAC) que tiene resultado de test RT-PCR.



	PROCEDIMIENTO		
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0	Página 7 de 13

<b>Indicador 3: Proporción de casos notificados con testeo oportuno</b>	
<b>Objetivo:</b> evaluar la oportunidad de testeo en personas con indicación de RT-PCR  <b>Meta:</b> >90%	<b>Responsable de ejecución y/o control:</b> Centros de Salud, SEREMI de Salud, Servicio de Salud.
<b>Periodicidad:</b> Semanal. Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación. <b>Escala Territorial:</b> comuna, regional, nacional. <b>Fuente de información:</b> base EPIVIGILA actualizada con los reportes de laboratorio al día de la determinación del indicador.	
<b>Cálculo del indicador a nivel comunal</b> $x = \frac{N^{\circ} \text{ notificados sospechosos } c/\text{test por comuna residencia semana } x}{N^{\circ} \text{ total notificados sospechosos por comuna residencia semana } x} \times 100$	
<b>Cálculo del indicador a nivel regional</b> $x = \frac{N^{\circ} \text{ notificados sospechosos } c/\text{test por región residencia semana } x}{N^{\circ} \text{ total notificados sospechosos por región residencia semana } x} \times 100$	
<b>Cálculo del indicador a nivel nacional</b> $x = \frac{N^{\circ} \text{ notificados sospechosos } c/\text{test en el país, semana } x}{N^{\circ} \text{ total notificados sospechosos en el país, semana } x} \times 100$	
<b>Observación</b> - Se excluyen los registros con etapa clínica probable.	

#### Indicador 4: Oportunidad de notificación

**Objetivo:** Mejorar la oportunidad de notificación de casos confirmados por laboratorio.

**Responsable de ejecución y/o control:** Centros de Salud, SEREMI de Salud, Servicio de Salud.

**Meta:** 100%

**Periodicidad:** Semanal.

Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

**Escala Territorial:** comuna, regional, nacional.

**Fuente de información:** base EPIVIGILA actualizada con los reportes de laboratorio al día de la determinación del indicador.

##### Cálculo del indicador a nivel comunal

$$x = \frac{\text{Nº casos confirmados notificados correctamente por comuna residencia, semana } x}{\text{Nº casos confirmados notificados por comuna residencia, semana } x} \times 100$$

##### Cálculo del indicador a nivel regional


$$x = \frac{\text{Nº casos confirmados notificados correctamente por región residencia, semana } x}{\text{Nº casos confirmados notificados por región residencia, semana } x} \times 100$$

##### Cálculo del indicador a nivel nacional

$$x = \frac{\text{Nº casos confirmados notificados correctamente en el país, semana } x}{\text{Nº casos confirmados notificados en el país, semana } x} \times 100$$

##### Observación

- Se consideran sólo registros desde notificación.
- Para los registros de notificaciones que se encuentren en gestión BAC, se considera la fecha de notificación BAC si ésta es anterior a la fecha de notificación en EPIVIGILA.

	PROCEDIMIENTO		
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0	Página 9 de 13

### Indicador 5: Oportunidad en la investigación epidemiológica de casos

<b>Objetivo:</b> Fortalecer la investigación epidemiológica de los casos. <b>Meta:</b> >90%	<b>Responsable de ejecución y/o control:</b> Centros de Salud, SEREMI de Salud, Servicio de Salud.
--	--

**Periodicidad:** Semanal.

Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

**Escala Territorial:** comuna, regional, nacional.

**Fuente de información:** base EPIVIGILA actualizada con los reportes de laboratorio al día de la determinación del indicador. Base de seguimiento.

#### Cálculo del indicador a nivel comunal

$$x = \frac{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados investigados dentro de 48hrs por comuna 1er establecimiento, semana } x}{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados por comuna 1er establecimiento, semana } x} \times 100$$

#### Cálculo del indicador a nivel regional


$$x = \frac{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados investigados dentro de 48hrs por región 1er establecimiento, semana } x}{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados por región 1er establecimiento, semana } x} \times 100$$

#### Cálculo del indicador a nivel nacional

$$x = \frac{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados investigados dentro de 48hrs en el país, semana } x}{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados en el país, semana } x} \times 100$$

#### Observación

- No se incluyen los casos nuevos no notificados.
- Se considera un caso nuevo registrado a aquel caso nuevo notificado que cumple los requisitos para estar en el módulo de seguimiento.
- La fecha para determinar el inicio de seguimiento corresponde a la fecha de resultado (caso confirmado) o fecha de notificación (caso probable). Para un caso confirmado, si el resultado del test es anterior a la fecha de notificación, se debe iniciar seguimiento a partir de la fecha en que el registro está disponible en la bandeja de seguimiento.
- Se cumple el indicador si, dentro de las 48 hrs. a partir de la fecha de inicio de seguimiento, se tiene al menos una actividad de seguimiento exitosa (se logra ubicar al caso).
- El primer establecimiento corresponde al establecimiento dado por API FONASA. Si el registro no hace match con API FONASA, se considera el establecimiento de notificación.
- Se consideran sólo registros de casos que estén activos o egresados en la bandeja de seguimiento.

	PROCEDIMIENTO		
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0	Página 10 de 13

### Indicador 6: Capacidad de investigación de contactos

<b>Objetivo:</b> Fortalecer la investigación epidemiológica de los contactos estrechos. <b>Meta:</b> >80%	<b>Responsable de ejecución y/o control:</b> Centros de Salud, SEREMI de Salud, Servicio de Salud.
--	---

**Periodicidad:** Semanal.

Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

**Escala Territorial:** comuna, regional, nacional.

**Fuente de información:** base EPIVIGILA actualizada con los reportes de laboratorio al día de la determinación del indicador. Base de seguimiento.

#### Cálculo del indicador a nivel comunal

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ casos nuevos con contactos estrechos por comuna } 1^{\text{er}} \text{ establecimiento, semana } x}{N^{\circ} \text{ casos nuevos por comuna } 1^{\text{er}} \text{ establecimiento, semana } x} \times 100$$

#### Cálculo del indicador a nivel regional


$$x = \frac{N^{\circ} \text{ casos nuevos con contactos estrechos por región } 1^{\text{er}} \text{ establecimiento, semana } x}{N^{\circ} \text{ casos nuevos por región } 1^{\text{er}} \text{ establecimiento, semana } x} \times 100$$

#### Cálculo del indicador a nivel nacional

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ casos nuevos con contactos estrechos en el país, semana } x}{N^{\circ} \text{ casos nuevos registrados en el país, semana } x} \times 100$$

#### Observaciones

- No se incluyen los casos nuevos no notificados
- Se considera un caso nuevo registrado a aquel caso nuevo notificado que cumple los requisitos para estar en el módulo de seguimiento.
- Los casos nuevos con contactos estrechos son considerados de forma dicotómica (sí o no).
- El primer establecimiento corresponde al establecimiento dado por API FONASA. Si el registro no hace match con API FONASA, se considera el establecimiento de notificación. Se seguirá considerando el primer establecimiento para este indicador, aún si se derivó previo a la investigación epidemiológica.
- Se consideran sólo registros activos o egresados en la bandeja de seguimiento.

