

# Package ‘covidmx’

October 19, 2022

**Title** Descarga y analiza datos de COVID-19 en México

**Version** 0.7.2

**Description** Herramientas para el análisis de datos de COVID-19 en México. Descarga y analiza los datos para COVID-19 de la Dirección General de Epidemiología de México (DGE) <<https://www.gob.mx/salud/documentos/datos-abiertos-152127>>, la Red de Infecciones Respiratorias Agudas Graves (Red IRAG) <<https://www.gits.igg.unam.mx/red-irag-dashboard/reviewHome>> y la Iniciativa Global para compartir todos los datos de influenza (GISAID) <<https://www.gisaid.org/>>.

English: Downloads and analyzes data of COVID-19 from the Mexican General Directorate of Epidemiology (DGE), the Network of Severe Acute Respiratory Infections (IRAG network), and the Global Initiative on Sharing All Influenza Data GISAID.

**License** MIT + file LICENSE

**Encoding** UTF-8

**Language** es

**RoxygenNote** 7.2.1

**Imports** cli, DBI, dplyr, duckdb (>= 0.4.0), fs, pins (>= 1.0.1), RCurl, readr, readxl, rlang, stats, stringr, tibble, tidyr, tools

**Suggests** covr, cowplot, crayon, dbplyr, EpiEstim, ggformula, ggplot2, ggstream, ggtext (>= 0.1.0), glue, lubridate, MetBrewer, remotes, rmarkdown, rstudioapi, scales, sessioninfo, testthat (>= 3.0.0), tidyverse, usethis

**URL** <https://github.com/RodrigoZepeda/covidmx>,  
<https://rodrigozepeda.github.io/covidmx/>

**BugReports** <https://github.com/RodrigoZepeda/covidmx/issues>

**Depends** R (>= 4.2.0)

**LazyData** true

**Config/testthat/edition** 3

**Config/testthat/parallel** true

**NeedsCompilation** no**Author** Rodrigo Zepeda-Tello [aut, cre](<<https://orcid.org/0000-0003-4471-5270>>),

Mauricio Hernandez-Avila [aut],

Alberto Almuiña [ctb] (Author of included zzz fragment),

Jonah Gabry [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

Rok Češnovar [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

Ben Bales [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

Mitzi Morris [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

Mikhail Popov [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

Mike Lawrence [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

William Michael Landau [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

Jacob Socolar [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

Andrew Johnson [ctb] (Author of included cmdstanr fragment),

Instituto Mexicano del Seguro Social [cph, fnd]

**Maintainer** Rodrigo Zepeda-Tello <rzepeda17@gmail.com>**Repository** CRAN**Date/Publication** 2022-10-19 10:35:11 UTC**R topics documented:**

casos . . . . .	2
cfr . . . . .	8
check_sites . . . . .	12
chr . . . . .	12
datosabiertos . . . . .	16
descarga_datos_abiertos . . . . .	17
descarga_datos_red_irag . . . . .	22
descarga_datos_variantes_GISAID . . . . .	24
descarga_db . . . . .	26
estima_rt . . . . .	32
numero_pruebas . . . . .	35
plot_covid . . . . .	39
positividad . . . . .	41
read_datos_abiertos . . . . .	45
read_datos_abiertos_zip . . . . .	47
update_covidmx . . . . .	52

<b>Index</b>	<b>54</b>
--------------	-----------

---

casos	<i>Casos de COVID-19 en Mexico</i>
-------	------------------------------------

---

**Description**

casos Calcula el numero de casos registrados por fecha agrupando (o sin hacerlo) por diferentes covariables. Por default calcula el total de casos (con y sin prueba positiva)

**Usage**

```

casos(
  datos_covid,
  entidades = c("AGUASCALIENTES", "BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR", "CAMPECHE",
    "CHIAPAS", "CHIHUAHUA", "CIUDAD DE MÉXICO", "COAHUILA DE ZARAGOZA", "COLIMA",
    "DURANGO", "GUANAJUATO", "GUERRERO", "HIDALGO", "JALISCO", "MÉXICO",
    "MICHOCÁN DE OCAMPO", "MORELOS", "NAYARIT", "NUEVO LEÓN", "OAXACA", "PUEBLA",
    "QUERÉTARO", "QUINTANA ROO", "SAN LUIS POTOSÍ", "SINALOA", "SONORA", "TABASCO",
    "TAMAULIPAS", "TLAXCALA", "VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLAVE", "YUCATÁN", "ZACATECAS"),
  group_by_entidad = TRUE,
  entidad_tipo = c("Unidad Medica", "Residencia", "Nacimiento"),
  fecha_tipo = c("Síntomas", "Ingreso", "Defunción"),
  tipo_clasificacion = c("Sospechosos", "Confirmados COVID", "Negativo a COVID",
    "Inválido", "No realizado"),
  group_by_tipo_clasificacion = FALSE,
  tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO", "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_paciente = FALSE,
  tipo_uci = c("SI", "NO", "NO APLICA", "SE IGNORA", "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_uci = FALSE,
  tipo_sector = c("CRUZ ROJA", "DIF", "ESTATAL", "IMSS", "IMSS-BIENESTAR", "ISSSTE",
    "MUNICIPAL", "PEMEX", "PRIVADA", "SEDENA", "SEMAR", "SSA", "UNIVERSITARIO",
    "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_sector = FALSE,
  defunciones = FALSE,
  edad_cut = NULL,
  as_tibble = TRUE,
  fill_zeros = as_tibble,
  list_name = "casos",
  .grouping_vars = c()
)

```

**Arguments**

**datos\_covid** (**obligatorio**) Lista de tibbles o duckdbs resultante de [descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) o [read\\_datos\\_abiertos\(\)](#)

**entidades** (**opcional**) Vector con las entidades de las unidades medicas a analizar. Opciones: AGUASCALIENTES, BAJA CALIFORNIA, BAJA CALIFORNIA SUR, CAMPECHE, CHIAPAS, CHIHUAHUA, CIUDAD DE MEXICO, COAHUILA DE ZARAGOZA, COLIMA, DURANGO, GUANAJUATO, GUERRERO, HIDALGO, JALISCO, MEXICO, MICHOCAN DE OCAMPO, MORELOS, NAYARIT, NUEVO LEON, OAXACA, PUEBLA, QUERETARO, QUINTANA ROO, SAN LUIS POTOSI, SINALOA, SONORA, TABASCO, TAMAULIPAS, TLAXCALA, VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLAVE, YUCATAN, ZACATECAS.

**group\_by\_entidad** (**opcional**) TRUE obtiene los casos para cada entidad reportando en cada fecha la entidad y los casos en dicha entidad. FALSE junta las entidades sumando sus casos en una sola observacion por cada fecha.

**entidad\_tipo** (**opcional**) Indica a que se refiere las entidades seleccionadas. Elige una de las

	opciones: Unidad Medica (entidad de la unidad medica), Nacimiento (entidad de origen del individuo) o Residencia (entidad donde reside el individuo).
fecha_tipo	<b>(opcional)</b> Selecciona si la fecha que se utiliza es la fecha de Ingreso (si aplica), la fecha de Sintomas o la de Defuncion (si aplica). El default es fecha de Sintomas.
tipo_clasificacion	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de clasificaciones (por la prueba) a incluir: Sospechosos, Confirmados COVID Negativo a COVID, Inválido, No realizado
group_by_tipo_clasificacion	<b>(opcional)</b> Booleana determinando si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_clasificacion (es decir cada fecha se generan tantas observaciones como grupos de tipo de clasificación) en caso TRUE. Si FALSE suma todos los casos del tipo de clasificacion por fecha dando un solo numero por fecha. El default es FALSE.
tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de pacientes a incluir. Opciones: AMBULATORIO, HOSPITALIZADO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Booleana determinando (caso TRUE) si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_paciente (es decir cada fecha se genera un renglon para AMBULATORIO, un renglon para HOSPITALIZADO, etc) o bien si se suman todos los grupos y cada fecha reporta solo la suma de estos (estilo AMBULATORIO + HOSPITALIZADO segun las categorias de tipo_paciente) El default es FALSE.
tipo_uci	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de valores para Unidad de Cuidado Intensivo (UCI) a incluir: SI, NO, NO APLICA, SE IGNORA, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_uci	<b>(opcional)</b> Booleana. El caso TRUE determina si regresa la base con cada fecha teniendo diferentes renglones uno para cada tipo_uci (es decir cada fecha se generan tantas observaciones como grupos de tipo de UCI) o bien en una sola fecha se suman todos los tipos de UCI (FALSE). El default es FALSE.
tipo_sector	<b>(opcional)</b> Vector con los sectores del sistema de salud a incluir: CRUZ ROJA, DIF, ESTATAL, IMSS, IMSS-BIENESTAR MUNICIPAL, PEMEX, PRIVADA, SEDENA, SEMAR, SSA, UNIVERSITARIO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_sector	<b>(opcional)</b> Booleana determina en el caso de TRUE si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_sector (es decir cada fecha tiene una entrada con los del IMSS, una entrada distinta con los de ISSSTE, etc) o bien en caso de FALSE se devuelve una sola entrada por fecha con la suma IMSS + ISSSTE + etc segun los sectores seleccionados. El default es FALSE.
defunciones	<b>(opcional)</b> Booleana si incluir sólo defunciones TRUE o a todos FALSE. El default es FALSE.
edad_cut	<b>(opcional)</b> Vector con secuencia de edades para hacer grupos. Por ejemplo edad_cut = c(0, 10, Inf) arma dos grupos de edad de 0 a 10 y de 10 a infinito o bien edad_cut = c(15, 20) deja sólo los registros entre 15 y 20 años. Por default es NULL y no arma grupos etarios.

<code>as_tibble</code>	<b>(opcional)</b> Regresar como tibble el resultado. En caso de que <code>as_tibble</code> sea FALSE se devuelve como conexion en duckdb. Se recomienda el default (tibble).
<code>fill_zeros</code>	<b>(opcional)</b> En caso de que el resultado sea un tibble regresa observaciones para todas las combinaciones de variables incluyendo como 0 aquellas fechas cuando no se observaron casos. En caso contrario no se incluyen las filas donde no se observaron casos.
<code>list_name</code>	<b>(opcional)</b> Asigna un nombre en la lista de datos a la base generada
<code>.grouping_vars</code>	<b>(opcional)</b> Vector de variables adicionales de agrupacion de los conteos. Por ejemplo si se agrega <code>.grouping_vars = 'DIABETES'</code> entonces para cada fecha habra dos conteos de casos uno de los que tienen diabetes y uno de los que no.

## Details

La función es un grupo de funciones de dplyr optimizadas para velocidad. Por ejemplo calcular los casos por entidad se hace lo siguiente

```
datos_covid |> casos()
```

es lo mismo que:

```
library(dplyr)
datos_covid$casos <- datos_covid$datos |>
  group_by(ENTIDAD_UM, FECHA_SINTOMAS) |>
  tally() |>
  left_join(datos_covid$dict$ENTIDAD_UM, by = c("ENTIDAD_UM" = "CLAVE_ENTIDAD"))
```

Elaboraciones mas complicadas en casos tienen su equivalente en dplyr por ejemplo:

```
datos_covid <- datos_covid |>
  casos(
    entidad_tipo = "Residencia",
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR"),
    group_by_tipo_clasificacion = FALSE,
    tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO"),
    group_by_tipo_paciente = TRUE,
    list_name = "bajas"
  )
```

es equivalente a

```
datos_covid$bajas <- datos_covid$datos |>
  filter(ENTIDAD_RES == "02" | ENTIDAD_RES == "03") |> #BC/BCS
  filter(TIPO_PACIENTE == 1 | TIPO_PACIENTE == 2) |> #Ambulatorio/Hospitalizado
  group_by(FECHA_SINTOMAS, ENTIDAD_RES, TIPO_PACIENTE) |>
  tally() |>
  left_join(datos_covid$dict$ENTIDAD_RES, by = c("ENTIDAD_RES" = "CLAVE_ENTIDAD")) |>
  left_join(datos_covid$dict$PACIENTE, by = c("TIPO_PACIENTE" = "CLAVE"))
```

**Value**

Une a la lista de datos\_covid una nueva entrada de nombre list\_name (default: casos) con una base de datos (tibble o dbConnection) con los resultados agregados.

- casos - Base de datos generara con los datos agregados (el nombre cambia si se usa list\_name).
- dict - Diccionario de datos
- dats - Datos originales (conexion a duckdb o tibble)
- disconnect - Función para desconectarte de duckdb
- ... - Cualquier otro elemento que ya existiera en datos\_covid

**See Also**

[descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [numero\\_pruebas\(\)](#) [cfr\(\)](#) [chr\(\)](#) [estima\\_rt\(\)](#) [positividad\(\)](#)

**Examples**

```
# Para el ejemplo usaremos los datos precargados (datosabiertos) pero tu puedes
# correr el ejemplo descargando informacion mas reciente:
datos_covid <- datosabiertos

# Casos por entidad
datos_covid <- datos_covid |> casos()
head(datos_covid$casos)

# Defunciones por entidad
datos_covid <- datos_covid |> casos(defunciones = TRUE, list_name = "defunciones")
head(datos_covid$defunciones)

# Hospitalizados por entidad
datos_covid <- datos_covid |>
  casos(tipo_paciente = "HOSPITALIZADO", list_name = "hospitalizados")
head(datos_covid$hospitalizados)

# UCI por entidad

datos_covid <- datos_covid |> casos(tipo_uci = "SI", list_name = "uci")
head(datos_covid$uci)

# Solo pacientes IMSS
datos_covid <- datos_covid |> casos(tipo_sector = "IMSS", list_name = "imss")
head(datos_covid$imss)

# Pacientes IMSS y PEMEX separados
datos_covid <- datos_covid |> casos(tipo_sector = c("IMSS", "PEMEX"), list_name = "imss_y_pemex")
head(datos_covid$imss_y_pemex)

# Pacientes IMSS y PEMEX sumados
datos_covid <- datos_covid |>
  casos(
```

```

    tipo_sector = c("IMSS", "PEMEX"), list_name = "imss+_pemex",
    group_by_tipo_sector = TRUE
  )
head(datos_covid$`imss+_pemex`)

# Solo los de BAJA CALIFORNIA
datos_covid <- datos_covid |>
  casos(entidades = c("BAJA CALIFORNIA"), list_name = "BC")
head(datos_covid$BC)

# Solo los de BAJA CALIFORNIA por residencia
datos_covid <- datos_covid |>
  casos(entidades = c("BAJA CALIFORNIA"), entidad_tipo = "Residencia", list_name = "residencia")
head(datos_covid$residencia)

# Agrupando casos por tipo de clasificacion
datos_covid <- datos_covid |>
  casos(
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR"),
    group_by_tipo_clasificacion = TRUE,
    list_name = "BC_BCS"
  )
head(datos_covid$BC_BCS)

# Regresa la suma de los de BC + BCS por tipo de paciente
datos_covid <- datos_covid |>
  casos(
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR"),
    group_by_tipo_clasificacion = FALSE,
    tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO"),
    group_by_tipo_paciente = TRUE,
    list_name = "BC+_BCS"
  )
head(datos_covid$`BC+_BCS`)

# Si deseas agrupar por una variable que no este en las opciones
datos_covid <- datos_covid |>
  casos(
    group_by_entidad = FALSE,
    tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO"),
    group_by_tipo_paciente = TRUE,
    list_name = "sexo",
    .grouping_vars = c("SEXO")
  )
head(datos_covid$sexo)

# Si no recuerdas la codificacion de los sexos puedes usar el diccionario:
datos_covid$sexo <- datos_covid$sexo |>
  dplyr::left_join(datos_covid$dict$SEXO, by = c("SEXO" = "CLAVE"))
head(datos_covid$sexo)

# Si no recuerdas todas las variables de la base puedes usar glimpse para ver por
# que otras variables puedes clasificar

