

Estudio comparativo de modelos epidemiológicos utilizando técnicas convencionales y modelos basados en individuos

López Leonardo^{*1}, Burguener Germán^{*1}, Giovanini Leonardo²

¹ Universidad Nacional de Entre Ríos (U.N.E.R) Facultad de Ingeniería

² Universidad Nacional del Litoral (U.N.L) sinc(i)

* Participaron equitativamente

Los modelos compartimentales son muy populares entre epidemiólogos. Este tipo de modelos se comportan bien cuando se trata con poblaciones de gran tamaño, con distribución homogénea y teniendo en cuenta una correcta elección de las funciones que determinan las relaciones entre los diferentes compartimientos. Lo que hace a este tipo de modelos atractivo en ciencias biológicas es su “intuitiva razonabilidad”, pero ignoran factores importantes inherentes al problema como puede ser el contacto entre los individuos y la heterogeneidad de la población a estudiar. Los modelos celulares resultan adecuados para modelar sistemas naturales que puedan ser descriptos como una colección masiva de objetos simples; en este caso los individuos de una población interactúan localmente entre sí y pueden evolucionar a través de varios estados (enfermos, sanos, recuperados) como resultado de dichas interacciones.

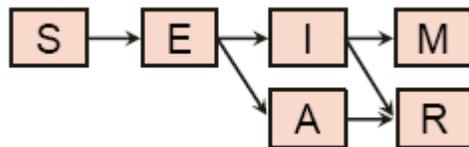
Los **objetivos** de este trabajo son:

- Estudiar efectos de heterogeneidad y estocasticidad en la evolución de las epidemias mediante el uso modelos basados en individuos.
- Ajustar el modelo a los datos de la pandemia de gripe de 1918 en la ciudad suiza de Ginebra.
- Comparar los resultados obtenidos con los modelos poblacionales clásicos, basados en ODE (Ordinary Differential Equations)

Hipótesis

Las asunciones básicas en el **modelo compartimental** son:

- Se consideran un número determinado de posibles estados posibles de la población: S (Susceptibles, pueden infectarse), E (Expuestos, se han infectado pero aun no pueden infectar), I (Infecciosos, presentan síntomas y alta tasa de infección), A (Asintomáticos, no presentan síntomas y tienen baja tasa de infección), R (Recuperados, no pueden infectarse nuevamente), M (Muertos debido a la enfermedad).
- Las tasas vegetativas de nacimiento y defunción en el período analizado se consideran iguales. Esto implica que la población total se mantiene constante. Los nacidos ingresan al compartimiento S; los fallecidos por causas naturales egresan de S, E, I, A y R.
- La tasa de disminución en cada compartimiento es proporcional a su población (a mayor población, mayor cantidad de individuos se vuelve expuesta, infectada, recuperada o fallece).
- La tasa de incremento de E es proporcional al numero de contactos entre S e I y entre S y A.
- La tasa de incremento de I y A son proporcionales a la población en E. La tasa de incremento en M es proporcional a I y en R, es proporcionales I y A.
- La población se encuentra distribuida en forma homogénea.
- El flujo entre compartimientos es unidireccional:



Para el modelo basado en individuos, algunas ya no se asume que la distribución espacial de individuos sea homogénea. Tampoco se asume una tasa de infección homogénea, y se ensayarán diferentes distribuciones de probabilidad posible, incluyendo la presencia de “superspreaders”. Las tasas de incremento o disminución también son probabilísticas a nivel de individuo.

Métodos

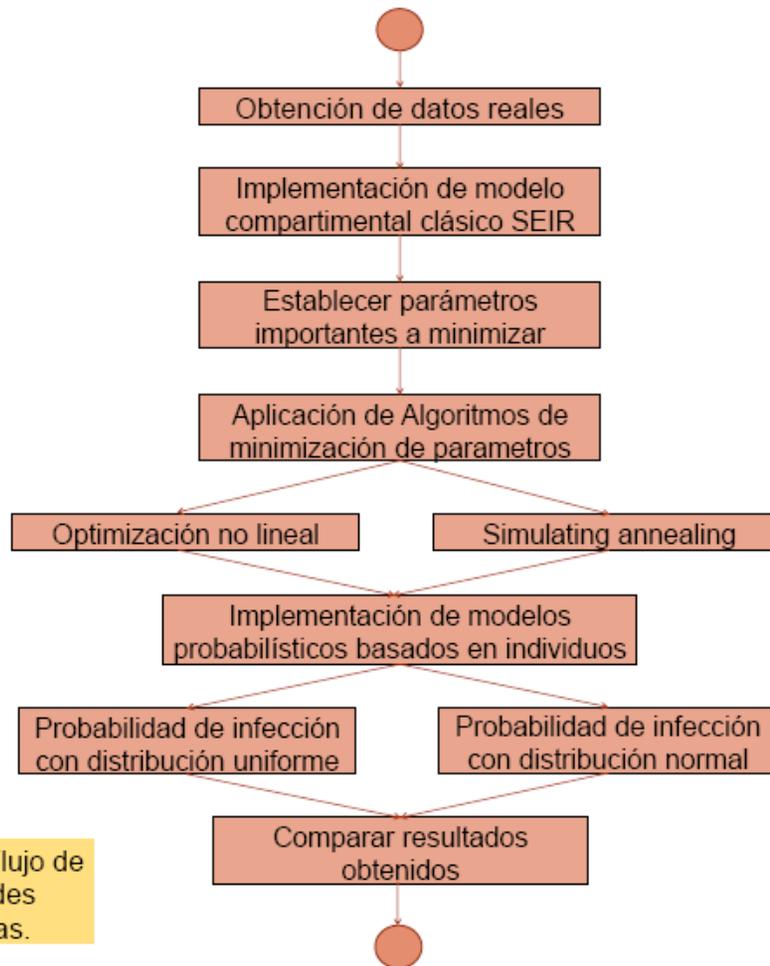


Fig .1. Flujo de actividades realizadas.