	PROCEDIMIENTO		
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0	Página 11 de 13

### Indicador 7: Capacidad de investigación de contactos

**Objetivo:** Evaluar la capacidad de seguimiento de contactos.

**Meta:** >80%

**Responsable de ejecución y/o control:**

Centros de Salud, SEREMI de Salud, Servicio de Salud.

**Periodicidad:** Semanal.

Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

**Escala Territorial:** comuna, regional, nacional.

**Fuente de información:** base EPIVIGILA actualizada con los reportes de laboratorio al día de la determinación del indicador. Base de seguimiento.

#### Cálculo del indicador a nivel comunal

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ contactos identificados investigados dentro de 48hrs, por comuna 1er establecimiento, semana } x}{N^{\circ} \text{ contactos identificados por comuna 1er establecimiento, semana } x} \times 100$$

#### Cálculo del indicador a nivel regional


$$x = \frac{N^{\circ} \text{ contactos identificados investigados dentro de 48hrs, por región 1er establecimiento, semana } x}{N^{\circ} \text{ contactos identificados por región 1er establecimiento, semana } x} \times 100$$

#### Cálculo del indicador a nivel nacional

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ contactos identificados investigados dentro de 48hrs, en el país, semana } x}{N^{\circ} \text{ contactos identificados en el país, semana } x} \times 100$$

#### Observaciones

- No se incluyen los contactos nuevos no notificados.
- Se considera como registro de contacto aquel que cumple las condiciones para estar en la bandeja de seguimiento.
- Se consideran sólo registros de casos activos o egresados en la bandeja de seguimiento.
- El primer establecimiento corresponde al establecimiento dado por API FONASA. Si el registro no hace match con API FONASA, se considera el establecimiento de notificación del caso índice. Se seguirá considerando el primer establecimiento para este indicador, aún si se derivó previo a la investigación epidemiológica.

	PROCEDIMIENTO		
	Manual operativo para el cálculo de indicadores estrategia TTA COVID-19	Versión: 2.0	Página 12 de 13

### Indicador 8: Casos en seguimiento

**Objetivo:** Evaluar la capacidad de seguimiento de casos  
**Meta:** >90%

**Responsable de ejecución y/o control:**  
Centros de Salud, SEREMI de Salud y OAL.

**Periodicidad:** Semanal.

Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

**Escala Territorial:** comuna, regional, nacional.

**Fuente de información:** base EPIVIGILA actualizada con los reportes de laboratorio al día de la determinación del indicador. Base de seguimiento.

#### Cálculo del indicador a nivel comunal

$$x = \frac{\text{N}^{\circ} \text{ casos activos con seguimiento según protocolo por comuna último establecimiento, semana } x}{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados por comuna por comuna último establecimiento, semana } x} \times 100$$

#### Cálculo del indicador a nivel regional

$$x = \frac{\text{N}^{\circ} \text{ casos activos con seguimiento según protocolo por región último establecimiento, semana } x}{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados por comuna por región último establecimiento, semana } x} \times 100$$

#### Cálculo del indicador a nivel nacional

$$x = \frac{\text{N}^{\circ} \text{ casos activos con seguimiento según protocolo en el país, semana } x}{\text{N}^{\circ} \text{ casos nuevos registrados por comuna en el país, semana } x} \times 100$$

#### Observación

- No se incluyen los casos nuevos no notificados (“casos reportados por laboratorio”).
- Se considera un caso activo como aquel caso notificado que cumple la definición de caso activo, con fecha de notificación en la semana de interés.
- Se consideran sólo registros activos o egresados en la bandeja de seguimiento.
- Según protocolo implica un seguimiento diario por día de seguimiento, desde el inicio de seguimiento y se valora de forma dicotómica (cumple o no cumple el protocolo de seguimiento).
- Por seguimiento diario se entiende que, diariamente, se debe realizar una actividad de seguimiento (la cual puede ser exitosa o no).

**Indicador 10: Contactos con al menos 2 seguimientos dentro de su período de cuarentena de 14 días**

**Objetivo:** Evaluar la capacidad de seguimiento de contactos estrechos.

**Responsable de ejecución y/o control:**  
Centros de Salud, SEREMI de Salud y OAL.

**Meta:** >90%

**Periodicidad:** Semanal.

Período semanal definido de sábado a viernes, según fecha de notificación.

**Escala Territorial:** comuna, regional, nacional.

**Fuente de información:** Base de seguimiento.

**Cálculo del indicador a nivel comunal**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ contactos que cumplieron cuarentena con al menos 2 seguimientos por comuna último establecimiento, semana } x}{N^{\circ} \text{ contactos que cumplieron cuarentena por comuna último establecimiento, semana } x} \times 100$$

**Cálculo del indicador a nivel regional**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ contactos que cumplieron cuarentena con al menos 2 seguimientos por región último establecimiento, semana } x}{N^{\circ} \text{ contactos que cumplieron cuarentena por región último establecimiento, semana } x} \times 100$$

**Cálculo del indicador a nivel nacional**

$$x = \frac{N^{\circ} \text{ contactos que cumplieron cuarentena con al menos 2 seguimientos en el país, semana } x}{N^{\circ} \text{ contactos que cumplieron cuarentena pen el país, semana } x} \times 100$$

**Observación**

- El indicador se construye sobre los contactos que egresan (fecha de término de cuarentena) de seguimiento, durante la semana de interés (esto es, sólo registros egresados de la bandeja de seguimiento).
- El período de seguimiento para el contacto corresponde a la cantidad de días entre la 1era fecha en que el contacto está disponible en la bandeja de seguimiento hasta la última fecha fin cuarentena.
- Se cumple con el indicador si en el período de seguimiento del contacto se registran al menos 2 actividades de seguimiento (las cuales pueden ser exitosas o no).
- Se excluyen los contactos que se transforman en caso y que están notificados (tiene folio asociado como caso).



# Manual Indicadores TTA

MINSAL

18-05-2021

## Objetivo

En este documento se resume la información del cálculo de los indicadores de la Estrategia de Testeo Trazabilidad y Aislamiento (TTA). Se detallan a continuación las bases de datos a considerar en el cálculo de los indicadores, así como también las variables a utilizar desde cada base.

---

## Nota importante

Este documento es una versión preliminar del cálculo de los indicadores TTA, la cual considera como fuentes de información Epivigila y la información de test PCR provista por los Laboratorios. Esta forma de operar es transitoria mientras se actualiza el sistema interconectado Plataforma Nacional de Toma de Muestra.

---

## Observaciones generales

- Las bases de datos a considerar para el cálculo de los indicadores TTA son las siguientes:
  - EPI-NOT: EPIVIGILA notificaciones.
  - BAC: notificaciones Gestión BAC.
  - EPI-SEG: EPIVIGILA seguimiento.
  - LAB: Laboratorios.
- La base de datos LAB se utiliza para agregar a EPI-NOT la información del resultado de test, fecha de toma de muestra y fecha de resultado (variables *resul*, *fecha\_toma\_muestra* y *fecha\_resultado*, respectivamente).
- Se considera como *semana de interés* la semana definida de día sábado a viernes. De aquí en adelante, denotaremos por **inicio** el día sábado de la semana de semana de interés y **final** el día viernes de la semana de interés.
- El cálculo de indicadores se realiza el día martes de la semana posterior a la semana de interés. Todas las bases de datos consideradas son con corte del día martes en la mañana. Es importante resaltar que la información disponible en las bases contienen (mayormente) los registros hasta el día lunes.