```

```
datos_covid$dats |> dplyr::glimpse()

# Una vez hayas concluido tu trabajo no olvides desconectar
datos_covid$disconnect()
```

---

cfr *Case Fatality Rate (CFR)*

---

### Description

Calcula la proporción de enfermos que fallecen sobre todos los enfermos confirmados en distintas categorías (residencia / edad / etc)

### Usage

```
cfr(
  datos_covid,
  entidades = c("AGUASCALIENTES", "BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR", "CAMPECHE",
    "CHIAPAS", "CHIHUAHUA", "CIUDAD DE MÉXICO", "COAHUILA DE ZARAGOZA", "COLIMA",
    "DURANGO", "GUANAJUATO", "GUERRERO", "HIDALGO", "JALISCO", "MÉXICO",
    "MICHOACÁN DE OCAMPO", "MORELOS", "NAYARIT", "NUEVO LEÓN", "OAXACA", "PUEBLA",
    "QUERÉTARO", "QUINTANA ROO", "SAN LUIS POTOSÍ", "SINALOA", "SONORA", "TABASCO",
    "TAMAULIPAS", "TLAXCALA", "VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLAVE", "YUCATÁN", "ZACATECAS"),
  group_by_entidad = TRUE,
  entidad_tipo = c("Unidad Medica", "Residencia", "Nacimiento"),
  fecha_tipo = c("Síntomas", "Ingreso", "Defunción"),
  tipo_uci = c("SI", "NO", "NO APLICA", "SE IGNORA", "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_uci = FALSE,
  tipo_clasificacion = c("Confirmados COVID"),
  group_by_tipo_clasificacion = FALSE,
  tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO", "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_paciente = FALSE,
  tipo_sector = c("CRUZ ROJA", "DIF", "ESTATAL", "IMSS", "IMSS-BIENESTAR", "ISSSTE",
    "MUNICIPAL", "PEMEX", "PRIVADA", "SEDENA", "SEMAR", "SSA", "UNIVERSITARIO",
    "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_sector = FALSE,
  edad_cut = NULL,
  fill_NA = TRUE,
  list_name = "case fatality rate",
  .grouping_vars = c()
)
```

### Arguments

`datos_covid` **(obligatorio)** Lista de tibbles o duckdbs resultante de [descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) o [read\\_datos\\_abiertos\(\)](#)

entidades	<b>(opcional)</b> Vector con las entidades de las unidades medicas a analizar. Opciones: AGUASCALIENTES, BAJA CALIFORNIA, BAJA CALIFORNIA SUR, CAMPECHE, CHIAPAS, CHIHUAHUA, CIUDAD DE MEXICO, COAHUILA DE ZARAGOZA , COLIMA, DURANGO, GUANAJUATO, GUERRERO, HIDALGO, JALISCO, MEXICO, MICHOACAN DE OCAMPO, MORELOS, NAYARIT NUEVO LEON, OAXACA , PUEBLA, QUERETARO, QUINTANA ROO, SAN LUIS POTOSI, SINALOA, SONORA, TABASCO, TAMAULIPAS, TLAXCALA, VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LL YUCATAN, ZACATECAS.
group_by_entidad	<b>(opcional)</b> TRUE obtiene los casos para cada entidad reportando en cada fecha la entidad y los casos en dicha entidad. FALSE junta las entidades sumando sus casos en una sola observacion por cada fecha.
entidad_tipo	<b>(opcional)</b> Indica a que se refiere las entidades seleccionadas. Elige una de las opciones: Unidad Medica (entidad de la unidad medica), Nacimiento (entidad de origen del individuo) o Residencia (entidad donde reside el individuo).
fecha_tipo	<b>(opcional)</b> Selecciona si la fecha que se utiliza es la fecha de Ingreso (si aplica), la fecha de Sintomas o la de Defuncion (si aplica). El default es fecha de Sintomas.
tipo_uci	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de valores para Unidad de Cuidado Intensivo (UCI) a incluir: SI, NO, NO APLICA, SE IGNORA, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_uci	<b>(opcional)</b> Booleana. El caso TRUE determina si regresa la base con cada fecha teniendo diferentes renglones uno para cada tipo_uci (es decir cada fecha se generan tantas observaciones como grupos de tipo de UCI) o bien en una sola fecha se suman todos los tipos de UCI (FALSE). El default es FALSE.
tipo_clasificacion	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de clasificaciones (por la prueba) a incluir: Sospechosos, Confirmados COVID Negativo a COVID, Inválido, No realizado
group_by_tipo_clasificacion	<b>(opcional)</b> Booleana determinando si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_clasificacion (es decir cada fecha se generan tantas observaciones como grupos de tipo de clasificación) en caso TRUE. Si FALSE suma todos los casos del tipo de clasificacion por fecha dando un solo numero por fecha. El default es FALSE.
tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de pacientes a incluir. Opciones: AMBULATORIO, HOSPITALIZADO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Booleana determinando (caso TRUE) si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_paciente (es decir cada fecha se genera un renglon para AMBULATORIO, un renglon para HOSPITALIZADO, etc) o bien si se suman todos los grupos y cada fecha reporta solo la suma de estos (estilo AMBULATORIO + HOSPITALIZADO segun las categorias de tipo_paciente) El default es FALSE.
tipo_sector	<b>(opcional)</b> Vector con los sectores del sistema de salud a incluir: CRUZ ROJA, DIF, ESTATAL, IMSS, IMSS-BIEMUNICIPAL, PEMEX, PRIVADA, SEDENA, SEMAR, SSA, UNIVERSITARIO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.

<code>group_by_tipo_sector</code>	<b>(opcional)</b> Booleana determina en el caso de TRUE si regresa la base con cada entrada agrupada por <code>tipo_sector</code> (es decir cada fecha tiene una entrada con los del IMSS, una entrada distinta con los de ISSSTE, etc) o bien en caso de FALSE se devuelve una sola entrada por fecha con la suma IMSS + ISSSTE + etc segun los sectores seleccionados. El default es FALSE.
<code>edad_cut</code>	<b>(opcional)</b> Vector con secuencia de edades para hacer grupos. Por ejemplo <code>edad_cut = c(0, 10, Inf)</code> arma dos grupos de edad de 0 a 10 y de 10 a infinito o bien <code>edad_cut = c(15, 20)</code> deja sólo los registros entre 15 y 20 años. Por default es NULL y no arma grupos etarios.
<code>fill_NA</code>	<b>(opcional)</b> Regresa observaciones para todas las combinaciones de variables incluyendo como NA donde no se observaron casos en el denominador. En caso contrario no se incluyen las filas donde no se observaron casos.
<code>list_name</code>	<b>(opcional)</b> Asigna un nombre en la lista de datos a la base generada
<code>.grouping_vars</code>	<b>(opcional)</b> Vector de variables adicionales de agrupacion de los conteos. Por ejemplo si se agrega <code>.grouping_vars = 'DIABETES'</code> entonces para cada fecha habra dos conteos de casos uno de los que tienen diabetes y uno de los que no.

## Details

El case fatality rate se define como

$$\frac{\#Defunciones}{Totaldeenfermos}$$

Si se utiliza la opción `tipo_clasificacion` se puede cambiar la definicion de enfermo (por default se incluyen solamente "Confirmados COVID").

## Value

Une a la lista de datos `datos_covid` una nueva entrada de nombre `list_name` (default: case fatality rate) con una base de datos (tibble o duckdb) con los resultados agregados.

- `case fatality rate` - Base de datos generara con los datos agregados (el nombre cambia si se usa `list_name`).
- `dict` - Diccionario de datos
- `datos` - Datos originales (conexion a duckdb o tibble)
- `disconnect` - Función para desconectarte de duckdb
- ... - Cualquier otro elemento que ya existiera en `datos_covid`

## See Also

[descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [numero\\_pruebas\(\)](#) [chr\(\)](#) [estima\\_rt\(\)](#) [positividad\(\)](#) [casos\(\)](#)

## Examples

```

# Para el ejemplo usaremos los datos precargados (datosabiertos) pero tu puedes
# correr el ejemplo descargando informacion mas reciente.
datos_covid <- datosabiertos

# Casos a nivel nacional por entidad
datos_covid <- datos_covid |> cfr()
head(datos_covid$`case fatality rate`)

# Agregando todos los estados
datos_covid <- datos_covid |>
  cfr(list_name = "cfr_nacional", group_by_entidad = FALSE)
head(datos_covid$cfr_nacional`)

# CFR en Baja California
datos_covid <- datos_covid |>
  cfr(entidades = c("BAJA CALIFORNIA"), list_name = "cfr_bc")
head(datos_covid$cfr_bc`)

# Calcula el CFR suponiendo toda la base son confirmados
datos_covid <- datos_covid |>
  cfr(
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR"),
    tipo_clasificacion = c(
      "Sospechosos", "Confirmados COVID",
      "Negativo a COVID", "Inv\u00e9lido", "No realizado"
    ),
    group_by_tipo_clasificacion = TRUE, list_name = "bc_bcs_cfr"
  )
head(datos_covid$bc_bcs_cfr`) # Los NA es porque no habia observaciones en el denominador

# Distinguiendo entre ambulatorio y hospitalizado
datos_covid <- datos_covid |>
  cfr(
    tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO"),
    group_by_tipo_paciente = TRUE,
    list_name = "cfr_paciente"
  )
head(datos_covid$cfr_paciente)

# CFR en distintos grupos de edad (0 a 20, 20 a 60 y 60+)
datos_covid <- datos_covid |>
  cfr(edad_cut = c(0, 20, 60, Inf), list_name = "cfr_edad")
head(datos_covid$cfr_edad)

# Si deseas agrupar por una variable que no este en las opciones
datos_covid <- datos_covid |>
  cfr(.grouping_vars = c("DIABETES"), list_name = "cfr_diab")
head(datos_covid$cfr_diab)

# Finalmente desconectamos

```

```
datos_covid$disconnect()
```

---

check_sites	<i>Funcion para verificar la existencia de los sitios web de datos de covid</i>
-------------	---

---

### Description

La funcion recorre cada uno de los sitios y verifica su existencia.

### Usage

```
check_sites(covid_data = TRUE, dictionary = TRUE)
```

### Arguments

covid_data	<b>(opcional)</b> Variable booleana TRUE si verifica los sitios de datos y FALSE si no los verifica
dictionary	<b>(opcional)</b> Variable booleana TRUE si verifica los sitios del diccionario y FALSE si no lo verifica

### Value

Devuelve TRUE si todos los sitios web existen, FALSE en caso de que no.

### Examples

```
# Verificamos que existan los sitios cambiando a TRUE cualquiera:  
check_sites(covid_data = FALSE, dictionary = FALSE)
```

---

chr	<i>Case Hospitalization Rate (CHR)</i>
-----	--

---

### Description

chr Calcula la proporción de enfermos que resultan hospitalizados sobre todos los enfermos confirmados en distintas categorías (residencia / edad / etc)

**Usage**

```
chr(
  datos_covid,
  entidades = c("AGUASCALIENTES", "BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR", "CAMPECHE",
    "CHIAPAS", "CHIHUAHUA", "CIUDAD DE MÉXICO", "COAHUILA DE ZARAGOZA", "COLIMA",
    "DURANGO", "GUANAJUATO", "GUERRERO", "HIDALGO", "JALISCO", "MÉXICO",
    "MICHOACÁN DE OCAMPO", "MORELOS", "NAYARIT", "NUEVO LEÓN", "OAXACA", "PUEBLA",
    "QUERÉTARO", "QUINTANA ROO", "SAN LUIS POTOSÍ", "SINALOA", "SONORA", "TABASCO",
    "TAMAULIPAS", "TLAXCALA", "VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLAVE", "YUCATÁN", "ZACATECAS"),
  group_by_entidad = TRUE,
  entidad_tipo = c("Unidad Medica", "Residencia", "Nacimiento"),
  fecha_tipo = c("Sintomas", "Ingreso", "Defuncion"),
  tipo_clasificacion = c("Confirmados COVID"),
  group_by_tipo_clasificacion = FALSE,
  incluir_paciente_no_especificado = FALSE,
  tipo_sector = c("CRUZ ROJA", "DIF", "ESTATAL", "IMSS", "IMSS-BIENESTAR", "ISSSTE",
    "MUNICIPAL", "PEMEX", "PRIVADA", "SEDENA", "SEMAR", "SSA", "UNIVERSITARIO",
    "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_sector = FALSE,
  defunciones = FALSE,
  edad_cut = NULL,
  fill_NA = TRUE,
  list_name = "case hospitalization rate",
  .grouping_vars = c()
)
```

**Arguments**

datos_covid	<b>(obligatorio)</b> Lista de tibbles o duckdbs resultante de <a href="#">descarga_datos_abiertos()</a> o <a href="#">read_datos_abiertos()</a>
entidades	<b>(opcional)</b> Vector con las entidades de las unidades medicas a analizar. Opciones: AGUASCALIENTES, BAJA CALIFORNIA, BAJA CALIFORNIA SUR, CAMPECHE, CHIAPAS, CHIHUAHUA, CIUDAD DE MEXICO, COAHUILA DE ZARAGOZA , COLIMA, DURANGO, GUANAJUATO, GUERRERO, HIDALGO, JALISCO, MEXICO, MICHOACAN DE OCAMPO, MORELOS, NAYARIT, NUEVO LEON, OAXACA , PUEBLA, QUERETARO, QUINTANA ROO, SAN LUIS POTOSI, SINALOA, SONORA, TABASCO, TAMAULIPAS, TLAXCALA, VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLAVE, YUCATAN, ZACATECAS.
group_by_entidad	<b>(opcional)</b> TRUE obtiene los casos para cada entidad reportando en cada fecha la entidad y los casos en dicha entidad. FALSE junta las entidades sumando sus casos en una sola observacion por cada fecha.
entidad_tipo	<b>(opcional)</b> Indica a que se refiere las entidades seleccionadas. Elige una de las opciones: Unidad Medica (entidad de la unidad medica), Nacimiento (entidad de origen del individuo) o Residencia (entidad donde reside el individuo).
fecha_tipo	<b>(opcional)</b> Selecciona si la fecha que se utiliza es la fecha de Ingreso (si aplica), la fecha de Sintomas o la de Defuncion (si aplica). El default es fecha de Sintomas.

tipo_clasificacion	( <b>opcional</b> ) Vector con el tipo de clasificaciones (por la prueba) a incluir: Sospechosos, Confirmados COVID Negativo a COVID, Inválido, No realizado
group_by_tipo_clasificacion	( <b>opcional</b> ) Booleana determinando si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_clasificacion (es decir cada fecha se generan tantas observaciones como grupos de tipo de clasificación) en caso TRUE. Si FALSE suma todos los casos del tipo de clasificacion por fecha dando un solo numero por fecha. El default es FALSE.
incluir_paciente_no_especificado	( <b>opcional</b> ) Si en el denominador se incluyen los pacientes cuyo tipo es NO ESPECIFICADO. Por default es FALSE por lo que sólo se incluyen AMBULATORIO, HOSPITALIZADO.
tipo_sector	( <b>opcional</b> ) Vector con los sectores del sistema de salud a incluir: CRUZ ROJA, DIF, ESTATAL, IMSS, IMSS-BIEN MUNICIPAL, PEMEX, PRIVADA, SEDENA, SEMAR, SSA, UNIVERSITARIO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_sector	( <b>opcional</b> ) Booleana determina en el caso de TRUE si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_sector (es decir cada fecha tiene una entrada con los del IMSS, una entrada distinta con los de ISSSTE, etc) o bien en caso de FALSE se devuelve una sola entrada por fecha con la suma IMSS + ISSSTE + etc segun los sectores seleccionados. El default es FALSE.
defunciones	( <b>opcional</b> ) Booleana si incluir sólo defunciones TRUE o a todos FALSE. El default es FALSE.
edad_cut	( <b>opcional</b> ) Vector con secuencia de edades para hacer grupos. Por ejemplo edad_cut = c(0, 10, Inf) arma dos grupos de edad de 0 a 10 y de 10 a infinito o bien edad_cut = c(15, 20) deja sólo los registros entre 15 y 20 años. Por default es NULL y no arma grupos etarios.
fill_NA	( <b>opcional</b> ) Regresa observaciones para todas las combinaciones de variables incluyendo como NA donde no se observaron casos en el denominador. En caso contrario no se incluyen las filas donde no se observaron casos.
list_name	( <b>opcional</b> ) Asigna un nombre en la lista de datos a la base generada
.grouping_vars	( <b>opcional</b> ) Vector de variables adicionales de agrupacion de los conteos. Por ejemplo si se agrega .grouping_vars = 'DIABETES' entonces para cada fecha habra dos conteos de casos uno de los que tienen diabetes y uno de los que no.