Resultados

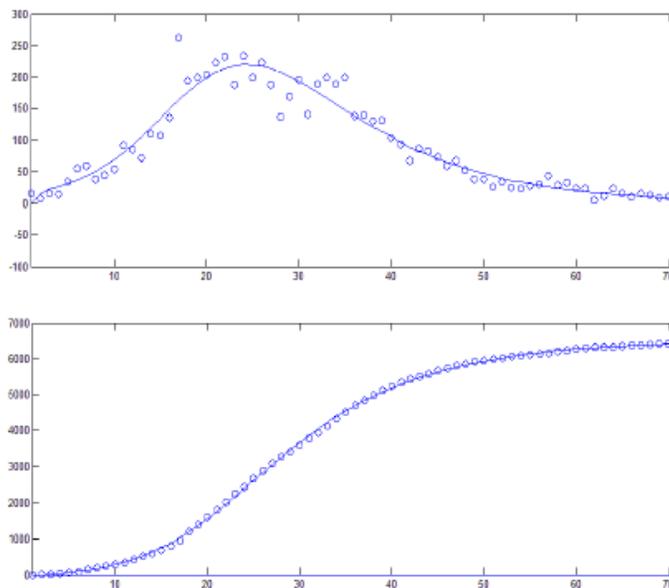


Fig .2. Curva de individuos infectados del modelo SEIR compartimental y acumulada de la función, ajustados utilizando optimización no lineal y simulated annealing.

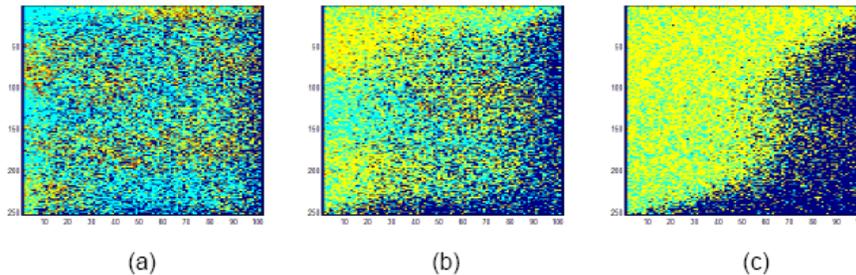


Fig . 3. Evolución de los individuos a través de los estados posibles: Susceptible (turquesa), Expuestos (naranja), Infeccioso (rojo), Asintomático (verde), Recuperado (amarillo) . Los muertos (naturales o por enfermedad,) se remueven de la grilla, pasando a color azul (casilla vacía) . En las figuras 4(a), 4(b) y 4(c) se muestran los días 10, 30 y 71 de epidemia, respectivamente. Modelo con probabilidad de infección normal.

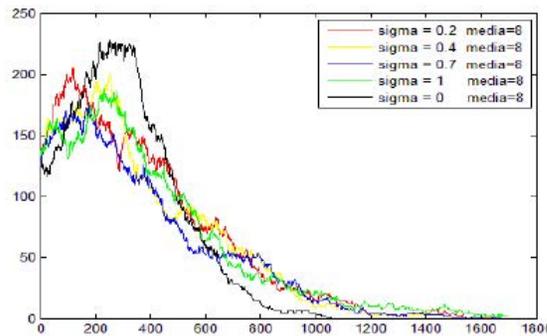


Fig .4. Curvas de evolución de individuos en estado infeccioso, usando diferente desviación estándar en cada caso.

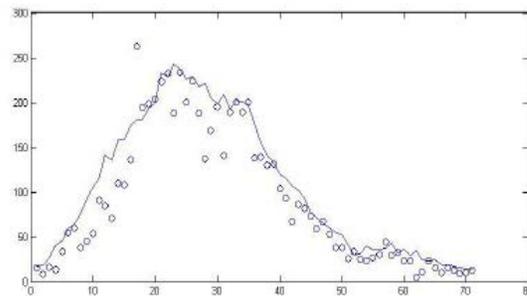


Fig .5. Curva de evolución de individuos en estado infeccioso con distribución de probabilidad normal contra los datos reales

Conclusiones

Los modelos compartimentales clásicos resultan eficientes en casos en donde se intenten modelar fenómenos que inciden sobre en una población que se asume homogénea. Esta hipótesis se cumple satisfactoriamente en poblaciones grandes pero resulta menos precisa si se aplica en poblaciones mas pequeñas.

La aplicación de un modelo basado en autómatas celulares permitió capturar fenómenos emergentes de heterogeneidad antes ignorados. Usando distintas distribuciones de probabilidad se puede producir un comportamiento más cercano a los datos reales. La presencia de pequeños rebrotes durante una oleada mayor pueden explicarse por la presencia de superspreaders, los cuales surgen en forma natural si modelamos la tasa de infección como una distribución de probabilidad.

Referencias

1. G. Chowella, C.E. Ammonb, N.W. Hengartnera, J.M. Hymana. (2006) "Transmission dynamics of the great influenza pandemic of 1918 in Geneva, Switzerland: Assessing the effects of hypothetical interventions".
2. Ottar Bjørnstad. (2005) "SEIR models".
3. Herbert W. Hethcote. (2000) "The Mathematics of Infectious Diseases".
4. G. Rousseau, B. Giorgini, R. Livi, H. Chat. (1997) "Dynamical phases in a cellular automaton model for epidemic propagation"
5. Shih Ching Fu and George Milne. "Epidemic Modelling Using Cellular Automata".