## Estructura del código

El cálculo de los indicadores se realiza usando el archivo `0_codigo_indicadores.R` (ubicado en la carpeta `Indices`), en el cual se definen objetos a utilizar durante el cálculo de los indicadores, se hace referencia a archivos `.R` que cargan las bases de datos, como también a aquellos archivos `.R` en los que se realiza el cálculo de los indicadores de testeo y trazabilidad.

El archivo `0_codigo_indicadores.R` está organizado como sigue:

- **Parte 1:** carga de librerías y objetos a utilizar. La semana de interés se define de sábado a viernes. El objeto `semana_cont_viejos` define la fecha de notificación a considerar para contactos asociados a casos que no son notificados en la semana de interés (*contactos rezagados de casos*).

```
# semana interes -----
hoy_nf = gsub("-", "", as.character(lubridate::today()))
inicio = lubridate::ymd("20210417")
final = lubridate::ymd("20210423")
semana = interval(inicio, final)

#Semana considerada para definir los contactos de casos cuya
#fecha de notificacion es anterior a la semana de interes
semana_cont_viejos = interval(inicio - lubridate::days(10), inicio-lubridate::days(1))
```

Se hace uso de dos archivos:

- nombres estandarizados comunas: `region_comuna_poblacion_2020.xlsx`
- establecimientos DEIS. Archivo `.Rdata` con la base de datos de los establecimientos DEIS.

```
# base nombre region y comunas -----
nombre_region_comuna = read_excel("datos/archivos/seg/region_comuna_poblacion_2020.xlsx")
nombre_region_comuna = nombre_region_comuna %>% select(region, comuna)

# base establecimientos DEIS -----
load("datos/archivos/seg/establecimientos_rc.Rdata")
```

- **Parte 2:** carga y limpieza bases de datos EPI-SEG, LAB, EPI-NOT y gestión BAC. Cada archivo `.R` al que se hace referencia, realiza la limpieza de la base de datos respectiva.

```
# Depuraciones -----
source(paste0("datos/depuraciones/", fechanombase, "_dep_new_Seguimiento_pntm.R"))
source(paste0("datos/depuraciones/", fechanombase, "_dep_Laboratorio_a.R"))
source(paste0("datos/depuraciones/", fechanombase, "_dep_new_Epivigila_nuevos.R"))
```

- **Parte 3a:** incorporar a los registros de notificación, la información de la base LAB.

```
# * join lab a epi con cambio de estados -----
source(paste0("datos/depuraciones/", fechanombase, "_bases_indicadores_a.R"),
      encoding = "UTF-8")
```

- **Parte 3b:** cálculo de los indicadores de testeo y trazabilidad.

```

# * indicadores 1 a 4 -----
source(paste0("Indices/",fechanombase,"_1_codigos_tta_ind_1a4_old.R"),
       encoding = "UTF-8")

# * validos seguimiento -----
source(paste0("Indices/",fechanombase,"_new_a_codigos_tta_ind_5a10_derivacion_check.R"),
       encoding = "UTF-8")

# * indicadores 5 a 10 -----
source(paste0("Indices/",fechanombase,"_new_b_codigos_tta_ind_5a10_derivacion_check.R"),
       encoding = "UTF-8")

```

## Limpeza bases de datos

El proyecto está diseñado para que las bases de datos usadas en el proceso de cálculo de indicadores estén ubicadas en las siguientes carpetas:

- **EPI-SEG:** datos/archivos/seg y debe tener por nombre `info_contactos_fecha.csv`.
- **LAB:** datos/archivos/lab y debe tener por nombre `fecha_LabLong.Rdata`.
- **EPI-NOT:** datos/archivos/epi y debe tener por nombre `fecha_0600_EPI-COVID-19(full).Rdata`.
- **BAC:** Indices/muestras\_bac y debe tener por nombre `fecha_Gestión BAC nacional.csv`.

En la carpeta `datos/depuraciones` se encuentran los archivos `.R` relativos a depuración y limpieza de las bases de datos a utilizar.

## Limpeza bases de datos - Seguimiento

En el archivo `dep_new_Seguimiento_pntm.R` se detalla el proceso de carga de la base EPI-SEG y los registros a considerar y excluir en el período.

El cálculo de los indicadores TTA no contempla los registros provenientes de Plataforma Nacional de Toma de Muestra, por lo que NO se deben considerar los folios que en la base de seguimiento comiencen con PNTM.

Los potenciales registros a considerar desde la base de seguimiento corresponde a todos los registros de casos y contactos que tienen `fecha_notificacion` en la semana de interés, que se encuentren activos o egresados en el sistema.

```
seg2_casocont <- seg2_a %>%
  filter(fecha_notificacion1 %within% semana ) %>% #casos y contactos
  filter(suspendido == "activo" | suspendido == "egresado")
```

Se agregan los *contactos rezagados de casos*: contactos que tienen `fecha_creacion` la semana de interés y cuyo caso índice tiene `fecha_notificacion` con anterioridad a la semana de interés (contactos de casos rezagados). El período considerado para la fecha de notificación del caso índice está definido por `semana_cont_viejos = interval(inicio - lubridate::days(10), inicio-lubridate::days(1))`. Este último objeto está definido en el archivo `0_codigo_indicadores.R`

```
# seleccion contactos semana interes -----
seg2_cont_viejos <- seg2_a %>%
  filter(tipo_seguimiento == "contacto") %>%
  filter(fecha_creacion1 %within% semana) %>%
  filter(suspendido == "activo" | suspendido == "egresado") %>%
  filter(fecha_notificacion1 %within% semana_cont_viejos)
```

Para el cálculo de los indicadores, se crean las variables `caso_asociado` y `n_folio_cont` que corresponden al folio del caso índice y el folio del contacto, respectivamente. Para aquellos registros `tipo_seguimiento==caso`, la variable `n_folio_cont` queda con registro NA. Se EXCLUYEN del análisis aquellos registros de casos y contactos que NO tengan `fecha_cumple_requisitos`.

```
seg2_new <- seg2_new %>%
  separate(n_folio, c("cod", "n_folio_cont"), sep = "-", remove = FALSE) %>%
  mutate(pos1 = str_locate(cod, "[:digit:}")[, 1],
         caso_asociado = str_sub(cod, pos1)) %>%
  select(-c(cod, pos1)) %>%
  select(n_folio, caso_asociado, n_folio_cont, everything())
```

## Limpieza bases de datos - Laboratorio

En el archivo `dep_new_Laboratorio_a.R` se detalla el proceso de carga de la base histórica de exámenes PCR reportada por los laboratorios a MINSAL.