## Details

El case hospitalization rate se define como

$$\frac{\#Hospitalizados}{Total\ de\ enfermos}$$

Si se utiliza la opción incluir\_paciente\_no\_especificado se puede cambiar la definicion de **Total de enfermos** para incluir a los pacientes que dicen NO ESPECIFICADO. Estos por default se excluyen justo por su naturaleza desconocida.

**Value**

Une a la lista de datos\_covid una nueva entrada de nombre list\_name (default: case hospitalization rate) con una base de datos (tibble o duckdb) con los resultados agregados.

- case hospitalization rate - Base de datos generara con los datos agregados (el nombre cambia si se usa list\_name).
- dict - Diccionario de datos
- dats - Datos originales (conexion a duckdb o tibble)
- disconnect - Función para desconectarte de duckdb
- ... - Cualquier otro elemento que ya existiera en datos\_covid

**See Also**

[descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [numero\\_pruebas\(\)](#) [cfr\(\)](#) [estima\\_rt\(\)](#) [positividad\(\)](#) [casos\(\)](#)

**Examples**

```
# Para el ejemplo usaremos los datos precargados (datosabiertos) pero tu puedes
# correr el ejemplo descargando informacion mas reciente.
datos_covid <- datosabiertos

# Casos a nivel nacional
datos_covid <- datos_covid |> chr()
head(datos_covid$`case hospitalization rate`)

# Nacional

datos_covid <- datos_covid |> chr(list_name = "chr_nacional", group_by_entidad = FALSE)
head(datos_covid$`chr_nacional`)

# CHR en IMSS e ISSSTE
datos_covid <- datos_covid |>
  chr(tipo_sector = c("IMSS", "ISSSTE"), list_name = "chimss", group_by_tipo_sector = TRUE)
head(datos_covid$`chimss`)

# Calcula el CHR sobre toda la base
datos_covid <- datos_covid |>
  chr(
    tipo_clasificacion = c(
      "Sospechosos", "Confirmados COVID",
      "Negativo a COVID", "Inv\u00e9lido", "No realizado"
    ),
    group_by_tipo_clasificacion = TRUE, list_name = "chr_todos"
  )
head(datos_covid$`chr_todos`)

# Distinguiendo sólo entre defunciones
datos_covid <- datos_covid |>
  chr(defunciones = TRUE, list_name = "chr_defun")
```

```
head(datos_covid$`chr_defun`)  
  
# Si deseas agrupar por una variable que no este en las opciones  
datos_covid <- datos_covid |>  
  chr(.grouping_vars = c("DIABETES"), list_name = "chr_diab")  
head(datos_covid$chr_diab)  
  
# Finalmente desconectamos  
datos_covid$disconnect()
```

---

datosabiertos

*Datos abiertos de COVID-19*

---

### Description

Base de datos que contiene una extraccion pequena de la base de datos abiertos que se obtiene mediante `descarga_datos_abiertos`.

### Usage

`datosabiertos`

### Format

Una lista con tres objetos

**data** Base de datos de la DGE actualizada el 8 septiembre 2022 filtrada a BC, BCS en julio y agosto del 2022

**dict** Diccionario de datos

**disconnect** Funcion que simula desconexion de duckdb

### Details

El proposito de esta base es poder probar las funciones que se aplican sobre `datos_covid`. La base contiene solo las entidades de BAJA CALIFORNIA y BAJA CALIFORNIA SUR durante julio y agosto del 2021.

### Source

<https://www.gob.mx/salud/documentos/datos-abiertos-152127>

---

`descarga_datos_abiertos`*Descarga de datos abiertos*

---

**Description**

Funcion para la descarga de datos abiertos de la Direccion General de Epidemiologia (DGE)

**Usage**

```
descarga_datos_abiertos(  
  dbdir = tempfile(fileext = ".duckdb"),  
  sites.covid = get_sites_covid(),  
  site.covid.dic = get_site_dic(),  
  read_format = c("duckdb", "tibble"),  
  drv = duckdb::duckdb(),  
  pragma_memory_limit = Sys.getenv("pragma_memory_limit"),  
  tblname = "covidmx",  
  colClasses = get_col_class(),  
  download_process = c("pins", "download.file"),  
  unzip_command = Sys.getenv("unzip_command"),  
  unzip_args = Sys.getenv("unzip_args"),  
  unzip_args_dict = list(exdir = ".", overwrite = TRUE),  
  check_unzip_install = TRUE,  
  clear_zip = (download_process[1] != "pins"),  
  clear_csv = TRUE,  
  use_dict = TRUE,  
  datos_abiertos_zip_paths = NULL,  
  datos_abiertos_unzipped_path = NULL,  
  datos_abiertos_tbl = NULL,  
  diccionario_zip_path = NULL,  
  diccionario_unzipped_path = NULL,  
  diccionario = NULL,  
  quiet = FALSE,  
  cache_datos = NULL,  
  use_cache_on_failure = TRUE,  
  cache_diccionario = NULL,  
  force_download = FALSE,  
  show_warnings = TRUE,  
  board_url_name = "datos_abiertos",  
  board_url_name_dict = "diccionario_covid",  
  download_file_args = list(method = "curl", destfile = tempfile(), quiet = quiet),  
  download_file_args_dict = download_file_args,  
  descarga_db_datos_abiertos_tbl_args = list(),  
  descarga_db_diccionario_ssa_args = list(),  
  ...  
)
```

**Arguments**

<code>dbdir</code>	<b>(opcional)</b> Direccion donde guardar la base de datos con terminacion <code>.duckdb</code> . Corresponde al argumento de <code>duckdb::dbConnect__duckdb_driver()</code>
<code>sites.covid</code>	<b>(opcional)</b> Sitios web con el vinculo a los archivos <code>.zip</code> de los datos abiertos. Puedes cambiarlo por uno de los historicos, por ejemplo. La estructura es <code>c("nombre" = "url", "nombre2" = "url2")</code> . La ultima verificacion del sitio web default fue el 6 de septiembre del 2022.
<code>site.covid.dic</code>	<b>(opcional)</b> Sitio desde el cual descarga del diccionario de datos. La ultima verificacion del sitio fue el 6 de septiembre 2022.
<code>read_format</code>	<b>(opcional)</b> <code>"duckdb"</code> o <code>"tibble"</code> establece el formato de lectura de la base de datos. En la mayoría de los casos <code>"tibble"</code> va a resultar en un error de memoria. La opcion de <code>"duckdb"</code> siempre es mas rapida por lo cual es el default.
<code>drv</code>	<b>(opcional)</b> Un driver para <code>dbConnect</code> (default <code>duckdb::duckdb()</code> )
<code>pragma_memory_limit</code>	<b>(opcional)</b> Limite de memoria para el programa (ver <b>PRAGMAS</b> ). Cambialo a que sea mas o menos la mitad de tu RAM. La forma mas sencilla es como una variable ambiental con <code>Sys.setenv('pragma_memory_limit' = '1GB')</code> por ejemplo para un limite de 1 gigabyte.
<code>tblname</code>	<b>(opcional)</b> Nombre de la tabla de <code>duckdb</code> donde guardar los datos por default se llama <code>covidmx</code> . Solo es relevante si estas usando el mismo <code>dbdir</code> para otro proyecto distinto.
<code>colClasses</code>	<b>(opcional)</b> Clases de la columna para leer en <code>duckdb::read_csv_duckdb()</code> .
<code>download_process</code>	<b>(opcional)</b> Metodo para descargar ya sea <code>pins</code> o <code>download.file</code> . Se recomienda <code>pins</code> pues guarda en memoria la fecha de la ultima descarga y analiza si ha pasado mas de un dia desde la descarga. En caso afirmativo verifica si el archivo ha cambiado y si hubo cambios entonces lo descarga.
<code>unzip_command</code>	<b>(opcional)</b> Forma de extraer la base de datos de datos abiertos si <code>unzip</code> falla. La forma de llamarla es con <code>system2(unzip_command, args = c(unzip_args, file_download_data))</code> .
<code>unzip_args</code>	<b>(opcional)</b> Argumentos de extraccion de la base de datos de datos abiertos si <code>unzip</code> falla. La forma de llamarla es con <code>system2(unzip_command, args = c(unzip_args, file_download_data))</code> .
<code>unzip_args_dict</code>	<b>(opcional)</b> Lista de argumentos para usar <code>utils::unzip</code> en el diccionario de datos.
<code>check_unzip_install</code>	<b>(opcional)</b> Bandera de verificacion para checar si tienes lo necesario para <code>unzip</code> los datos en el caso de que <code>unzip</code> no sirva.
<code>clear_zip</code>	<b>(opcional)</b> Si borrar los archivos <code>.zip</code> descargados para el diccionario y los datos abiertos. No se recomienda si estas usando <code>pins</code> . Ve la nota para mas informacion.
<code>clear_csv</code>	<b>(opcional)</b> Si borrar los archivos <code>.csv</code> que se generan despues de abrir el zip. El default es que si pues en general solo requieres el <code>duckdb</code> .

**use\_dict** (opcional) Si descargar el diccionario de `site.covid.dic`.  
**datos\_abiertos\_zip\_paths** (opcional) Camino a los datos abiertos si ya los descargaste en zip  
**datos\_abiertos\_unzipped\_path** (opcional) Camino a los datos abiertos csv si ya los descargaste y descomprimiste el archivo zip en un csv  
**datos\_abiertos\_tbl** (opcional) Camino a un archivo `.duckdb` con los datos formateados  
**diccionario\_zip\_path** (opcional) Camino al diccionario si ya los descargaste en zip  
**diccionario\_unzipped\_path** (opcional) Camino al diccionario csv si ya lo descargaste y descomprimiste el archivo zip en un csv  
**diccionario** (opcional) Lo que resulta de realizar una descarga del diccionario usando `descarga_diccionario`  
**quiet** (opcional) Variable para no mostrar mensajes  
**cache\_datos** (opcional) Direccion donde guardar los datos en memoria usando pins para no tener que volver a descargarlos si nada ha cambiado  
**use\_cache\_on\_failure** (opcional) Booleana. Establece que si no se pueden descargar datos nuevos utilice los que tenga en memoria. Por default es TRUE.  
**cache\_diccionario** (opcional) Direccion donde guardar el diccionario en memoria usando pins para no tener que volver a descargarlo si nada ha cambiado  
**force\_download** (opcional) Analiza si cambio el pin y descarga datos nuevos en caso afirmativo aunque haya pasado menos de un dia.  
**show\_warnings** (opcional) si arrojar warnings  
**board\_url\_name** (opcional) Establece el nombre del pins:`:board_url` para los datos abiertos (si ya usas pins para que no se empalme). Por default se llama `datos_abiertos`  
**board\_url\_name\_dict** (opcional) Establece el nombre del pins:`:board_url` para los datos abiertos. Por default se llama `diccionario_covid`  
**download\_file\_args** (opcional) Lista de argumentos adicionales para `download.file` de los datos si se elige este metodo para descargar.  
**download\_file\_args\_dict** (opcional) Lista de argumentos adicionales para `download.file` del diccionario si se elige este metodo de descarga.  
**descarga\_db\_datos\_abiertos\_tbl\_args** (opcional) Lista con argumentos adicionales para el pins:`:pin_download` de datos abiertos  
**descarga\_db\_diccionario\_ssa\_args** (opcional) Lista con argumentos adicionales para el pins:`:pin_download` de datos abiertos  
**...** (opcional) Parametros adicionales para `DBI::dbConnect`.

## Details

La funcion de descarga principal es `descarga_datos_abiertos()` llama las siguientes funciones en orden:

- `descarga_diccionario()` Se encarga de descargar y formatear el diccionario de datos
- `descarga_db()` Se encarga de descargar y formatear la base de datos
- `pega_db_datos_abiertos_tbl_y_diccionario()` Pega ambos en el formato lista de covidmx

A su vez `descarga_diccionario()` ejecuta las siguientes para obtener el diccionario de datos:

- `descarga_db_diccionario_ssa()` Descarga el diccionario de la DGE
- `unzip_db_diccionario_ssa()` Libera el archivo zip descargado
- `parse_db_diccionario_ssa()` Genera una lista de tibbles con el diccionario por variable

Por otro lado, `descarga_db()` ejecuta las siguientes para obtener los datos abiertos:

- `descarga_db_datos_abiertos_tbl()` Descarga las bases de datos de covid de la DGE
- `unzip_db_datos_abiertos_tbl()` Libera el archivo zip descargado
- `parse_db_datos_abiertos_tbl()` Genera una base de datos en duckdb (o tibble) con la informacion

Si en algun momento se interrumpe la descarga o hubo problemas de conexion o detuviste el proceso de generacion de la base de datos abiertos puedes llamar a las funciones de `read_datos_abiertos()`.

## Value

Lista de valores:

- `data` - Tabla conectada mediante duckdb: `dbConnect__duckdb_driver()` (si duckdb) o tibble (si tibble)
- `disconnect` - Funcion para cerrar la conexion a la base de datos.
- `dict` - Lista de tibbles con el diccionario de datos para cada variable

## Memoria RAM

Si tienes RAM que te sobra puedes no crear una base de datos en duckdb sino leer directo el archivo csv. Esto se logra con `read_format = tibble`. No lo recomiendo pues puedes terminar con tu sesion de R si se te acaba la memoria.

*Windows* Para abrir el archivo .zip quizas requieras tambien descargar e instalar **7Zip** por default el sistema lo busca en `C:\Program Files\7-Zip\7z.exe` pero si no esta ese directorio es necesario que en `unzip_command` especifiques el camino donde se instalo 7z.exe.