Se aplica un proceso de deduplicación de registros considerando un único registro para un mismo RUT, fecha toma de muestra, resultado, laboratorio y región toma de muestra.

```
# deduplicacion -----  
# un registro por RUT, fecha toma muestra, resultado, laboratorio, region toma muestra  
print("Lab: deduplicacion")  
  
lab_long1 = lab_long1 %>%  
  mutate(RUT = ifelse(!is.na(RUTCORREGIDO), RUTCORREGIDO, RUT))  
  
lab_long_d1 <-  
  distinct(lab_long1,  
           RUT,  
           fecha_toma_muestra,  
           resul,  
           laboratorio, region_toma_muestra,  
           .keep_all = TRUE)
```

## Limpieza bases de datos - Muestras BAC

En el archivo `bases_bac.R` se detalla el proceso de carga de la base histórica de muestras BAC y el proceso de limpieza de los registros de esta base, los que serán luego agregados a los registros de notificación para el cálculo de los indicadores.

Se consideran los registros de muestras BAC que tengan `fecha_toma_muestra` en la semana TTA. Todo registro de esta base tiene `presentacion_clinica==Asintomático` y se considera que es un registro `tipo_caso_busqueda==Búsqueda Activa`.

```
base_bac_sem = base_bac %>%  
  filter(fecha_toma_muestra %within% semana)
```

## Limpieza bases de datos - Epivigila Notificaciones

Se consideran sólo registro que sean vigentes (`vigente_no_eliminado != F`) y se excluyen las notificaciones no validadas (es decir, se excluyen registros `estado_caso == "No validada"`). Se define `estado_ord` como una jerarquización de la etapa clínica de los registros (en este orden: confirmada, probable, sospecha, búsqueda activa).

Se seleccionan los registros con fecha de notificación en la semana de interés.

```
#--seleccionar por fecha  
print("Epi-Not: semana interes")  
epifull3 <- epifull2 %>%  
  mutate(nombre_base= "EPI-NOT") %>%  
  subset(fecha_notificacion1 %within% semana )
```

A estos últimos registros, se añaden aquellos provenientes desde la base BAC.

```

source(paste0("Indicex/",fechanombase,"_bases_bac.R"),encoding = "UTF-8")

epifull3_v = epifull3

# epi/bac run -----
epifull3_run = epifull3 %>%
  filter(tipo_identificacion == "RUN")

base_bac_sem_run = base_bac_sem %>%
  filter(tipo_identificacion == "RUN")

epi3run_bacruncr = intersect(epifull3_run$RUT,base_bac_sem_run$RUT)
bacruncr_noepi3run = setdiff(base_bac_sem_run$RUT,epifull3_run$RUT)

# bac run-norun -----
epifull3_norun = epifull3 %>%
  filter(tipo_identificacion != "RUN")

base_bac_sem_norun = base_bac_sem %>%
  filter(tipo_identificacion != "RUN")

epi3norun_bacruncr = intersect(epifull3_norun$RUT,base_bac_sem_norun$RUT)
bacruncr_noepi3norun = setdiff(base_bac_sem_norun$RUT,epifull3_norun$RUT)

# bac append a epi -----
base_bac_aepi = bind_rows(base_bac_sem_run %>% filter(RUT %in% bacruncr_noepi3run),
  base_bac_sem_norun %>% filter(RUT %in% bacruncr_noepi3norun) )

```

Se realiza un proceso de deduplicación de los registros. El resultado final corresponde a todas la notificaciones (y registros gestión BAC) consideradas en la semana TTA. Se priorizan los registros que se encuentran en la notificación.

```

#--deduplicacion
print("Epi-Not: deduplicacion")
epifull4_epi <- epifull3 %>%
  filter(nombre_base=="EPI-NOT") %>%
  group_by(RUT) %>%
  arrange(estado_ord,estado_paciente,id_formulario_eno) %>%
  distinct(RUT,.keep_all = T) %>%
  ungroup()

epifull4_bac <- epifull3 %>%
  filter(nombre_base=="BAC") %>%
  group_by(RUT,fecha_nacimiento) %>%
  distinct(RUT,fecha_nacimiento,.keep_all = T) %>%
  ungroup()

epifull4_a = bind_rows(epifull4_epi,
  epifull4_bac)

epifull4 = epifull4_a %>%
  group_by(RUT,fecha_nacimiento) %>%
  arrange(desc(nombre_base)) %>%

```

```

ungroup() %>%
distinct(RUT,.keep_all = T) %>%
ungroup()

epi_nuevos = epifull14

```

## Información de Laboratorios (PCR) a Epivigila.

A los registros de notificación (incluidos registros gestión BAC) se les incorpora la información de fecha toma de muestra, resultado y fecha de resultado de test PCR. Esto se realiza en el archivo bases\_indicadores\_a.R.

Se considera la información de los test con fecha de toma de muestra de 15 días, a partir del día anterior a la fecha del cálculo del indicador.

```

inicio_lab = lubridate::ymd(hoy_nf) - 1 - lubridate::days(15)
final_lab = lubridate::ymd(hoy_nf) - 1

semana_lab = interval(inicio_lab,final_lab)

lab_long_s1 = lab_long_s %>%
  filter(fecha_toma_muestra %within% semana_lab)

```

Para aquellos registros que tienen un solo test, se les considera la información del único test,

```

print("Lab a epi: join unicos")
join_unicos1 <- left_join(epi_d %>% filter(RUT %in% rut_lab_uno_res$RUT),
  lab_long_s1 %>% filter(RUT %in% rut_lab_uno_res$RUT),
  by = "RUT")

```

mientras que para aquellos que tienen más de un test, se realiza una jerarquización del resultado de test (positivo, negativo, resultado inválido). Esto se hace para que, cuando una persona tenga asociados resultados PCR diferentes, se consideren en esa jerarquía. Por ejemplo, si una persona tiene resultado positivo y negativo, se considera el resultado positivo. La información final del test asociada a cada notificación es aquella que tiene la fecha de toma de muestra más cercana a la fecha de notificación (en valor absoluto).

```

lab_long_s1$resul = gdata::reorder.factor(lab_long_s1$resul,
  new.order=c("POSITIVO",
    "NEGATIVO",
    "RESULTADO INVALIDO"))
# union entre los que son unicos en epi pero tienen mas de un resultado en laboratorio
join_unicos2 <- left_join(epi_d %>% filter(RUT %in% rut_lab_dup_res$RUT),
  lab_long_s1 %>% filter(RUT %in% rut_lab_dup_res$RUT),
  by = "RUT")

# deduplicacion:
join_unicos2_d <- join_unicos2 %>%
  mutate(aux = lubridate::ymd(fecha_toma_muestra) - lubridate::ymd(fecha_notificacion),
    aux_a = abs(aux)) %>%
  group_by(RUT) %>%
  arrange(RUT,resul,aux_a,desc(fecha_toma_muestra)) %>%
  ungroup() %>%
  distinct(RUT,.keep_all = T)

```

Con la información del test, se realiza una actualización de la etapa clínica de los registros de notificación: todo resultado positivo para a ser confirmado, independiente de la etapa clínica. En cambio, si la etapa clínica es sospecha o búsqueda activa y el resultado de test es negativo, la etapa clínica es descartada.

```
# actualización etapa clinica -----
print("Lab a epi: actualización estados")

lab_a_epi_resul_n = lab_a_epi_resul %>%
  mutate(et_cl_nueva = case_when(
    resul=="POSITIVO" ~ "CONFIRMADA",
    resul=="NEGATIVO" & etapa_clinica == "SOSPECHA" ~ "DESCARTADA",
    resul=="NEGATIVO" & etapa_clinica == "BUSQUEDA A" ~ "DESCARTADA",
    TRUE ~ etapa_clinica)
  )
lab_a_epi_resul = lab_a_epi_resul_n
```

## Indicadores de Testeo

Los indicadores de testeo se calculan en el archivo 1\_codigos\_tta\_ind\_1a4\_old.R.

### Indicador 1

- Numerador: notificaciones con resultado de test tal que tipo\_caso\_búsqueda == Búsqueda activa.
- Denominador: notificaciones con resultado de test.

```
# * base -----
aux_ind1 = lab_a_epi_resul %>%
  filter(!is.na(resul)) %>%
  filter(tipo_caso_búsqueda == "Atención médica" | tipo_caso_búsqueda == "Búsqueda activa")

aux_ind1 = aux_ind1 %>%
  mutate(ind1 = case_when(
    tipo_caso_búsqueda == "Búsqueda activa" ~ T,
    TRUE ~ F
  ))
```

### Indicador 2

- Numerador: notificaciones con resultado de test que tienen resultado de test PCR positivo.
- Denominador: notificaciones con resultado de test PCR.

```
# * base -----
aux_ind2 = lab_a_epi_resul %>%
  filter(!is.na(resul))

aux_ind2 = aux_ind2 %>%
  mutate(ind2 = case_when(
    resul == "POSITIVO" ~ T,
    TRUE ~ F
  ))
```

## Indicador 2, según BAC/AM

La positividad según tipo de atención médica:

- BAC:
  - Numerador: notificaciones con resultado de teste PCR positivo tal que `tipo_caso_busqueda==Búsqueda activa`.
  - Denominador: notificaciones con resultado de teste PCR tal que `tipo_caso_busqueda==Búsqueda activa`.
- AM:
  - Numerador: notificaciones con resultado de teste PCR positivo tal que `tipo_caso_busqueda==Atención médica`.
  - Denominador: notificaciones con resultado de teste PCR tal que `tipo_caso_busqueda==Atención médica`.

```
# * base -----
aux_ind2b = lab_a_epi_resul %>%
  filter(!is.na(resul)) %>%
  filter(tipo_caso_busqueda == "Atención médica" | tipo_caso_busqueda == "Búsqueda activa")

aux_ind2b = aux_ind2b %>%
  mutate(ind2b_bac = case_when(
    resul == "POSITIVO" & tipo_caso_busqueda == "Búsqueda activa" ~ T,
    resul != "POSITIVO" & tipo_caso_busqueda == "Búsqueda activa" ~ F,
    TRUE ~ NA
  )) %>%
  mutate(ind2b_am = case_when(
    resul == "POSITIVO" & tipo_caso_busqueda == "Atención médica" ~ T,
    resul != "POSITIVO" & tipo_caso_busqueda == "Atención médica" ~ F,
    TRUE ~ NA
  ))
```

## Indicador 3

*Observación:* Sólo se consideran registros desde notificación (se excluyen registros desde gestión BAC). Se excluyen notificaciones con etapa clínica (actualizada) probable.

- Numerador: total de notificaciones que tienen un resultado de test PCR.
- Denominador: total de notificaciones.

```
# * base -----
aux_ind3 = lab_a_epi_resul %>%
  filter(et_cl_nueva != "PROBABLE") %>%
  filter(nombre_base == "EPI-NOT")

aux_ind3 = aux_ind3 %>%
  mutate(ind3 = case_when(
    resul %in% c("NEGATIVO", "NO CONCLUYENTE", "POSITIVO", "RESULTADO INVALIDO" ) ~ T,
    is.na(resul) ~ F,
    TRUE ~ NA
  ))
```



## Indicador 4

*Observación:* sólo se consideran registros desde notificación (se excluyen registros desde gestión BAC).

- Numerador: total de notificaciones que tienen resultado de test PCR positivo y que cumplen que la fecha de toma de muestra sea posterior a la notificación.
- Denominador: total de notificaciones con resultado de test PCR positivo.

*Observación:* para aquellos registros que estén notificados en gestión BAC previo a la notificación, se considera la fecha de notificación BAC para el cálculo del indicador. La fecha de notificación BAC que se utiliza para el cálculo del indicador corresponde a la más cercana a la fecha de notificación en EPIVIGILLA.

```
# * base -----
aux_ind4 <- lab_a_epi_resul %>%
  filter(resul == 'POSITIVO') %>%
  filter(nombre_base=="EPI-NOT")

aux_ind4_nobac = aux_ind4 %>%
  filter(!(RUT %in% base_bac_sem$RUT))

aux_ind4_bac = aux_ind4 %>%
  filter(RUT %in% base_bac_sem$RUT) %>%
  left_join(base_bac_sem %>%
    mutate(fecha_notificacion_bac = fecha_notificacion) %>%
    select(RUT,fecha_notificacion_bac),
    by="RUT") %>%
  mutate(aux = lubridate::ymd(fecha_notificacion) -
    lubridate::ymd(fecha_notificacion_bac)) %>%
  group_by(RUT) %>% arrange(RUT,desc(aux), (fecha_notificacion_bac)) %>%
  distinct(RUT,.keep_all = T) %>%
  select(-aux) %>%
  mutate(fecha_notificacion = case_when(
    !is.na(fecha_notificacion_bac) & (fecha_notificacion_bac <= fecha_notificacion) ~
      fecha_notificacion_bac,
    TRUE ~ fecha_notificacion
  ))

aux_ind4 = bind_rows(aux_ind4_nobac,
  aux_ind4_bac)

aux_ind4 = aux_ind4 %>%
  mutate(ind4 = case_when(
    fecha_notificacion <= fecha_toma_muestra ~ T,
    TRUE ~ F
  ))
```

# Indicadores de Trazabilidad

## Selección de registros a considerar

Previo al cálculo de los indicadores, es necesario definir los casos y contactos a considerar para los indicadores. En el archivo `new_a_codigos_tta_ind_5a10_derivacion_check.R` se realiza este proceso.