### Uso de pins

Para almacenar los datos se utiliza un pequeño cambio sobre la librería pins. Los datos se descargan y se almacenan en cache junto con información sobre cuando fue la descarga. Si no ha pasado un día desde la última descarga no se descarga nada nuevo. Si los datos que se tienen no han cambiado respecto a lo que está en línea tampoco se vuelven a descargar aunque haya pasado más de un día.

**Si se te fue el Internet** No te preocupes, pins lee tu descarga más reciente.

Para ver donde están descargados tus datos usa `pins::board_cache_path()`. Para borrarlos usa `pins::cache_prune()`.

### Metodos de unzip

Por default el programa intenta abrir la base de datos con `utils::unzip()`. Sin embargo históricamente la base de datos ha estado codificada de tal forma que `utils::unzip()` no pueda abrirla. Para ello se utilizaban diferentes comandos en particular el default que hemos visto funcionaba son los comandos de terminal `unzip` (en Linux/OSX) y `7zip` (en Windows). En caso de ser requeridos el sistema te lo hará saber junto con las instrucciones de instalación

### Note

No te recomiendo borrar el cache con `clear_zip` o editarlo por cualquier otro medio si estás usando pins pues puede romperse la dependencia. Si accidentalmente lo borraste usa `pins::board_cache_path()` para ir al path y borrar manualmente toda la carpeta.

### References

Secretaría de Salud (2022). Datos Abiertos de COVID-19 URL: <https://www.gob.mx/salud/documentos/datos-abiertos-152127>

### See Also

[read\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [descarga\\_datos\\_red\\_irag\(\)](#) [descarga\\_datos\\_variantes\\_GISAID\(\)](#) [casos\(\)](#)

### Examples

```
# Descarga de la base de datos junto con diccionario en duckdb y la guarda en
# un archivo temporal.
# Puede cambiarse el dlink por el adecuado o dejarse en blanco.
# quita la opción de sites.covid para descargar los de la DGE. Esto es sólo un ejemplo.
file_duck <- tempfile(fileext = ".duckdb")
dlink <- "https://github.com/RodrigoZepeda/covidmx/raw/main/datos_abiertos_covid19.zip"
datos_covid <- descarga_datos_abiertos(
  dbdir = file_duck,
  sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE
)

# Luego haces algo con esos datos...
```

```

# Cuando terminas cierras la sesion:
datos_covid$disconnect()

# Despues podras leerlos con read_datos_abiertos cuando quieras:
datos_covid <- read_datos_abiertos(dbdir = file_duck)
datos_covid$disconnect()

# Si no pones `dbdir` nota que los datos se guardan en un archivo temporal que se elimina
# al cerrar tu sesion
datos_covid <- descarga_datos_abiertos(sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE)

# Desconectamos
datos_covid$disconnect()

```

---

```
descarga_datos_red_irag
```

*Descarga la base de datos de ocupacion hospitalaria de la red IRAG*

---

## Description

descarga\_datos\_red\_irag Lee los datos de ocupacion hospitalaria de la RED IRAG disponibles en <https://www.gits.igg.unam.mx/red-irag-dashboard/reviewHome#> y analizados a traves de [RodrigoZepeda/CapacidadHospitalariaMX](#)

## Usage

```

descarga_datos_red_irag(
  nivel = c("Estatal", "Unidad Médica"),
  cache = NULL,
  use_cache_on_failure = TRUE,
  quiet = TRUE,
  force_download = FALSE,
  show_warnings = TRUE,
  ...
)

```

## Arguments

nivel	<b>(opcional)</b> Regresa la ocupacion "Estatal"(default) o por "Unidad Medica"
cache	<b>(opcional)</b> cache para <code>pins::board_url()</code> . Representa el directorio donde se almacenaran los datos descargados en formato de pins.
use_cache_on_failure	<b>(opcional)</b> parametro para <code>pins::board_url()</code> . En caso de TRUE (default) si no puede descargar nueva informacion utiliza la que ya tiene en memoria aunque sea vieja.
quiet	<b>(opcional)</b> booleana para no imprimir mensajes en la consola.

force\_download (**opcional**) analiza si cambio el pin y descarga datos nuevos en caso afirmativo.  
 show\_warnings (**opcional**) si arrojar warnings o callar  
 ... parametros adicionales para `pins::pin_download()`.

### Details

Los datos de Red IRAG son descargados diariamente de manera automatica en Github: [RodrigoZepeda/CapacidadHospitalaria](https://github.com/RodrigoZepeda/CapacidadHospitalaria) y esta funcion los lee de ahi. Puede que esten un poco rezagados respecto a la pagina de la RED IRAG (<https://www.gits.igg.unam.mx/red-irag-dashboard/reviewHome#>) pero el rezago nunca es mayor a un dia.

### Value

tibble con los datos de ocupacion hospitalaria

- Unidad médica - En caso nivel = "Unidad Medica" la unidad a la que pertenecen los datos
- Institución - Institucion a la que pertenece la unidad medica
- Estado - Entidad federativa de la informacion o de la unidad
- CLUES - La Clave Unica de Establecimientos de Salud para la unidad (si nivel = "Unidad Medica")
- Fecha - La fecha a la cual corresponde dicha ocupacion
- Actualizacion - La fecha de actualizacion ultima de los datos.
- Hospitalizados (%) - Porcentaje de ocupacion en camas de hospitalizacion.
- Ventilación (%) - Porcentaje de ocupacion en ventiladores.
- UCI y Ventilación (%) - Porcentaje de ocupacion en unidades de cuidado intensivo con ventilacion.

### References

Secretaría de Salud (2022). Sistema de Información de la Red IRAG URL: <https://www.gits.igg.unam.mx/red-irag-dashboard/reviewHome>

Zepeda-Tello, R. (2022). Descarga Automática de Datos de la Red IRAG URL: <https://github.com/RodrigoZepeda/CapacidadHospitalariaMX>

### See Also

[descarga\\_datos\\_variantes\\_GISAID\(\)](#) [descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [read\\_datos\\_abiertos\(\)](#)

### Examples

```
# Descarga de datos estatales
url_global <- paste0(
  "https://media.githubusercontent.com/media/RodrigoZepeda/",
  "CapacidadHospitalariaMX/master/processed/"
)

if (RCurl::url.exists(paste0(url_global, "HospitalizacionesMX_estatal.csv"))) {
```

```

ocupacion_hospitalaria <- descarga_datos_red_irag("Estatal", show_warnings = FALSE)
}

# También puedes hacer la descarga por unidad medica
# Descarga de datos por unidad medica
if (RCurl::url.exists(paste0(url_global, "HospitalizacionesMX_unidad_medica.csv"))) {
  ocupacion_unidad <- descarga_datos_red_irag("Unidad Medica", show_warnings = FALSE)
}

```

---

descarga\_datos\_variantes\_GISAID

*Lee la base de datos de variantes de COVID-19 en Mexico generada por GISAID*

---

## Description

descarga\_datos\_variantes\_GISAID Lee los datos de variantes del reporte nacional diario en [RodrigoZepeda/VariantesCovid](#) creado a partir de la informacion de la [Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data \(GISAID\)](#)

## Usage

```

descarga_datos_variantes_GISAID(
  nivel = c("nacional", "cdmx"),
  cache = NULL,
  use_cache_on_failure = TRUE,
  quiet = FALSE,
  force_download = FALSE,
  show_warnings = TRUE,
  ...
)

```

## Arguments

nivel	<b>(opcional)</b> si se desea descargar informacion "nacional" (default) o de la Ciudad de Mexico: "cdmx".
cache	<b>(opcional)</b> cache para <code>pins::board_url()</code> . Representa el directorio donde se almacenaran los datos descargados en formato de pins.
use_cache_on_failure	<b>(opcional)</b> parametro para <code>pins::board_url()</code> . En caso de TRUE (default) si no puede descargar nueva informacion utiliza la que ya tiene en memoria aunque sea vieja.
quiet	<b>(opcional)</b> booleana para no imprimir mensajes en la consola.
force_download	<b>(opcional)</b> analiza si cambio el pin y descarga datos nuevos en caso afirmativo.
show_warnings	<b>(opcional)</b> si arrojar warnings o callar
...	parametros adicionales para <code>pins::pin_download()</code> .

## Details

Cada vez que uses estos datos necesitas citar a **GISAID** (ver referencias) así como el reporte en [RodrigoZepeda/VariantesCovid](#)

Los datos son descargados de manera automática en mi Github: [RodrigoZepeda/VariantesCovid](#) el programa `descarga_datos_variantes_GISAID` se conecta a dicho repositorio, busca si la información está actualizada y si sí la descarga, si no, utiliza información almacenada en el cache local.

La descarga usa el paquete `pins`

## Value

tibble con los datos de porcentuales de variantes

- `variant` - La variante clasificada mediante [Pangolin](#)
- `semana` - Semana epidemiológica `lubridate::epiweek()` a la que corresponde la variante
- `ano` - Año al que corresponde la toma de muestra
- `n` - El total de muestras de dicha semana registradas para esa variante
- `freq` - La proporción de las variantes de dicha semana ocupada por dicha variante. Se obtiene dividiendo  $n/\text{sum}(n)$  para cada semana.
- `Actualizacion` - La fecha de actualización última de los datos.
- `Fuente` - La fuente desde la cual se obtuvo la información de dicha variante.

## References

Khare, S., et al (2021) GISAID's Role in Pandemic Response. *China CDC Weekly*, 3(49): 1049-1051. doi:10.46234/ccdcw2021.255 PMID: 8668406

Elbe, S. and Buckland-Merrett, G. (2017) Data, disease and diplomacy: GISAID's innovative contribution to global health. *Global Challenges*, 1:33-46. doi:10.1002/gch2.1018 PMID: 31565258

Shu, Y. and McCauley, J. (2017) GISAID: from vision to reality. *EuroSurveillance*, 22(13) doi:10.2807/1560-7917.ES.2017.22.13.30494 PMID: PMC5388101

Zepeda-Tello, R. (2022). Reporte Nacional de Variantes de COVID-19. URL: <https://github.com/RodrigoZepeda/VariantesCovid>

## See Also

[descarga\\_datos\\_red\\_irag\(\)](#) [descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [read\\_datos\\_abiertos\(\)](#)

## Examples

```
# Descarga de variantes a nivel nacional
url_global <- "https://raw.githubusercontent.com/RodrigoZepeda/VariantesCovid/main/tablas/"
if (RCurl::url.exists(paste0(url_global, "Proporcion_variantes_nacional.csv"))) {
  variantes_covid <- descarga_datos_variantes_GISAID("nacional")
}
```

```
# Descarga de variantes para CDMX
if (RCurl::url.exists(paste0(url_global, "Proporcion_variantes_cdmx.csv"))) {
  variantes_covid <- descarga_datos_variantes_GISAID("cdmx")
}
```

---

descarga\_db

*Auxiliares para la descarga de datos abiertos*


---

## Description

Conjunto de funciones para apoyar la descarga de datos abiertos de la Direccion General de Epidemiologia (DGE)

La funcion de descarga principal es [descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) llama las siguientes funciones en orden:

- [descarga\\_diccionario\(\)](#) Se encarga de descargar y formatear el diccionario de datos
- [descarga\\_db\(\)](#) Se encarga de descargar y formatear la base de datos
- [pega\\_db\\_datos\\_abiertos\\_tbl\\_y\\_diccionario\(\)](#) Pega ambos en el formato lista de covidmx

A su vez [descarga\\_diccionario\(\)](#) ejecuta las siguientes para obtener el diccionario de datos:

- [descarga\\_db\\_diccionario\\_ssa\(\)](#) Descarga el diccionario de la DGE
- [unzip\\_db\\_diccionario\\_ssa\(\)](#) Libera el archivo zip descargado
- [parse\\_db\\_diccionario\\_ssa\(\)](#) Genera una lista de tibles con el diccionario por variable

Por otro lado, [descarga\\_db\(\)](#) ejecuta las siguientes para obtener los datos abiertos:

- [descarga\\_db\\_datos\\_abiertos\\_tbl\(\)](#) Descarga las bases de datos de covid de la DGE
- [unzip\\_db\\_datos\\_abiertos\\_tbl\(\)](#) Libera el archivo zip descargado
- [parse\\_db\\_datos\\_abiertos\\_tbl\(\)](#) Genera una base de datos en duckdb (o tibble) con la informacion

Si en algun momento se interrumpe la descarga o hubo problemas de conexion o detuviste el proceso de generacion de la base de datos abiertos puedes llamar a las funciones de [read\\_datos\\_abiertos\(\)](#).

## Usage

```
descarga_db(
  read_format = c("duckdb", "tibble"),
  tblname = "covidmx",
  pragma_memory_limit = Sys.getenv("pragma_memory_limit"),
  drv = duckdb::duckdb(),
  dbdir = tempfile(fileext = ".duckdb"),
  colClasses = get_col_class(),
  sites.covid = get_sites_covid(),
  download_process = c("pins", "download.file"),
```

```
    unzip_command = Sys.getenv("unzip_command"),
    unzip_args = Sys.getenv("unzip_args"),
    check_unzip_install = TRUE,
    clear_zip = (download_process[1] != "pins"),
    clear_csv = TRUE,
    force_download = FALSE,
    show_warnings = TRUE,
    datos_abiertos_zip_paths = NULL,
    datos_abiertos_unzipped_path = NULL,
    datos_abiertos_tbl = NULL,
    quiet = FALSE,
    board_url_name = "datos_abiertos",
    cache = NULL,
    use_cache_on_failure = TRUE,
    download_file_args = list(method = "curl", destfile = tempfile(), quiet = quiet),
    descarga_db_datos_abiertos_tbl_args = list(),
    ...
)

descarga_diccionario(
  download_process = c("pins", "download.file"),
  site.covid.dic = get_site_dic(),
  quiet = FALSE,
  clear_zip = download_process[1] != "pins",
  clear_csv = TRUE,
  diccionario_zip_path = NULL,
  diccionario_unzipped_path = NULL,
  diccionario = NULL,
  board_url_name_dict = "diccionario_covid",
  cache_diccionario = NULL,
  use_cache_on_failure = TRUE,
  force_download = FALSE,
  show_warnings = TRUE,
  download_file_args_dict = list(method = "curl", destfile = tempfile(), quiet = quiet),
  unzip_args_dict = list(exdir = ".", overwrite = TRUE),
  descarga_db_diccionario_ssa_args = list()
)

descarga_db_datos_abiertos_tbl(
  download_process = c("pins", "download.file"),
  sites.covid = get_sites_covid(),
  quiet = FALSE,
  board_url_name = "datos_abiertos",
  cache = NULL,
  use_cache_on_failure = TRUE,
  force_download = FALSE,
  show_warnings = TRUE,
  download_file_args = list(method = "curl", destfile = tempfile(), quiet = quiet),
```

```

    ...
)

descarga_db_diccionario_ssa(
  download_process = c("pins", "download.file"),
  site.covid.dic = get_site_dic(),
  quiet = FALSE,
  board_url_name_dict = "diccionario_covid",
  cache_diccionario = NULL,
  use_cache_on_failure = TRUE,
  force_download = FALSE,
  show_warnings = TRUE,
  download_file_args_dict = list(method = "curl", destfile = tempfile(), quiet = quiet),
  ...
)

unzip_db_datos_abiertos_tbl(
  datos_abiertos_zip_paths,
  unzip_command = Sys.getenv("unzip_command"),
  unzip_args = Sys.getenv("unzip_args"),
  check_unzip_install = TRUE,
  quiet = FALSE,
  clear_zip = FALSE
)

unzip_db_diccionario_ssa(
  diccionario_zip_path,
  unzip_args_dict = list(exdir = ".", overwrite = TRUE),
  clear_zip = FALSE
)

parse_db_diccionario_ssa(diccionario_unzipped_path, clear_csv = FALSE)

parse_db_datos_abiertos_tbl(
  datos_abiertos_unzipped_path,
  read_format = c("duckdb", "tibble"),
  pragma_memory_limit = Sys.getenv("pragma_memory_limit"),
  dbdir = tempfile(fileext = ".duckdb"),
  drv = duckdb::duckdb(),
  colClasses = get_col_class(),
  tblname = "covidmx",
  quiet = TRUE,
  clear_csv = FALSE,
  ...
)

pega_db_datos_abiertos_tbl_y_diccionario(datos_abiertos_tbl, diccionario)