Desde la notificación, se obtienen los registros confirmados y probables que cumplen los 5 requisitos en la bandeja de seguimiento: caso índice con etapa clínica confirmada o probable, notificación válida o inconclusa, registro vigente no eliminado, paciente vivo, lugar de reposo domicilio particular o residencia sanitaria.

```
# epi_nuevos que cumple requisitos -----
print("Epi cumple")
epi_nuevos_cumple = lab_a_epi_resul %>%
  filter(et_cl_nueva == "CONFIRMADA" | et_cl_nueva == "PROBABLE" ) %>%
  filter(estado_caso == 'Validada' | estado_caso == 'Inconcluso') %>%
  filter(vigente_no_eliminado == "TRUE") %>%
  filter(estado_paciente == 'vivo') %>%
  filter(lugar_reposo == 'Domicilio particular' |
         lugar_reposo == 'Residencia sanitaria') %>%
  mutate(numero_folio=as.numeric(numero_folio))
```

De la base de seguimiento, se consideran los registros que cumplan que la diferencia entre la fecha cumple requisitos y la fecha de notificación sea menor a 14 días. Respecto a los contactos, se separan aquellos que son creados en la semana posterior a la semana TTA.

```
print("Folios casos y contactos")
# * base folios unicos (solamente los folios) -----
seg = seg %>%
  mutate(dif_fecha=as.numeric(as.Date(fecha_cumple_requisitos, origin="1899-12-30"))-
         as.numeric(as.Date(fecha_notificacion, origin="1899-12-30"))) %>%
  filter(dif_fecha < 14)

aux = seg %>% filter(visible_no_eliminado == "t") %>%
  distinct(n_folio, .keep_all = T)
aux_caso = aux %>%
  filter(tipo_seguimiento == 'caso')

aux_contacto = aux %>%
  filter(tipo_seguimiento == 'contacto') %>%
  filter(as.Date(fecha_creacion) <= final) %>%
  mutate(dif_fecha_contacto = as.numeric(as.Date(fecha_creacion,origin="1899-12-30"))-
         as.numeric(as.Date(fecha_notificacion, origin="1899-12-30"))) %>%
  filter(dif_fecha_contacto >= -14)

aux_contacto_nuevos = aux %>%
  filter(tipo_seguimiento == 'contacto') %>%
  filter(as.Date(fecha_creacion) > final) %>%
  filter(suspendido == "activo" | suspendido == "egresado" )

aux_contacto_viejos = aux_contacto %>%
  filter(fecha_creacion1 %within% semana) %>%
  filter(suspendido == "activo" | suspendido == "egresado" ) %>%
  filter(fecha_notificacion1 %within% semana_cont_viejos)
```

El primer seguimiento (indicadores 5 a 7), se considera que lo realiza APS si el registro hace match con API FONASA. En este caso, la columna `institucion_contacto` tiene el código DEIS del establecimiento al que cae el registro en la bandeja de seguimeinto. En caso contrario, se considera que el seguimiento corresponde a SEREMI.

```
seg = seg %>%
  mutate(TTA = case_when(
    is.na(institucion_contacto) ~ "SEREMI",
    TRUE ~ "APS"
  ))
```

De los contactos, se consideran aquellos que cumplen las condiciones para estar en seguimiento. Esto es, el caso índice debe satisfacer 3 condiciones: etapa clínica confirmada o probable, notificación validada o inconclusa y vigente no eliminado. De los casos índices notificados la semana TTA, se busca esta información en las notificaciones de la semana (con etapa clínica actualizada). Para los casos índices con notificación anterior a la semana TTA, la información se busca en los registros originales de la notificación.

```
## buscar CASOS validos
folio_epin_cumple_y_seg_caso = intersect(unique(epi_nuevos_cumple$numero_folio),
                                         unique(aux_caso$n_folio))

## buscar CONTACTOS validos: que no estan asociados a un CASO encontrado antes
find_seg_nocasoepi = setdiff(unique(aux_contacto$caso_asociado),
                             folio_epin_cumple_y_seg_caso)

#buscamos los folios anteriores en epi y que cumplan los requisitos
find_seg_val_epiresul = lab_a_epi_resul %>%
  filter(numero_folio %in% find_seg_nocasoepi) %>%
  filter(et_cl_nueva == "CONFIRMADA" | et_cl_nueva == "PROBABLE" ) %>%
  filter(estado_caso == 'Validada' | estado_caso == 'Inconcluso') %>%
  filter(vigente_no_eliminado == 'TRUE') %>%
  mutate(fecha_toma_muestra_bac = NA)

find_seg_val_epiantiguo = epifull12 %>%
  mutate(nombre_base="EPI-NOT") %>%
  filter(fecha_notificacion %within% semana_cont_viejos) %>%
  filter(numero_folio %in% find_seg_nocasoepi) %>%
  filter(etapa_clinica == "CONFIRMADA" | etapa_clinica == "PROBABLE" ) %>%
  filter(estado_caso == 'Validada' | estado_caso == 'Inconcluso') %>%
  filter(vigente_no_eliminado == 'TRUE') %>%
  mutate(fecha_toma_muestra_bac = NA)

find_seg_val_epi = bind_rows(find_seg_val_epiresul %>%
                             mutate(numero_folio=as.numeric(numero_folio)),
                             find_seg_val_epiantiguo %>%
                             select(names(base_bac_aepi), estado_caso, vigente_no_eliminado,
                                    estado_paciente, etapa_clinica, estado_ord, id_formulario_eno,
                                    lugar_reposo, presentacion_clinica, fecha_primeros_sintomas,
                                    fecha_diagnostico))

## casos validos (junto a sus contactos)
#y contactos validos (caso indice no en grupo de casos validos)
caso_valido_concont = aux %>%
  filter(caso_asociado %in% folio_epin_cumple_y_seg_caso)
```

```

find_valido = aux_contacto %>% filter(caso_asociado %in% find_seg_val_epi$numero_folio)

validos = bind_rows(caso_valido_concont,find_valido)

validos_info = seg %>% filter(n_folio %in% validos$n_folio)

```

Los casos y contactos caen en la bandeja de seguimiento del establecimiento dado por API FONASA. Esta información está disponible en `institucion_contacto`. Si el registro no hace match con API FONASA, el primer seguimiento le corresponde al establecimiento de notificación (`id_institucion`). La comuna de cada establecimiento se obtiene de la base de establecimientos DEIS (cargada en el objeto `establecimientos_rc`).

```

# * region/comuna institucion seguimiento -----
validos_info1$ins_nueva <- validos_info1$institucion_contacto
validos_info1$ins_nueva_nombre <- validos_info1$nombre_institucion_seguimiento

index_nainsnueva = is.na(validos_info1$ins_nueva)
index_nainsnuevanombre = is.na(validos_info1$ins_nueva_nombre)

validos_info1$ins_nueva[index_nainsnueva] <-
  validos_info1$id_institucion[index_nainsnueva]
validos_info1$ins_nueva_nombre[index_nainsnuevanombre] <-
  validos_info1$nombre_institucion_indice[index_nainsnuevanombre]

#-- agregar la informacion de institucion contacto
validos_info1$ins_nueva1 = as.numeric(validos_info1$ins_nueva)

validos_info1 = left_join(validos_info1 %>% mutate(ins_nueva1=as.character(ins_nueva1)),
  establecimientos_rc,by=c("ins_nueva1"="ins_nueva"))

```

En la base de seguimiento, diferentes folios de contacto para un mismo caso índice, están asociados a una misma persona. Con el fin de contar sólo una vez a esa persona asociada al caso índice en estudio, se realiza un proceso de deduplicación de contactos para un caso índice. El folio de contacto que se considera es aquel con la primera fecha de creación.

```

print("Deduplicacion contactos por caso indice")
validos_info1_caso = validos_info1 %>% filter(tipo_seguimiento == "caso")

#esto es lo nuevo para deduplicar contactos
validos_info1_cont = distinct(validos_info1 %>%
  filter(tipo_seguimiento == "contacto"),
  n_folio,.keep_all = T) %>%
  arrange(caso_asociado,cont_n_identificacion,
    cont_nombres,cont_primer_apellido,
    fecha_creacion)

validos_info1_cont_dd = distinct(validos_info1_cont,caso_asociado,
  cont_n_identificacion,
  cont_nombres,cont_primer_apellido,
  .keep_all = T)

validos_info1_cont_final = validos_info1 %>%
  filter(n_folio %in% validos_info1_cont_dd$n_folio)

```

```
validos_info1 = bind_rows(validos_info1_caso,validos_info1_cont_final)
```

A Los registros de seguimiento considerados para los indicadores, se les agrega la información desde la notificación.

```
##-- actualizacion base validos
print("Actualizacion base validos")
validos1 = distinct(validos_info1,n_folio,.keep_all = T)
#solo los folios de casos y contactos unicos

# def variables -----
lab_a_epi_resul$numero_folio1 = as.character(lab_a_epi_resul$numero_folio)
lab_a_epi_resul1 = lab_a_epi_resul %>%
  select(id_formulario_eno,numero_folio,numero_folio1,
         RUT,fecha_primeros_sintomas,
         region_residencia,comuna_residencia,fecha_notificacion,
         et_cl_nueva,etapa_clinica,presentacion_clinica,
         fecha_diagnostico,region_toma_muestra,
         Fechadecorreo,fecha_correo,
         fecha_toma_muestra,resul,fecha_resultado1)
print("Validos con informacion de Epi-Not")
validos1_epi = left_join(validos1,
                         lab_a_epi_resul1,
                         by=c("caso_asociado"="numero_folio1"))
#los contactos se van a quedar con la info del caso indice
```

## Cálculo indicadores

El código para el cálculo de indicadores se encuentra en el archivo `new_b_codigos_tta_5a10_derivacion_check.R`.

### Indicador 5

*Observación:*

1. La fecha de inicio de seguimiento es:
  - si la etapa clínica (actualizada) es confirmada: fecha de resultado del test. En caso que el resultado de test sea anterior a la notificación, es la fecha desde que está disponible el registro en la bandeja de seguimiento (`fecha_cumple_requisitos`). Esto se resume al considerar el máximo entre ambas fechas.
  - Si la etapa clínica (actualizada) es probable: fecha de notificación.
2. Se cumple el indicador sí, dentro de las primeras 48hrs a partir de la fecha de inicio de seguimiento (punto anterior), se debe contar con *AL MENOS UN SEGUIMIENTO EXITOSO*. Esto último significa que se debe haber contactado al caso (`contacto_localizado==t`) al menos una vez en las primeras 48hrs (`dia_contacto` entre la fecha de inicio de seguimiento más 2 días).
3. La región y comuna corresponde a la región y comuna del establecimiento dado por AFI FONASA (`institucion_contacto`, si registro hace match). En caso contrario, corresponde a la región y comuna del establecimiento de notificación (`id_institucion`).

El indicador se obtiene como:

- Numerador: número de casos que tienen al menos un seguimiento exitoso dentro de las primeras 48hrs a partir de la fecha de inicio de seguimiento.
- Denominador: total de casos considerados en la semana TTA.

```
#-- numero de casos
aux_num_com = validos1_epi %>%
  filter(tipo_seguimiento == 'caso') %>%
  group_by(est_reg1,est_com1) %>%
  count()

print("Indicador 5")

validos_info1_caso = validos_info1 %>%
  filter(tipo_seguimiento == "caso")

validos_info1_caso_seg = validos_info1 %>%
  filter(tipo_seguimiento == "caso") %>%
  filter(cont_estado_seguimiento != "Aún no contactado")

validos_info1_caso_noseg = validos_info1 %>%
  filter(tipo_seguimiento == "caso") %>%
  filter(cont_estado_seguimiento == "Aún no contactado")

validos_info1_caso_seg_epi = left_join(validos_info1_caso_seg,
                                       lab_a_epi_resul1,
                                       by=c("n_folio"="numero_folio1"))

validos_info1_caso_seg_epi = validos_info1_caso_seg_epi %>%
mutate(ini_seg1 = case_when(
  et_cl_nueva == "CONFIRMADA" ~
    pmax(as.Date(fecha_resultado1),as.Date(fecha_cumple_requisitos)),
  et_cl_nueva == "PROBABLE" ~ as.Date(fecha_notificacion.x)
))

validos_info1_caso_seg_epi$ini_seg1[is.na(validos_info1_caso_seg_epi$ini_seg1)] <-
  validos_info1_caso_seg_epi$fecha_cumple_requisitos[is.na(validos_info1_caso_seg_epi$ini_seg1)]

validos_info1_caso_seg_epi = validos_info1_caso_seg_epi %>%
  mutate(est_reg1 = est_reg,est_com1 = est_com)

validos_info1_caso_seg_epi$dia_contacto1 =
  as.Date(validos_info1_caso_seg_epi$dia_contacto,origin="1899-12-30")

validos_info1_caso_seg_epi$intervalo = interval(as.Date(validos_info1_caso_seg_epi$ini_seg1),
                                              ymd(as.Date(validos_info1_caso_seg_epi$ini_seg1))+2)

cc_en_seg_caso = validos_info1_caso_seg_epi %>%
  mutate(contactado = case_when(dia_contacto1 %within% intervalo ~ cont_loc_1,
                                TRUE ~ NA))

# * comuna -----
n_cc_con_seg_caso_comuna = cc_en_seg_caso %>%
```

```

group_by(est_reg1,est_com1,n_folio) %>%
summarise(nnum = sum(contactado,na.rm = T))

num_cc_seg_caso_comuna = n_cc_con_seg_caso_comuna %>%
  filter(nnum > 0) %>%
  group_by(est_reg1,est_com1) %>%
  tally()

den_cc_seg_caso_comuna = aux_num_com

caso48_comuna = left_join(den_cc_seg_caso_comuna,
                        num_cc_seg_caso_comuna,
                        by=c("est_reg1","est_com1"),
                        suffix=c("_den","_num")) %>%
mutate(caso48_num=replace_na(n_num,0),
       caso48_den=n_den,prop_caso48 = round(caso48_num/caso48_den,3)*100)%>%
select(est_reg1,est_com1,caso48_num,caso48_den,prop_caso48)

```

## Indicador 6

### Observación:

1. Para definir si un caso tiene contactos, se consideran todos los contactos: aquellos creados en la semana TTA y aquellos creados con fecha posterior a la semana TTA. Se evalúa si el caso tiene algún folio de contacto asociado.
2. La región y comuna corresponde a la región y comuna del establecimiento dado por AFI FONASA asociado al caso (`institucion_contacto`, si registro hace match). En caso contrario, corresponde a la región y comuna del establecimiento de notificación del caso (`id_institucion`).

El indicador se obtiene como:

- Numerador: número de casos que tienen al menos un contacto.
- Denominador: total de casos considerados en la semana TTA.