```

**Arguments**

read_format	<b>(opcional)</b> "duckdb" o "tibble" establece el formato de lectura de la base de datos. En la mayoría de los casos "tibble" va a resultar en un error de memoria. La opción de "duckdb" siempre es más rápida por lo cual es el default.
tblname	<b>(opcional)</b> Nombre de la tabla de duckdb donde guardar los datos por default se llama covidmx. Solo es relevante si estas usando el mismo dbdir para otro proyecto distinto.
pragma_memory_limit	<b>(opcional)</b> Limite de memoria para el programa (ver <b>PRAGMAS</b> ). Cambialo a que sea más o menos la mitad de tu RAM. La forma más sencilla es como una variable ambiental con <code>Sys.setenv('pragma_memory_limit' = '1GB')</code> por ejemplo para un limite de 1 gigabyte.
drv	<b>(opcional)</b> Un driver para dbConnect (default <code>duckdb::duckdb()</code> )
dbdir	<b>(opcional)</b> Dirección donde guardar la base de datos con terminación <code>.duckdb</code> . Corresponde al argumento de <code>duckdb::dbConnect__duckdb_driver()</code>
colClasses	<b>(opcional)</b> Clases de la columna para leer en <code>duckdb::read_csv_duckdb()</code> .
sites.covid	<b>(opcional)</b> Sitios web con el vinculo a los archivos <code>.zip</code> de los datos abiertos. Puedes cambiarlo por uno de los historicos, por ejemplo. La estructura es <code>c("nombre" = "ur1", "nombre2" = "ur12")</code> . La última verificación del sitio web default fue el 6 de septiembre del 2022.
download_process	<b>(opcional)</b> Metodo para descargar ya sea <code>pins</code> o <code>download.file</code> . Se recomienda <code>pins</code> pues guarda en memoria la fecha de la última descarga y analiza si ha pasado más de un día desde la descarga. En caso afirmativo verifica si el archivo ha cambiado y si hubo cambios entonces lo descarga.
unzip_command	<b>(opcional)</b> Forma de extraer la base de datos de datos abiertos si <code>unzip</code> falla. La forma de llamarla es con <code>system2(unzip_command, args = c(unzip_args, file_download_data))</code> .
unzip_args	<b>(opcional)</b> Argumentos de extracción de la base de datos de datos abiertos si <code>unzip</code> falla. La forma de llamarla es con <code>system2(unzip_command, args = c(unzip_args, file_download_data))</code> .
check_unzip_install	<b>(opcional)</b> Bandera de verificación para checar si tienes lo necesario para <code>unzip</code> los datos en el caso de que <code>unzip</code> no sirva.
clear_zip	<b>(opcional)</b> Si borrar los archivos <code>.zip</code> descargados para el diccionario y los datos abiertos. No se recomienda si estas usando <code>pins</code> . Ve la nota para más información.
clear_csv	<b>(opcional)</b> Si borrar los archivos <code>.csv</code> que se generan después de abrir el <code>zip</code> . El default es que si pues en general solo requieres el <code>duckdb</code> .
force_download	<b>(opcional)</b> Analiza si cambio el pin y descarga datos nuevos en caso afirmativo aunque haya pasado menos de un día.
show_warnings	<b>(opcional)</b> si arrojar warnings
datos_abiertos_zip_paths	<b>(opcional)</b> Camino a los datos abiertos si ya los descargaste en <code>zip</code>

`datos_abiertos_unzipped_path`  
(**opcional**) Camino a los datos abiertos csv si ya los descargaste y descomprimiste el archivo zip en un csv

`datos_abiertos_tbl`  
(**opcional**) Camino a un archivo `.duckdb` con los datos formateados

`quiet` (**opcional**) Variable para no mostrar mensajes

`board_url_name` (**opcional**) Establece el nombre del `pins::board_url` para los datos abiertos (si ya usas `pins` para que no se empalme). Por default se llama `datos_abiertos`

`cache` parametro para el cache de `pins::board_url`

`use_cache_on_failure`  
(**opcional**) Booleana. Establece que si no se pueden descargar datos nuevos utilice los que tenga en memoria. Por default es `TRUE`.

`download_file_args`  
(**opcional**) Lista de argumentos adicionales para `download.file` de los datos si se elige este metodo para descargar.

`descarga_db_datos_abiertos_tbl_args`  
(**opcional**) Lista con argumentos adicionales para el `pins::pin_download` de datos abiertos

... Parametros adicionales para `pins::pin_download`

`site.covid.dic` (**opcional**) Sitio desde el cual descarga del diccionario de datos. La ultima verificacion del sitio fue el 6 de septiembre 2022.

`diccionario_zip_path`  
(**opcional**) Camino al diccionario si ya losdescargaste en zip

`diccionario_unzipped_path`  
(**opcional**) Camino al diccionario csv si ya lo descargaste y descomprimiste el archivo zip en un csv

`diccionario` (**opcional**) Lo que resulta de realizar una descarga del diccionario usando `descarga_diccionario`

`board_url_name_dict`  
(**opcional**) Establece el nombre del `pins::board_url` para los datos abiertos. Por default se llama `diccionario_covid`

`cache_diccionario`  
(**opcional**) Direccion donde guardar el diccionario en memoria usando `pins` para no tener que volver a descargarlo si nada ha cambiado

`download_file_args_dict`  
(**opcional**) Lista de argumentos adicionales para `download.file` del diccionario si se elige este metodo de descarga.

`unzip_args_dict`  
(**opcional**) Lista de argumentos para usar `utils::unzip` en el diccionario de datos.

`descarga_db_diccionario_ssa_args`  
(**opcional**) Lista con argumentos adicionales para el `pins::pin_download` de datos abiertos

**Value**

Lista de valores:

- `datos` - Tabla conectada mediante `duckdb::dbConnect__duckdb_driver()` (si `duckdb`) o `tibble` (si `tibble`)
- `disconnect` - Funcion para cerrar la conexion a la base de datos.
- `dict` - Lista de tibbles con el diccionario de datos para cada variable

**See Also**

[descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [read\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [descarga\\_datos\\_red\\_irag\(\)](#) [descarga\\_datos\\_variantes\\_GI](#)

**Examples**

```
# Descarga solo el diccionario
diccionario <- descarga_diccionario(show_warnings = FALSE)

# O bien descarga solo los datos abiertos de ejemplo desde Github
# omite el dlink (o cámbialo por el vínculo correcto) para descargar los datos de la DGE
dlink <- "https://github.com/RodrigoZepeda/covidmx/raw/main/datos_abiertos_covid19.zip"
datos_abiertos <- descarga_db(sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE)

# Pegalos en el formato que se necesita para el resto de funciones
datos_covid <- pega_db_datos_abiertos_tbl_y_diccionario(datos_abiertos, diccionario)

# Desconectamos
datos_covid$disconnect()

# Tambien puedes descargar paso por paso
datos_abiertos <- descarga_db_datos_abiertos_tbl(
  sites.covid = dlink,
  show_warnings = FALSE
) |> # Descarga
  unzip_db_datos_abiertos_tbl() |> # Unzippea
  parse_db_datos_abiertos_tbl() # Duckdb

# O bien el diccionario
diccionario <- descarga_db_diccionario_ssa() |> # Descarga
  unzip_db_diccionario_ssa() |> # Unzippea
  parse_db_diccionario_ssa() # Tibble

# Si descargaste cada uno por separado necesitas la funcion pega para
# juntarlos en un unico objeto
datos_covid <- pega_db_datos_abiertos_tbl_y_diccionario(datos_abiertos, diccionario)
```

---

 estima\_rt

*RT: Número efectivo de reproducción*


---

### Description

estima\_rt Calcula el número efectivo de reproducción por fecha y entidad usando los metodos de `EpiEstim::estimate_R()`. Por default calcula el número efectivo de reproducción para cada estado.

### Usage

```
estima_rt(
  datos_covid,
  entidades = c("AGUASCALIENTES", "BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR", "CAMPECHE",
    "CHIAPAS", "CHIHUAHUA", "CIUDAD DE MÉXICO", "COAHUILA DE ZARAGOZA", "COLIMA",
    "DURANGO", "GUANAJUATO", "GUERRERO", "HIDALGO", "JALISCO", "MÉXICO",
    "MICHOACÁN DE OCAMPO", "MORELOS", "NAYARIT", "NUEVO LEÓN", "OAXACA", "PUEBLA",
    "QUERÉTARO", "QUINTANA ROO", "SAN LUIS POTOSÍ", "SINALOA", "SONORA", "TABASCO",
    "TAMAULIPAS", "TLAXCALA", "VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLAVE", "YUCATÁN", "ZACATECAS"),
  group_by_entidad = TRUE,
  entidad_tipo = c("Unidad Medica", "Residencia", "Nacimiento"),
  fecha_tipo = c("Sintomas", "Ingreso", "Defuncion"),
  tipo_clasificacion = c("Sospechosos", "Confirmados COVID", "Negativo a COVID",
    "Inválido", "No realizado"),
  tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO", "NO ESPECIFICADO"),
  list_name = "estima_rt",
  min_date = as.POSIXct("2020-01-01", tz = Sys.timezone(), format = "%Y-%m-%d"),
  max_date = as.POSIXct(Sys.time()),
  method = "parametric_si",
  config = if (requireNamespace("EpiEstim", quietly = TRUE)) {

    EpiEstim::make_config(list(mean_si = 2.5, std_si = 1.6))
  } else {
    NULL
  },
  ...
)
```

### Arguments

datos_covid	<b>(obligatorio)</b> Lista de tibbles o duckdbs resultante de <code>descarga_datos_abiertos()</code> o <code>read_datos_abiertos()</code>
entidades	<b>(opcional)</b> Vector con las entidades de las unidades medicas a analizar. Opciones: AGUASCALIENTES, BAJA CALIFORNIA, BAJA CALIFORNIA SUR, CAMPECHE, CHIAPAS, CHIHUAHUA, CIUDAD DE MEXICO, COAHUILA DE ZARAGOZA , COLIMA, DURANGO, GUANAJUATO, GUERRERO, HIDALGO, JALISCO, MEXICO, MICHOACAN DE OCAMPO, MORELOS,NAYARIT NUEVO LEON, OAXACA ,PUEBLA, QUERETARO,QUINTANA ROO,

SAN LUIS POTOSI, SINALOA, SONORA, TABASCO, TAMAULIPAS, TLAXCALA, VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLANURA, YUCATAN, ZACATECAS.

group_by_entidad	<b>(opcional)</b> TRUE obtiene los casos para cada entidad reportando en cada fecha la entidad y los casos en dicha entidad. FALSE junta las entidades sumando sus casos en una sola observacion por cada fecha.
entidad_tipo	<b>(opcional)</b> Indica a que se refiere las entidades seleccionadas. Elige una de las opciones: Unidad Medica (entidad de la unidad medica), Nacimiento (entidad de origen del individuo) o Residencia (entidad donde reside el individuo).
fecha_tipo	<b>(opcional)</b> Selecciona si la fecha que se utiliza es la fecha de Ingreso (si aplica), la fecha de Sintomas o la de Defuncion (si aplica). El default es fecha de Sintomas.
tipo_clasificacion	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de clasificaciones (por la prueba) a incluir: Sospechosos, Confirmados COVID-19, Negativo a COVID, Involuntario, No realizado
tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de pacientes a incluir. Opciones: AMBULATORIO, HOSPITALIZADO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
list_name	<b>(opcional)</b> Asigna un nombre en la lista de datos a la base generada
min_date	<b>(opcional)</b> Mínima fecha a partir de la cual estimar el RT.
max_date	<b>(opcional)</b> Máxima fecha a partir de la cual estimar el RT.
method	<b>(opcional)</b> Metodo para estimar el RT con <code>EpiEstim::estimate_R()</code> . Por default se recomienda el método paramétrico de intervalo serial <code>parametric_si</code> .
config	<b>(opcional)</b> Configuración para la estimación del RT usando <code>EpiEstim::make_config()</code> . Por default se utiliza una media del intervalo serial de <code>mean_si = 2.5</code> y una desviación estandar de <code>std_si = 1.6</code> . Sin embargo, como el intervalo serial depende mucho de la variante se recomienda cambiarlo.
...	<b>(opcional)</b> Parámetros adicionales para <code>EpiEstim::estimate_R()</code> .

## Details

Se sugiere establecer una mínima fecha y una máxima fecha con `min_date` y `max_date` para la estimación pues los intervalos seriales de omicron son distintos a los de la variante delta.

## Value

Une a la lista de datos\_covid una nueva entrada de nombre `list_name` (default: `estima_rt`) con una base de datos (tibble) con los resultados agregados.

- `estima_rt` - Base de datos generada con los datos agregados (el nombre cambia si se usa `list_name`).
- `dict` - Diccionario de datos
- `data` - Datos originales (conexión a duckdb o tibble)
- `disconnect` - Función para desconectarte de duckdb
- ... - Cualquier otro elemento que ya existiera en `datos_covid`

**See Also**

[descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [numero\\_pruebas\(\)](#) [cfr\(\)](#) [chr\(\)](#) [positividad\(\)](#) [casos\(\)](#)

**Examples**

```
# Para el ejemplo usaremos los datos precargados (datosabiertos) pero tu puedes
# correr el ejemplo descargando informacion mas reciente.
datos_covid <- datosabiertos

# Casos a nivel nacional por estado en todos

suppressWarnings(
  datos_covid <- datos_covid |> estima_rt()
)
head(datos_covid$estima_rt)

# Cambios en la fecha de estimacion siguiendo la recomendacion
# y obtenemos todo a nivel nacional
datos_covid <- datos_covid |> estima_rt(
  min_date = as.POSIXct("2021-07-01"),
  max_date = as.POSIXct("2021-09-01"),
  list_name = "rt_min_max",
  group_by_entidad = FALSE
)
head(datos_covid$rt_min_max)

# Casos a nivel nacional en los confirmados
datos_covid <- datos_covid |>
  estima_rt(
    tipo_clasificacion = "Confirmados COVID",
    group_by_entidad = FALSE,
    list_name = "rt_confirmados"
  )
head(datos_covid$rt_confirmados)

#' # Cambios en los parametros de epiestim
# estos parametros no tienen razon de ser mas alla de mostrar como se cambian
datos_covid <- datos_covid |>
  estima_rt(
    group_by_entidad = FALSE,
    list_name = "config_rt",
    method = "uncertain_si", # Metodo de estimacion
    config = EpiEstim::make_config(
      mean_si = 2.4,
      std_si = 0.3,
      std_mean_si = 0.2,
      min_mean_si = 2,
      max_mean_si = 4,
      std_std_si = 0.1,
      min_std_si = 0.1,
      max_std_si = 1.0
    )
  )
```

```

    )
  )
  head(datos_covid$config_rt)

# Casos en BC, BCS en los confirmados
datos_covid |>
  estima_rt(
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR"),
    tipo_clasificacion = "Confirmados COVID",
    group_by_entidad = TRUE,
    list_name = "rt_bc_bcs"
  ) |>
  plot_covid(
    df_name = "rt_bc_bcs", df_date_index = "FECHA_SINTOMAS",
    df_variable = "Mean(R)", df_covariates = "ENTIDAD_FEDERATIVA"
  )

# Finalmente desconectamos
datos_covid$disconnect()

```

---

numero\_pruebas

*Numero de Pruebas*


---

### Description

numero\_pruebas Calcula el numero total de pruebas por fecha agrupando (o sin hacerlo) por co-variables. Por default calcula la el numero de pruebas de antígeno y PCR por separado para cada estado.