## Indicador 7

### Observación:

1. La fecha de inicio de seguimiento de los contactos corresponde a la fecha en que está disponible en la bandeja de seguimiento (`fecha_cumple_requisitos`)
2. Se considera que un contacto cumple el indicador si, 48hrs a partir de la fecha de inicio de seguimiento (punto 1), tiene *AL MENOS UN SEGUIMIENTO EXITOSO*. Esto último, significa que se debe haber contactado al contacto (`contacto_localizado==t`) al menos una vez en las primers 48hrs (`dia_contacto` entre fecha inicio seguimiento más dos días).
3. Para aquellos registros que son contactos de más de un caso índice, si a partir de la primera fecha cumple requisitos cumple el indicador, se considera que cumple el indicador para todos los folios en los que la fecha de cumple requisitos está en el período de las primeras 48hrs.

El indicador se obtiene como:



- Numerador: número de contactos que tienen al menos un seguimiento exitoso dentro de las primeras 48hrs a partir de la fecha de inicio de seguimiento.
- Denominador: total de contactos considerados en la semana TTA.

```

print("Indicador 7")
#fecha identificacion contacto
validos_info1_contacto = validos_info1 %>%
  filter(tipo_seguimiento == "contacto") %>%
  filter(cont_estado_seguimiento != "Aún no contactado")

#-- ojo: se verifica que todos los contactos tengan fecha cumple requisitos
validos_info1_contacto = validos_info1_contacto %>%
  mutate(est_reg1=est_reg,est_com1=est_com)

validos_info1_contacto = validos_info1_contacto %>%
  mutate(ini_seg1 = as.Date(fecha_cumple_requisitos,
                           origin="1899-12-30"))

cont_enseg_coniniciar = validos_info1_contacto %>%
  filter(!is.na(cont_inicio_cuarentena))

cont_enseg_sininiciar = validos_info1_contacto %>%
  filter(is.na(cont_inicio_cuarentena))

cont_enseg_coniniciar_nuevos = cont_enseg_coniniciar
cont_enseg_coniniciar_nuevos$dia_contacto1 =
  as.Date(cont_enseg_coniniciar_nuevos$dia_contacto,
          origin="1899-12-30")

cont_enseg_coniniciar_nuevos$intervalo =
  interval(as.Date(cont_enseg_coniniciar_nuevos$ini_seg1),
           ymd(as.Date(cont_enseg_coniniciar_nuevos$ini_seg1))+2)

cc_en_seg_contacto_nuevos = cont_enseg_coniniciar_nuevos %>%
  mutate(contactado = case_when(dia_contacto1 %within% intervalo ~ cont_loc_1,
                                TRUE ~ NA))

```

*Observación:* 3. Para aquellos registros que son contactos de más de un caso índice, si a partir de la primera fecha cumple requisitos cumple el indicador, se considera que cumple el indicador para todos los folios en los que la fecha de cumple requisitos está en el período de las primeras 48hrs.

```

basecontnombresedad_post = cc_en_seg_contacto %>%
  filter(contactado == T) %>%
  group_by(cont_nombres,cont_primer_apellido,
           cont_segundo_apellido,cont_edad) %>%
  arrange(fecha_cumple_requisitos) %>%
  ungroup() %>%
  distinct(cont_nombres,cont_primer_apellido,
           cont_segundo_apellido,cont_edad,.keep_all = T) %>%
  select(cont_nombres,cont_primer_apellido,cont_segundo_apellido,
         cont_edad,fecha_cumple_requisitos) %>%
  mutate(contacto_fcrl = TRUE)

basecontnombresedad_post$intervalo_iniseg = interval(as.Date(basecontnombresedad_post$fecha_cumple_re

```



```

cc_en_seg_contacto = left_join(cc_en_seg_contacto,
                              basecontnombrededad_post,
                              by=c("cont_nombres", "cont_primer_apellido",
                                   "cont_segundo_apellido", "cont_edad"))

cc_en_seg_contacto = cc_en_seg_contacto %>%
  mutate(contactado_alt = case_when(
    fecha_cumple_requisitos.x %within% intervalo_iniseg ~ T,
    TRUE ~ F
  )) %>% mutate(
  contactado = case_when(
    contactado == T ~ T,
    contactado == F & contactado_alt == T ~ T,
    is.na(contactado) & contactado_alt == T ~ T,
    TRUE ~ F),
  )

```

## Indicador 8

### *Observación:*

1. La fecha de inicio de seguimiento corresponde a la misma fecha de inicio de seguimiento considerada para el indicador 5.
2. Se consideran registros de casos activos (que cumplen la definición de caso activo) con `fecha_notificacion` en la semana TTA.
3. Se considera que se cumple el indicador si el caso tiene seguimiento diario desde la fecha de inicio de seguimiento (punto 1). Para este indicador, se considera que tenga cualquier tipo de actividad de seguimiento (exitosa o no; `contacto_localizado==t` o `contacto_localizado==f`).
4. La cantidad de seguimientos que debe tener un caso corresponde a la cantidad de días entre fecha de inicio de seguimiento y el mínimo entre la fecha fin de aislamiento y el día anterior al cálculo del indicador.
5. La región y comuna que se considera para el indicador corresponde a la dada por el último establecimiento derivación/seremi derivación. Si el caso no ha sido derivado, el seguimiento se contabiliza para el establecimiento dado por API FONASA o bien el establecimiento de notificación (igual al indicador 5).

El indicador se obtiene como:

- Numerador: número de casos activos con fecha de notificación en la semana de interés y que tienen seguimiento diario.
- Denominador: total de casos activos con fecha de notificación en la semana de interés.

Para el cálculo del indicador, se consideran los códigos:

- `casos_activos_final_avance.R`: cálculo de casos activos según definición.
- `ind8_casos_activos_nuevo_final.R`: cálculo de la cantidad de seguimientos y seguimientos efectivos que se realizan a cada caso.

## Indicador 10

### Observación:

1. Desde la base de seguimiento, se consideran todos los registros de contactos que se encuentren egresados de seguimiento (`suspendido==egresado`), fecha fin de cuarentena se encuentra en la semana de interés TTA, no se notificó como caso (esto es, no tiene registro en `folio_se_convierte_en_caso`) y su fecha de cumple requisitos es menor igual a la fecha fin cuarentena.
2. Como una persona es contacto de más de un caso índice, se consideran las siguientes fechas:
  - inicio de seguimiento: primera fecha cumple requisitos entre todos los folios de contactos asignados.
  - fecha fin aislamiento: última fecha fin cuarentena entre todos los folios de contactos asignados.
3. Se considera que se cumple el indicador si el contacto tiene al menos dos actividades de seguimiento en su período de cuarentena. Para este indicador, se considera que tenga cualquier tipo de actividad de seguimiento (exitosa o no; `contacto_localizado==t` o `contacto_localizado==f`). Si la cantidad de días de aislamiento de una persona es a lo más 7 días, cumple el indicador si tiene al menos una actividad de seguimiento.
4. La región y comuna que se considera para el indicador corresponde a la dada por el último establecimiento derivación/seremi derivación. Si el caso no ha sido derivado, el seguimiento se contabiliza para el establecimiento dado por API FONASA o bien el establecimiento de notificación (igual al indicador 7).

El indicador se obtiene como:

- Numerador: número de contactos que terminaron período de aislamiento en la semana, que tienen al menos 2 actividades de seguimiento.
- Denominador: número de contactos que terminaron período de aislamiento en la semana.

El cálculo del indicador se realiza en el archivo `ind10_contactos_fin_cuarentena.R`