### Usage

```

numero_pruebas(
  datos_covid,
  entidades = c("AGUASCALIENTES", "BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR", "CAMPECHE",
    "CHIAPAS", "CHIHUAHUA", "CIUDAD DE MÉXICO", "COAHUILA DE ZARAGOZA", "COLIMA",
    "DURANGO", "GUANAJUATO", "GUERRERO", "HIDALGO", "JALISCO", "MÉXICO",
    "MICHOCÁN DE OCAMPO", "MORELOS", "NAYARIT", "NUEVO LEÓN", "OAXACA", "PUEBLA",
    "QUERÉTARO", "QUINTANA ROO", "SAN LUIS POTOSÍ", "SINALOA", "SONORA", "TABASCO",
    "TAMAULIPAS", "TLAXCALA", "VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLAVE", "YUCATÁN", "ZACATECAS"),
  group_by_entidad = TRUE,
  entidad_tipo = c("Unidad Medica", "Residencia", "Nacimiento"),
  fecha_tipo = c("Sintomas", "Ingreso", "Defuncion"),
  tipo_prueba = c("Antigeno", "PCR"),
  group_by_tipo_prueba = TRUE,
  tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO", "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_paciente = FALSE,
  tipo_uci = c("SI", "NO", "NO APLICA", "SE IGNORA", "NO ESPECIFICADO"),

```

```

group_by_tipo_uci = FALSE,
tipo_sector = c("CRUZ ROJA", "DIF", "ESTATAL", "IMSS", "IMSS-BIENESTAR", "ISSSTE",
  "MUNICIPAL", "PEMEX", "PRIVADA", "SEDENA", "SEMAR", "SSA", "UNIVERSITARIO",
  "NO ESPECIFICADO"),
group_by_tipo_sector = FALSE,
defunciones = FALSE,
edad_cut = NULL,
as_tibble = TRUE,
fill_zeros = as_tibble,
list_name = "numero_pruebas",
.grouping_vars = c()
)

```

### Arguments

datos_covid	<b>(obligatorio)</b> Lista de tibbles o duckdbs resultante de <a href="#">descarga_datos_abiertos()</a> o <a href="#">read_datos_abiertos()</a>
entidades	<b>(opcional)</b> Vector con las entidades de las unidades medicas a analizar. Opciones: AGUASCALIENTES, BAJA CALIFORNIA, BAJA CALIFORNIA SUR, CAMPECHE, CHIAPAS, CHIHUAHUA, CIUDAD DE MEXICO, COAHUILA DE ZARAGOZA , COLIMA, DURANGO, GUANAJUATO, GUERRERO, HIDALGO, JALISCO, MEXICO, MICHOACAN DE OCAMPO, MORELOS, NAYARIT NUEVO LEON, OAXACA , PUEBLA, QUERETARO, QUINTANA ROO, SAN LUIS POTOSI, SINALOA, SONORA, TABASCO, TAMAULIPAS, TLAXCALA, VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LL, YUCATAN, ZACATECAS.
group_by_entidad	<b>(opcional)</b> TRUE obtiene los casos para cada entidad reportando en cada fecha la entidad y los casos en dicha entidad. FALSE junta las entidades sumando sus casos en una sola observacion por cada fecha.
entidad_tipo	<b>(opcional)</b> Indica a que se refiere las entidades seleccionadas. Elige una de las opciones: Unidad Medica (entidad de la unidad medica), Nacimiento (entidad de origen del individuo) o Residencia (entidad donde reside el individuo).
fecha_tipo	<b>(opcional)</b> Selecciona si la fecha que se utiliza es la fecha de Ingreso (si aplica), la fecha de Sintomas o la de Defuncion (si aplica). El default es fecha de Sintomas.
tipo_prueba	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de pruebas a incluir Antigeno, PCR. Por default se incluyen ambas.
group_by_tipo_prueba	<b>(opcional)</b> Booleana determinando si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_prueba. En caso TRUE (cada fecha y entidad reporta separado el los casos de PCR y Antigeno). En caso FALSE se juntan los casos de PCR y Antigeno para devolver un unico numero por fecha.
tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de pacientes a incluir. Opciones: AMBULATORIO, HOSPITALIZADO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Booleana determinando (caso TRUE) si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_paciente (es decir cada fecha se genera un renglon

para AMBULATORIO, un renglon para HOSPITALIZADO, etc) o bien si se suman todos los grupos y cada fecha reporta solo la suma de estos (estilo AMBULATORIO + HOSPITALIZADO segun las categorias de tipo\_paciente) El default es FALSE.

tipo_uci	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de valores para Unidad de Cuidado Intensivo (UCI) a incluir: SI,NO,NO APLICA,SE IGNORA,NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_uci	<b>(opcional)</b> Booleana. El caso TRUE determina si regresa la base con cada fecha teniendo diferentes renglones uno para cada tipo_uci (es decir cada fecha se generan tantas observaciones como grupos de tipo de UCI) o bien en una sola fecha se suman todos los tipos de UCI (FALSE). El default es FALSE.
tipo_sector	<b>(opcional)</b> Vector con los sectores del sistema de salud a incluir: CRUZ ROJA,DIF,ESTATAL,IMSS,IMSS-BIEMUNICIPAL,PEMEX, PRIVADA,SEDENA,SEMAR,SSA, UNIVERSITARIO,NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_sector	<b>(opcional)</b> Booleana determina en el caso de TRUE si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_sector (es decir cada fecha tiene una entrada con los del IMSS, una entrada distinta con los de ISSSTE, etc) o bien en caso de FALSE se devuelve una sola entrada por fecha con la suma IMSS + ISSSTE + etc segun los sectores seleccionados. El default es FALSE.
defunciones	<b>(opcional)</b> Booleana si incluir sólo defunciones TRUE o a todos FALSE. El default es FALSE.
edad_cut	<b>(opcional)</b> Vector con secuencia de edades para hacer grupos. Por ejemplo edad_cut = c(0, 10, Inf) arma dos grupos de edad de 0 a 10 y de 10 a infinito o bien edad_cut = c(15, 20) deja sólo los registros entre 15 y 20 años. Por default es NULL y no arma grupos etarios.
as_tibble	<b>(opcional)</b> Regresar como tibble el resultado. En caso de que as_tibble sea FALSE se devuelve como conexion en duckdb. Se recomienda el default (tibble).
fill_zeros	<b>(opcional)</b> En caso de que el resultado sea un tibble regresa observaciones para todas las combinaciones de variables incluyendo como 0 aquellas fechas cuando no se observaron casos. En caso contrario no se incluyen las filas donde no se observaron casos.
list_name	<b>(opcional)</b> Asigna un nombre en la lista de datos a la base generada
.grouping_vars	<b>(opcional)</b> Vector de variables adicionales de agrupacion de los conteos. Por ejemplo si se agrega .grouping_vars = 'DIABETES' entonces para cada fecha habra dos conteos de casos uno de los que tienen diabetes y uno de los que no.

## Details

Las pruebas de PCR (polymerase chain reaction) identifican material genetico de un organismo (por ejemplo un virus como el COVID-19 o la influenza). Las pruebas de antígeno (o pruebas rapidas) detectan algunas proteinas que conforman el virus.

Para mas informacion sobre las pruebas y su interpretacion puedes consultar [las guias del CDC](#)

**Value**

Adiciona a la lista de datos\_covid una nueva entrada de nombre list\_name (default: numero\_pruebas) con una base de datos (tibble o duckdb) con los resultados agregados.

- numero\_pruebas - Base de datos generara con los datos agregados (el nombre cambia si se usa list\_name).
- dict - Diccionario de datos
- dats - Datos originales (conexion a duckdb o tibble)
- disconnect - Función para desconectarte de duckdb
- ... - Cualquier otro elemento que ya existiera en datos\_covid

**Examples**

```
# Para el ejemplo usaremos los datos precargados (datosabiertos) pero tu puedes
# correr el ejemplo descargando informacion mas reciente.
datos_covid <- datosabiertos

# Número de pruebas PCR/Antigeno a nivel nacional por estado
datos_covid <- datos_covid |> numero_pruebas()
head(datos_covid$numero_pruebas)

# Número de pruebas nacionales pero sin separar por tipo ni estado
datos_covid <- datos_covid |>
  numero_pruebas(
    group_by_entidad = FALSE, group_by_tipo_prueba = FALSE,
    list_name = "Todas_las_pruebas"
  )
head(datos_covid$Todas_las_pruebas)

# Positivos en Baja California Sur
datos_covid <- datos_covid |>
  numero_pruebas(
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA SUR"),
    list_name = "BCS"
  )
head(datos_covid$BCS)

# Si deseas agrupar por una variable que no este en las opciones asi como tipo paciente
datos_covid <- datos_covid |>
  numero_pruebas(
    tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO"),
    group_by_tipo_paciente = TRUE,
    .grouping_vars = c("DIABETES"),
    list_name = "pruebas_diabetes"
  )
head(datos_covid$pruebas_diabetes)

# Una vez hayas concluido tu trabajo no olvides desconectar
datos_covid$disconnect()
```

plot\_covid

*Grafica los casos de COVID-19***Description**

plot\_covid Intenta graficar automaticamente la base de datos de covid generados por [casos\(\)](#)

**Usage**

```
plot_covid(
  datos_covid,
  df_name = "casos",
  df_date_index = stringr::str_subset(colnames(datos_covid[df_name][[1]]),
    "FECHA|fecha|Fecha"),
  df_variable = NULL,
  df_covariates = c(),
  facet_scale = "free_y",
  facet_ncol = 4,
  date_break_format = "2 months",
  date_labels_format = "%B-%y",
  type = c("point", "line", "spline", "area"),
  plot_theme = ggplot2::theme(panel.background = ggplot2::element_rect(fill = "white"),
    plot.background = ggplot2::element_rect(fill = "white"), axis.text.x =
    ggplot2::element_text(angle = 90, hjust = 1), axis.line.x =
    ggplot2::element_line(color = "black"), legend.position = "none"),
  ...
)
```

**Arguments**

datos_covid	<b>(obligatorio)</b> Lista de tibbles resultante de <a href="#">casos()</a> , <a href="#">cfr()</a> , <a href="#">chr()</a> , <a href="#">positividad()</a> o <a href="#">rt()</a>
df_name	<b>(opcional)</b> Nombre de la base de datos dentro de la lista datos_covid
df_date_index	<b>(opcional)</b> Nombre de la variable que contiene la fecha
df_variable	<b>(opcional)</b> Nombre de la variable que se va a graficar en el eje y
df_covariates	<b>(opcional)</b> Covariables para el facet_wrap (maximo 2)
facet_scale	<b>(opcional)</b> Escala para el <a href="#">ggplot2::facet_wrap()</a>
facet_ncol	<b>(opcional)</b> Numero de columnas para el <a href="#">ggplot2::facet_wrap()</a>
date_break_format	<b>(opcional)</b> Breaks para el eje x <a href="#">ggplot2::scale_x_date()</a>
date_labels_format	<b>(opcional)</b> Formato de fecha para el eje x <a href="#">ggplot2::scale_x_date()</a>
type	<b>(opcional)</b> Tipo de grafica (line, area, spline o point)
plot_theme	<b>(opcional)</b> Tema para el ggplot2 (ejemplo <a href="#">ggplot2::theme_classic()</a> ).
...	<b>(opcional)</b> Parametros adicionales para <a href="#">ggformula::geom_spline()</a> en caso de elegir type="spline"

**Value**

Un ggplot2 con la imagen graficada.

**See Also**

[casos\(\)](#)

**Examples**

```
# Para el ejemplo usaremos los datos precargados (datosabiertos) pero tu puedes
# correr el ejemplo descargando informacion mas reciente:
datos_covid <- datosabiertos

# Aqui muchos aparecen en cero si usas el default de datosabiertos
# porque la base de datosabiertos tiene muy pocos casos
datos_covid |>
  casos(list_name = "casos_for_plot", group_by_entidad = FALSE) |>
  plot_covid(df_name = "casos_for_plot")

# Grafica de casos nacional

datos_covid |>
  casos(group_by_entidad = FALSE, list_name = "plot_nal") |>
  plot_covid(df_name = "plot_nal")

# Ajuste mediante splines
datos_covid |>
  casos(group_by_entidad = FALSE, list_name = "spline_nacional") |>
  plot_covid(df_name = "spline_nacional", type = "spline", spar = 0.5)

# Graficacion por covariables
# el objeto devuelto es un objeto de ggplot2 al que se le puede dar formato
if (!requireNamespace("ggplot2", quietly = TRUE)) {
  datos_covid |>
    chr(
      group_by_entidad = TRUE, list_name = "plot_nal", .grouping_vars = c("SEXO"),
      entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR")
    ) |>
    plot_covid(
      df_name = "plot_nal",
      date_break_format = "1 week",
      date_labels_format = "%d/%B/%Y",
      df_covariates = c("SEXO", "ENTIDAD_FEDERATIVA"),
      type = "area"
    ) +
    ggplot2::ggtitle("Plot nacional")
}

# Puedes tambien primero editar el tibble que usaras por ejemplo poniendo
# los nombres de los sexos
datos_covid <- datos_covid |>
```

```

chr(
  group_by_entidad = TRUE, list_name = "plot_nal", .grouping_vars = c("SEXO"),
  entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR")
)

# Finalmente desconectamos
datos_covid$disconnect()

```

---

positividad

*Positividad*


---

### Description

positividad Calcula la positividad por fecha agrupando (o sin hacerlo) por covariables. Por default calcula la positividad de las pruebas haciendo Antígeno y PCR por separado, cada una por fecha y entidad.

### Usage

```

positividad(
  datos_covid,
  entidades = c("AGUASCALIENTES", "BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR", "CAMPECHE",
    "CHIAPAS", "CHIHUAHUA", "CIUDAD DE MÉXICO", "COAHUILA DE ZARAGOZA", "COLIMA",
    "DURANGO", "GUANAJUATO", "GUERRERO", "HIDALGO", "JALISCO", "MÉXICO",
    "MICHOACÁN DE OCAMPO", "MORELOS", "NAYARIT", "NUEVO LEÓN", "OAXACA", "PUEBLA",
    "QUERÉTARO", "QUINTANA ROO", "SAN LUIS POTOSÍ", "SINALOA", "SONORA", "TABASCO",
    "TAMAULIPAS", "TLAXCALA", "VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LLAVE", "YUCATÁN", "ZACATECAS"),
  group_by_entidad = TRUE,
  entidad_tipo = c("Unidad Medica", "Residencia", "Nacimiento"),
  fecha_tipo = c("Síntomas", "Ingreso", "Defunción"),
  tipo_prueba = c("Antígeno", "PCR"),
  group_by_tipo_prueba = TRUE,
  tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO", "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_paciente = FALSE,
  tipo_uci = c("SI", "NO", "NO APLICA", "SE IGNORA", "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_uci = FALSE,
  tipo_sector = c("CRUZ ROJA", "DIF", "ESTATAL", "IMSS", "IMSS-BIENESTAR", "ISSSTE",
    "MUNICIPAL", "PEMEX", "PRIVADA", "SEDENA", "SEMAR", "SSA", "UNIVERSITARIO",
    "NO ESPECIFICADO"),
  group_by_tipo_sector = FALSE,
  defunciones = FALSE,
  edad_cut = NULL,
  fill_NA = TRUE,
  list_name = "positividad",
  remove_inconclusive = TRUE,
  .grouping_vars = c()
)

```

**Arguments**

datos_covid	<b>(obligatorio)</b> Lista de tibbles o duckdb resultante de <code>descarga_datos_abiertos()</code> o <code>read_datos_abiertos()</code>
entidades	<b>(opcional)</b> Vector con las entidades de las unidades medicas a analizar. Opciones: AGUASCALIENTES, BAJA CALIFORNIA, BAJA CALIFORNIA SUR, CAMPECHE, CHIAPAS, CHIHUAHUA, CIUDAD DE MEXICO, COAHUILA DE ZARAGOZA , COLIMA, DURANGO, GUANAJUATO, GUERRERO, HIDALGO, JALISCO, MEXICO, MICHOACAN DE OCAMPO, MORELOS, NAYARIT NUEVO LEON, OAXACA , PUEBLA, QUERETARO, QUINTANA ROO, SAN LUIS POTOSI, SINALOA, SONORA, TABASCO, TAMAULIPAS, TLAXCALA, VERACRUZ DE IGNACIO DE LA LL, YUCATAN, ZACATECAS.
group_by_entidad	<b>(opcional)</b> TRUE obtiene los casos para cada entidad reportando en cada fecha la entidad y los casos en dicha entidad. FALSE junta las entidades sumando sus casos en una sola observacion por cada fecha.
entidad_tipo	<b>(opcional)</b> Indica a que se refiere las entidades seleccionadas. Elige una de las opciones: Unidad Medica (entidad de la unidad medica), Nacimiento (entidad de origen del individuo) o Residencia (entidad donde reside el individuo).
fecha_tipo	<b>(opcional)</b> Selecciona si la fecha que se utiliza es la fecha de Ingreso (si aplica), la fecha de Sintomas o la de Defuncion (si aplica). El default es fecha de Sintomas.
tipo_prueba	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de pruebas a incluir Antigeno, PCR. Por default se incluyen ambas.
group_by_tipo_prueba	<b>(opcional)</b> Booleana determinando si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_prueba. En caso TRUE (cada fecha y entidad reporta separado el los casos de PCR y Antigeno). En caso FALSE se juntan los casos de PCR y Antigeno para devolver un unico numero por fecha.
tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de pacientes a incluir. Opciones: AMBULATORIO, HOSPITALIZADO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_paciente	<b>(opcional)</b> Booleana determinando (caso TRUE) si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_paciente (es decir cada fecha se genera un renglon para AMBULATORIO, un renglon para HOSPITALIZADO, etc) o bien si se suman todos los grupos y cada fecha reporta solo la suma de estos (estilo AMBULATORIO + HOSPITALIZADO segun las categorias de tipo_paciente) El default es FALSE.
tipo_uci	<b>(opcional)</b> Vector con el tipo de valores para Unidad de Cuidado Intensivo (UCI) a incluir: SI, NO, NO APLICA, SE IGNORA, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.
group_by_tipo_uci	<b>(opcional)</b> Booleana. El caso TRUE determina si regresa la base con cada fecha teniendo diferentes renglones uno para cada tipo_uci (es decir cada fecha se generan tantas observaciones como grupos de tipo de UCI) o bien en una sola fecha se suman todos los tipos de UCI (FALSE). El default es FALSE.
tipo_sector	<b>(opcional)</b> Vector con los sectores del sistema de salud a incluir: CRUZ ROJA, DIF, ESTATAL, IMSS, IMSS-BIEMER, MUNICIPAL, PEMEX, PRIVADA, SEDENA, SEMAR, SSA, UNIVERSITARIO, NO ESPECIFICADO. Por default se incluyen todos.

group_by_tipo_sector	( <b>opcional</b> ) Booleana determina en el caso de TRUE si regresa la base con cada entrada agrupada por tipo_sector (es decir cada fecha tiene una entrada con los del IMSS, una entrada distinta con los de ISSSTE, etc) o bien en caso de FALSE se devuelve una sola entrada por fecha con la suma IMSS + ISSSTE + etc segun los sectores seleccionados. El default es FALSE.
defunciones	( <b>opcional</b> ) Booleana si incluir sólo defunciones TRUE o a todos FALSE. El default es FALSE.
edad_cut	( <b>opcional</b> ) Vector con secuencia de edades para hacer grupos. Por ejemplo edad_cut = c(0, 10, Inf) arma dos grupos de edad de 0 a 10 y de 10 a infinito o bien edad_cut = c(15, 20) deja sólo los registros entre 15 y 20 años. Por default es NULL y no arma grupos etarios.
fill_NA	( <b>opcional</b> ) Regresa observaciones para todas las combinaciones de variables incluyendo como NA donde no se observaron casos en el denominador. En caso contrario no se incluyen las filas donde no se observaron casos.
list_name	( <b>opcional</b> ) Asigna un nombre en la lista de datos a la base generada
remove_inconclusive	( <b>opcional</b> ) Si TRUE no considera en el denominador de la positividad las pruebas cuyo resultado es inconcluso o aún no ha sido otorgado. Si FALSE considera a todos. Por default es TRUE.
.grouping_vars	( <b>opcional</b> ) Vector de variables adicionales de agrupacion de los conteos. Por ejemplo si se agrega .grouping_vars = 'DIABETES' entonces para cada fecha habra dos conteos de casos uno de los que tienen diabetes y uno de los que no.

## Details

La positividad se define como

$$\frac{\#Pruebaspositivas}{Totaldepruebas}$$

Si se utiliza la opción remove\_inconclusive = TRUE el **Total de pruebas** se calcula utilizando solo POSITIVOS + NEGATIVOS. Si remove\_inconclusive = FALSE se calcula utilizando todas las personas que tuvieron prueba: POSITIVOS + NEGATIVOS + INCONCLUSOS + SIN RESULTADO.

Si no se realizaron pruebas un día la positividad no está definida pues el **Total de pruebas** es cero. En ese caso si fill\_NA = TRUE se devuelven las entradas de esos días pero con valor NA.

## Value

Une a la lista de datos\_covid una nueva entrada de nombre list\_name (default: positividad) con una base de datos (tibble) con los resultados agregados.

- positividad - Base de datos generada con los datos agregados (el nombre cambia si se usa list\_name).
- dict - Diccionario de datos
- dats - Datos originales (conexión a duckdb o tibble)
- disconnect - Función para desconectarte de duckdb
- ... - Cualquier otro elemento que ya existiera en datos\_covid

## References

Furuse, Y., Ko, Y. K., Ninomiya, K., Suzuki, M., & Oshitani, H. (2021). Relationship of test positivity rates with COVID-19 epidemic dynamics. *International journal of environmental research and public health*, 18(9), 4655.

Al Dallal, A., AlDallal, U., & Al Dallal, J. (2021). Positivity rate: an indicator for the spread of COVID-19. *Current Medical Research and Opinion*, 37(12), 2067-2076.

## See Also

[descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [numero\\_pruebas\(\)](#) [cfr\(\)](#) [chr\(\)](#) [estima\\_rt\(\)](#) [casos\(\)](#)

## Examples

```
# Para el ejemplo usaremos los datos precargados (datosabiertos) pero tu puedes
# correr el ejemplo descargando informacion mas reciente.
datos_covid <- datosabiertos

# Casos a nivel nacional por estado por tipo de prueba
datos_covid <- datos_covid |> positividad()
head(datos_covid$positividad)

# Total nacional sumando todas las pruebas del pais
datos_covid <- datos_covid |>
  positividad(group_by_entidad = FALSE, list_name = "positividad_nacional")
head(datos_covid$positividad_nacional)

# Positivos en Baja California y Baja California Sur
datos_covid <- datos_covid |>
  positividad(
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR"),
    list_name = "positividad_californiana"
  )
head(datos_covid$positividad_californiana)

# Agrupando ambas pruebas en una sola positividad global
datos_covid <- datos_covid |>
  positividad(
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR"),
    group_by_tipo_prueba = FALSE,
    list_name = "positividad_californiana_2"
  )
head(datos_covid$positividad_californiana_2)

# Regresa la suma de ambos estados pero dividiendo por tipo de paciente
datos_covid <- datos_covid |>
  positividad(
    entidades = c("BAJA CALIFORNIA", "BAJA CALIFORNIA SUR"),
    group_by_entidad = FALSE,
    tipo_paciente = c("AMBULATORIO", "HOSPITALIZADO"),
```

```

      group_by_tipo_paciente = TRUE,
      list_name = "positividad_paciente"
    )
  head(datos_covid$positividad_paciente)

# Si deseas agrupar por una variable que no este en las opciones va en .grouping_vars
datos_covid <- datos_covid |>
  positividad(
    tipo_sector = "IMSS",
    .grouping_vars = c("SEXO"),
    list_name = "positividad_imss_sexo"
  )
  head(datos_covid$positividad_imss_sexo)

# Una vez hayas concluido tu trabajo no olvides desconectar
datos_covid$disconnect()

```

---

read\_datos\_abiertos *Lee la base de datos de la direccion general de epidemiologia que ya descargaste*

---

## Description

read\_datos\_abiertos Lee los datos abiertos almacenados en tu base de duckdb que bajaste con descarga\_datos\_abiertos. Intenta de manera automática determinar si los lee de duckdb, csv ó zip

## Usage

```

read_datos_abiertos(
  datos_abiertos_path = NULL,
  dbdir = tempfile(fileext = ".duckdb"),
  tblname = "covidmx",
  pragma_memory_limit = Sys.getenv("pragma_memory_limit"),
  drv = duckdb::duckdb(),
  colClasses = get_col_class(),
  read_format = c("duckdb", "tibble"),
  ...
)

```

## Arguments

datos\_abiertos\_path **(obligatorio)** Camino a los datos abiertos si son un zip, un csv o un .duckdb

dbdir **(opcional)** Direccion donde guardar la base de datos con terminacion .duckdb. Corresponde al argumento de [duckdb::dbConnect\\_\\_duckdb\\_driver\(\)](#)

tblname	( <b>opcional</b> ) Nombre de la tabla de duckdb donde guardar los datos por default se llama covidmx. Solo es relevante si estas usando el mismo dbdir para otro proyecto distinto.
pragma_memory_limit	( <b>opcional</b> ) Limite de memoria para el programa (ver <b>PRAGMAS</b> ). Cambialo a que sea mas o menos la mitad de tu RAM. La forma mas sencilla es como una variable ambiental con <code>Sys.setenv('pragma_memory_limit' = '1GB')</code> por ejemplo para un limite de 1 gigabyte.
drv	( <b>opcional</b> ) Un driver para dbConnect (default <code>duckdb::duckdb()</code> )
colClasses	( <b>opcional</b> ) Clases de la columna para leer en <code>duckdb::read_csv_duckdb()</code> .
read_format	( <b>opcional</b> ) "duckdb" o "tibble" establece el formato de lectura de la base de datos. En la mayoría de los casos "tibble" va a resultar en un error de memoria. La opcion de "duckdb" siempre es mas rapida por lo cual es el default.
...	( <b>opcional</b> ) parametros adicionales para <a href="#">descarga_datos_abiertos()</a>

### Value

Lista de valores:

- `datos` - Tabla conectada mediante `DBI::dbConnect` (si `duckdb`) o `tibble` (si `tibble`)
- `disconnect` - Funcion para cerrar la conexion a la base de datos.
- `dict` - Lista de tibbles con el diccionario de datos para cada variable

### Note

Para guardar tu base con `duckdb` cambia el `dbdir` a un archivo `.duckdb`. Como ejemplo `dbdir = "ejemplo.duckdb"`.

### See Also

[descarga\\_datos\\_abiertos\(\)](#) [descarga\\_datos\\_red\\_irag\(\)](#) [descarga\\_datos\\_variantes\\_GISAID\(\)](#) [casos\(\)](#)

### Examples

```
# EJEMPLO 0: Descarga los datos abiertos en archivo file_duck
file_duck <- tempfile(fileext = ".duckdb")
dlink <- "https://github.com/RodrigoZepeda/covidmx/raw/main/datos_abiertos_covid19.zip"
descarga_datos_abiertos(dbdir = file_duck, sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE)$disconnect()

# EJEMPLO 1: Lee los datos de duckdb una vez descargados
datos_covid <- read_datos_abiertos(file_duck, show_warnings = FALSE) # Lee duckdb
datos_covid$disconnect()

# EJEMPLO 2: Lee los datos desde un zip descargado
# Descarga archivos de la DGE y guarda el zip
direccion_zip <- descarga_db_datos_abiertos_tbl(sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE)
# Lee zip
```

```

datos_covid <- read_datos_abiertos(direccion_zip, dbdir = file_duck, show_warnings = FALSE)
datos_covid$disconnect()

# EJEMPLO 3: Lee los datos desde un zip descargado
# Descarga archivos zip de la DGE
direccion_zip <- descarga_db_datos_abiertos_tbl(sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE)
direccion_csv <- unzip_db_datos_abiertos_tbl(direccion_zip) # Descomprime el zip para tener csv
# Lee los csv
datos_covid <- read_datos_abiertos(direccion_csv, dbdir = file_duck, show_warnings = FALSE)
datos_covid$disconnect()

# EJEMPLO 4: Si ya tenias el diccionario lo puedes agregar
# Simula la idea de ya tener el diccionario
diccionario <- descarga_diccionario(show_warnings = FALSE)
datos_covid <- read_datos_abiertos(file_duck, diccionario = diccionario, show_warnings = FALSE)
datos_covid$disconnect()

# EJEMPLO 5: Si ya tenias el diccionario como archivo zip
# Descarga el diccionario para tenerlo como zip
diccionario_zip <- descarga_db_diccionario_ssa(show_warnings = FALSE)
datos_covid <- read_datos_abiertos(file_duck, diccionario_zip_path = diccionario_zip,
                                   show_warnings = FALSE)
datos_covid$disconnect()

# EJEMPLO 6: Si ya tenias el diccionario como archivo xlsx
# Descarga el diccionario para tenerlo como zip
diccionario_zip <- descarga_db_diccionario_ssa(show_warnings = FALSE)
# Abre el csv del diccionario
diccionario_csv <- unzip_db_diccionario_ssa(diccionario_zip)
datos_covid <- read_datos_abiertos(file_duck,
                                   diccionario_unzipped_path = diccionario_csv,
                                   show_warnings = FALSE
                                   )
datos_covid$disconnect()

```

---

read\_datos\_abiertos\_zip

*Auxiliares de lectura para la base de la Direccion General de Epidemiologia*

---

## Description

La funcion principal es [read\\_datos\\_abiertos\(\)](#) la cual decide si los lee de zip, duckdb o csv. Tambien puedes usar las auxiliares respectivas

- [read\\_datos\\_abiertos\\_zip\(\)](#) Si sólo descargaste los datos de la DGE en .zip
- [read\\_datos\\_abiertos\\_csv\(\)](#) Si descargaste los datos de la DGE en .zip y los descomprimiste.
- [read\\_datos\\_abiertos\\_duckdb\(\)](#) Si ya creaste tu table en duckdb

**Usage**

```

read_datos_abiertos_zip(
  datos_abiertos_zip_paths,
  diccionario_zip_path = NULL,
  diccionario_unzipped_path = NULL,
  diccionario = NULL,
  read_format = c("duckdb", "tibble"),
  tblname = "covidmx",
  drv = duckdb::duckdb(),
  dbdir = tempfile(fileext = ".duckdb"),
  colClasses = get_col_class(),
  download_process = c("pins", "download.file"),
  site.covid.dic = paste0("http://datosabiertos.salud.", "gob.mx/gobmx/salud/datos_a",
    "biertos/diccionario_datos_", "covid19.zip"),
  unzip_command = Sys.getenv("unzip_command"),
  unzip_args = Sys.getenv("unzip_args"),
  unzip_args_dict = list(exdir = ".", overwrite = TRUE),
  check_unzip_install = TRUE,
  clear_zip = (download_process[1] != "pins"),
  clear_csv = TRUE,
  use_dict = TRUE,
  quiet = FALSE,
  cache_datos = NULL,
  use_cache_on_failure = TRUE,
  cache_diccionario = NULL,
  force_download = FALSE,
  show_warnings = TRUE,
  board_url_name = "datos_abiertos",
  board_url_name_dict = "diccionario_covid",
  download_file_args = list(method = "curl", destfile = tempfile(), quiet = quiet),
  descarga_db_diccionario_ssa_args = list(),
  ...
)

read_datos_abiertos_csv(
  datos_abiertos_unzipped_path,
  diccionario_zip_path = NULL,
  diccionario_unzipped_path = NULL,
  diccionario = NULL,
  read_format = c("duckdb", "tibble"),
  tblname = "covidmx",
  drv = duckdb::duckdb(),
  dbdir = tempfile(fileext = ".duckdb"),
  colClasses = get_col_class(),
  download_process = c("pins", "download.file"),
  site.covid.dic = paste0("http://datosabiertos.salud.", "gob.mx/gobmx/salud/datos_a",
    "biertos/diccionario_datos_", "covid19.zip"),
  unzip_args_dict = list(exdir = ".", overwrite = TRUE),

```

```

clear_csv = TRUE,
quiet = FALSE,
use_cache_on_failure = TRUE,
cache_diccionario = NULL,
force_download = FALSE,
show_warnings = TRUE,
board_url_name_dict = "diccionario_covid",
download_file_args = list(method = "curl", destfile = tempfile(), quiet = quiet),
descarga_db_diccionario_ssa_args = list(),
...
)

read_datos_abiertos_duckdb(
  datos_abiertos_tbl,
  drv = duckdb::duckdb(),
  tblname = "covidmx",
  pragma_memory_limit = Sys.getenv("pragma_memory_limit"),
  diccionario_zip_path = NULL,
  diccionario_unzipped_path = NULL,
  diccionario = NULL,
  download_process = c("pins", "download.file"),
  site.covid.dic = paste0("http://datosabiertos.salud.", "gob.mx/gobmx/salud/datos_a",
    "biertos/diccionario_datos_", "covid19.zip"),
  unzip_args_dict = list(exdir = ".", overwrite = TRUE),
  clear_zip = download_process[1] != "pins",
  clear_csv = TRUE,
  use_dict = TRUE,
  quiet = FALSE,
  use_cache_on_failure = TRUE,
  cache_diccionario = NULL,
  force_download = FALSE,
  show_warnings = TRUE,
  board_url_name_dict = "diccionario_covid",
  download_file_args = list(method = "curl", destfile = tempfile(), quiet = quiet),
  descarga_db_diccionario_ssa_args = list(),
  ...
)

```

### Arguments

datos\_abiertos\_zip\_paths  
**(opcional)** Camino a los datos abiertos si ya los descargaste en zip

diccionario\_zip\_path  
**(opcional)** Camino al diccionario si ya losdescargaste en zip

diccionario\_unzipped\_path  
**(opcional)** Camino al diccionario csv si ya lo descargaste y descomprimiste el archivo zip en un csv

diccionario **(opcional)** Lo que resulta de realizar una descarga del diccionario usando descarga\_diccionario

read_format	<b>(opcional)</b> "duckdb" o "tibble" establece el formato de lectura de la base de datos. En la mayoría de los casos "tibble" va a resultar en un error de memoria. La opción de "duckdb" siempre es más rápida por lo cual es el default.
tblname	<b>(opcional)</b> Nombre de la tabla de duckdb donde guardar los datos por default se llama covidmx. Solo es relevante si estas usando el mismo dbdir para otro proyecto distinto.
drv	<b>(opcional)</b> Un driver para dbConnect (default duckdb::duckdb())
dbdir	<b>(opcional)</b> Dirección donde guardar la base de datos con terminación .duckdb. Corresponde al argumento de duckdb::dbConnect__duckdb_driver()
colClasses	<b>(opcional)</b> Clases de la columna para leer en duckdb::read_csv_duckdb().
download_process	<b>(opcional)</b> Método para descargar ya sea pins o download.file. Se recomienda pins pues guarda en memoria la fecha de la última descarga y analiza si ha pasado más de un día desde la descarga. En caso afirmativo verifica si el archivo ha cambiado y si hubo cambios entonces lo descarga.
site.covid.dic	<b>(opcional)</b> Sitio desde el cual descarga del diccionario de datos. La última verificación del sitio fue el 6 de septiembre 2022.
unzip_command	<b>(opcional)</b> Forma de extraer la base de datos de datos abiertos si unzip falla. La forma de llamarla es con system2(unzip_command, args = c(unzip_args, file_download_data)).
unzip_args	<b>(opcional)</b> Argumentos de extracción de la base de datos de datos abiertos si unzip falla. La forma de llamarla es con system2(unzip_command, args = c(unzip_args, file_download_data)).
unzip_args_dict	<b>(opcional)</b> Lista de argumentos para usar utils::unzip en el diccionario de datos.
check_unzip_install	<b>(opcional)</b> Bandera de verificación para checar si tienes lo necesario para unzippear los datos en el caso de que unzip no sirva.
clear_zip	<b>(opcional)</b> Si borrar los archivos .zip descargados para el diccionario y los datos abiertos. No se recomienda si estas usando pins. Ve la nota para más información.
clear_csv	<b>(opcional)</b> Si borrar los archivos .csv que se generan después de abrir el zip. El default es que si pues en general solo requieres el duckdb.
use_dict	<b>(opcional)</b> Si descargar el diccionario de site.covid.dic.
quiet	<b>(opcional)</b> Variable para no mostrar mensajes
cache_datos	<b>(opcional)</b> Dirección donde guardar los datos en memoria usando pins para no tener que volver a descargarlos si nada ha cambiado
use_cache_on_failure	<b>(opcional)</b> Booleana. Establece que si no se pueden descargar datos nuevos utilice los que tenga en memoria. Por default es TRUE.
cache_diccionario	<b>(opcional)</b> Dirección donde guardar el diccionario en memoria usando pins para no tener que volver a descargarlo si nada ha cambiado

**force\_download** (**opcional**) Analiza si cambio el pin y descarga datos nuevos en caso afirmativo aunque haya pasado menos de un dia.

**show\_warnings** (**opcional**) si arrojar warnings

**board\_url\_name** (**opcional**) Establece el nombre del pins::board\_url para los datos abiertos (si ya usas pins para que no se empalme). Por default se llama datos\_abiertos

**board\_url\_name\_dict** (**opcional**) Establece el nombre del pins::board\_url para los datos abiertos. Por default se llama diccionario\_covid

**download\_file\_args** (**opcional**) Lista de argumentos adicionales para download.file de los datos si se elige este metodo para descargar.

**descarga\_db\_diccionario\_ssa\_args** (**opcional**) Lista con argumentos adicionales para el pins::pin\_download de datos abiertos

**...** (**opcional**) Parametros adicionales para DBI::dbConnect.

**datos\_abiertos\_unzipped\_path** (**opcional**) Camino a los datos abiertos csv si ya los descargaste y descomprimiste el archivo zip en un csv

**datos\_abiertos\_tbl** (**opcional**) Camino a un archivo .duckdb con los datos formateados

**pragma\_memory\_limit** (**opcional**) Limite de memoria para el programa (ver **PRAGMAS**). Cambialo a que sea mas o menos la mitad de tu RAM. La forma mas sencilla es como una variable ambiental con Sys.setenv('pragma\_memory\_limit' = '1GB') por ejemplo para un limite de 1 gigabyte.

## Value

Lista de valores:

- **data** - Tabla conectada mediante DBI::dbConnect (si duckdb) o tibble (si tibble)
- **disconnect** - Funcion para cerrar la conexion a la base de datos.
- **dict** - Lista de tibbles con el diccionario de datos para cada variable

## Note

Para guardar tu base con duckdb cambia el dbdir a un archivo .duckdb. Como ejemplo dbdir = "ejemplo.duckdb".

## Examples

```

# Lee los datos de duckdb una vez descargados
# quita la opción de sites.covid para descargar los de la DGE. Esto es sólo un ejemplo.
file_ejemplo <- tempfile(fileext = ".duckdb")
dlink <- "https://github.com/RodrigoZepeda/covidmx/raw/main/datos_abiertos_covid19.zip"
datos_covid <- descarga_datos_abiertos(

```

```

    dbdir = file_ejemplo,
    sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE
  )
datos_covid$disconnect()

datos_covid <- read_datos_abiertos(file_ejemplo, show_warnings = FALSE)
datos_covid$disconnect()

# Es lo mismo que:
datos_covid <- read_datos_abiertos_duckdb(file_ejemplo, show_warnings = FALSE)
datos_covid$disconnect()

# Descarga los datos y lee de un zip guardandolos a la vez en
# base de nombre datos_desde_zip.duckdb
direccion_zip <- descarga_db_datos_abiertos_tbl(sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE)
datos_covid <- read_datos_abiertos(direccion_zip,
  dbdir = file_ejemplo,
  show_warnings = FALSE
)
datos_covid$disconnect()

# Es lo mismo que:
datos_covid <- read_datos_abiertos_zip(direccion_zip,
  dbdir = file_ejemplo,
  show_warnings = FALSE
)
datos_covid$disconnect()

# Descarga los datos y lee de un csv
direccion_zip <- descarga_db_datos_abiertos_tbl(sites.covid = dlink, show_warnings = FALSE)
direccion_csv <- unzip_db_datos_abiertos_tbl(direccion_zip)
datos_covid <- read_datos_abiertos(direccion_csv, show_warnings = FALSE)
datos_covid$disconnect()

# Es lo mismo que:
direccion_csv <- unzip_db_datos_abiertos_tbl(direccion_zip)
datos_covid <- read_datos_abiertos_csv(direccion_csv, show_warnings = FALSE)
datos_covid$disconnect()

```

---

update\_covidmx

*Actualiza el paquete covidmx*

---

## Description

Descarga e instala la version mas reciente de covidmx desde Github <https://github.com/RodrigoZepeda/covidmx>

## Usage

```
update_covidmx(quiet = FALSE, force = FALSE, ...)
```

### Arguments

quiet            **(opcional)** Determina si instalar en silencio  
force            **(opcional)** Determina si forzar la reinstalacion  
...               **(opcional)** Parametros adicionales para `remotes::install_github()`

### Value

Ningún valor. Se llama para actualizar el paquete a la versión más reciente desde Github.

### Note

Actualiza el paquete instalando todas las dependencias necesarias.

### Examples

```
## Not run:  
# Actualiza el paquete de covidmx de Github | Updates the covidmx package from Github  
update_covidmx()  
  
## End(Not run)
```

# Index

## \* datasets

datosabiertos, 16

casos, 2

casos(), 10, 15, 21, 34, 39, 40, 44, 46

cfr, 8

cfr(), 6, 15, 34, 39, 44

check\_sites, 12

chr, 12

chr(), 6, 10, 34, 39, 44

datosabiertos, 16

descarga\_datos\_abiertos, 17

descarga\_datos\_abiertos(), 3, 6, 8, 10, 13, 15, 20, 23, 25, 26, 31, 32, 34, 36, 42, 44, 46

descarga\_datos\_red\_irag, 22

descarga\_datos\_red\_irag(), 21, 25, 31, 46

descarga\_datos\_variantes\_GISAID, 24

descarga\_datos\_variantes\_GISAID(), 21, 23, 31, 46

descarga\_db, 26

descarga\_db(), 20, 26

descarga\_db\_datos\_abiertos\_tbl (descarga\_db), 26

descarga\_db\_datos\_abiertos\_tbl(), 20, 26

descarga\_db\_diccionario\_ssa (descarga\_db), 26

descarga\_db\_diccionario\_ssa(), 20, 26

descarga\_diccionario (descarga\_db), 26

descarga\_diccionario(), 20, 26

duckdb::dbConnect\_\_duckdb\_driver(), 18, 29, 45, 50

EpiEstim::estimate\_R(), 32, 33

EpiEstim::make\_config(), 33

estima\_rt, 32

estima\_rt(), 6, 10, 15, 44

ggformula::geom\_spline(), 39

ggplot2::facet\_wrap(), 39

ggplot2::scale\_x\_date(), 39

ggplot2::theme\_classic(), 39

lubridate::epiweek(), 25

numero\_pruebas, 35

numero\_pruebas(), 6, 10, 15, 34, 44

parse\_db\_datos\_abiertos\_tbl (descarga\_db), 26

parse\_db\_datos\_abiertos\_tbl(), 20, 26

parse\_db\_diccionario\_ssa (descarga\_db), 26

parse\_db\_diccionario\_ssa(), 20, 26

pega\_db\_datos\_abiertos\_tbl\_y\_diccionario (descarga\_db), 26

pega\_db\_datos\_abiertos\_tbl\_y\_diccionario(), 20, 26

pins::board\_url(), 22, 24

pins::pin\_download(), 23, 24

plot\_covid, 39

positividad, 41

positividad(), 6, 10, 15, 34, 39

read\_datos\_abiertos, 45

read\_datos\_abiertos(), 3, 8, 13, 20, 21, 23, 25, 26, 31, 32, 36, 42, 47

read\_datos\_abiertos\_csv (read\_datos\_abiertos\_zip), 47

read\_datos\_abiertos\_csv(), 47

read\_datos\_abiertos\_duckdb (read\_datos\_abiertos\_zip), 47

read\_datos\_abiertos\_duckdb(), 47

read\_datos\_abiertos\_zip, 47

read\_datos\_abiertos\_zip(), 47

remotes::install\_github(), 53

rt(), 39

unzip\_db\_datos\_abiertos\_tbl (descarga\_db), 26

`unzip_db_datos_abiertos_tbl()`, [20](#), [26](#)  
`unzip_db_diccionario_ssa (descarga_db)`,  
[26](#)  
`unzip_db_diccionario_ssa()`, [20](#), [26](#)  
`update_covidmx`, [52](#)