

Análisis temporal de epidemias – TOPICOS AVANZADOS

- **Modelos** – los más importantes

- Logístico $dy/dt = r_L y(1-y)$

- Monomolecular $dy/dt = r_M(1-y)$

- Gompertz $dy/dt = r_g y[-\ln(y)]$

- También pueden ser usados otros modelos (el exponencial como una aproximación del logístico, etc), pero estos tres son de fundamental importancia

- **En común**

- Una variable de intensidad de enfermedad y

- Un parámetro en la ecuación dy/dt (tasa)

- Integración: dos parámetros en total

- (Richards y Weibul también tienen un parámetro de forma)

TOPICOS AVANZADOS

- Por simplicidad en la presentación, vamos a considerar el modelo logístico (epidemia policíclica: $dy/dt = r_L y(1-y)$)
- Muchas otras características de una epidemia se pueden considerar analizando el modelo logístico en forma generalizada
- Ejemplos:
 - Un máximo de intensidad de enfermedad menor a 1.0 (<100%)
 - Un parámetro de “tasa” que realmente cambie sistemáticamente sobre el tiempo
 - Incrementado (o no) las condiciones favorables del ambiente
 - Agregación espacial de la intensidad de la enfermedad
 - Particionar y dentro de sus componentes (latencia, infecciosidad, y remoción de la enfermedad)

Máximo $y < 1$

- Hasta ahora hemos asumido (implícitamente) que y alcanzará 1 (o llegará muy cerca) si hay suficiente tiempo
- Sin embargo, para algunas epidemias, la intensidad de la enfermedad progresa hacia algún valor, K , que puede ser menor a 1
- K :
 - Máximo posible y (asintótico)
 - En modelos, este punto $K=1$ $y=0.999999$
 - Una asíntota: un valor que es una aproximación en el límite
 - $K < 1$: se debe a muchas causas posibles, por ejemplo:
 - Debido al ambiente (en sentido amplio) , huésped (no todo el tejido observado o individuos es susceptible)

Máximo $y < 1$

- No hay que confundir y final que es menor a 1, debido a una epidemia truncada (cosecha, línea azul) con un y máximo que está siendo alcanzado, y que alcanzará si el tiempo lo permite (líneas negra y roja)
 - Existe una **nivelación** de la curva cuando se está alcanzando el máximo
- Existe una forma muy directa de tratar el modelo cuando $K < 1$
- Modelo logístico: $dy/dt = r_L y (1 - y/K) = r_L y [(K - y)/K]$
- Monomolecular: $dy/dt = r_M (K - y)$

Máximo $y < 1$

$$\frac{dy}{dt} = r_L y \left(\frac{K - y}{K} \right)$$

$$y = \frac{K}{1 + \left(\frac{K - y_0}{K} \right) e^{-r_L t}} = \frac{K}{1 + \exp \left[- \left(\ln \left(\frac{y_0}{1 - y_0} \right) + r_L * t \right) \right]}$$

$$\ln \left(\frac{y}{K - y} \right) = \ln \left(\frac{y_0}{K - y_0} \right) + r_L * t$$

$$y^* = \ln \left(\frac{y}{K - y} \right)$$

Máximo $y < 1$

- Para cada modelo de curva de progreso de enfermedad existe una “*versión K*”
 - K es un nuevo parámetro (ahora los modelos integrados tienen *tres parámetros*)
- El modelo presentado en la filmina anterior asume $K=1$
 - Por ejemplo si se sustituye 1 por K en el modelo expandido anterior, se obtiene el modelo previo
- Aunque se pueda obtener una línea recta del modelo de progreso de enfermedad, el modelo no es lineal en sus parámetros
 - Esto es, K aparece como una función en la parte izquierda (como parte de y)
 - No se puede estimar directamente K usando regresión lineal
- Ajuste del modelo (estimación del parámetro)
 - Cuadrados mínimos no lineales
 - O: prueba y error lineal: Probar varios K , y usar el K que dé mejor ajuste
 - » Análogo para evaluar diferentes modelos

Máximo $y < 1$

Máximo $y < 1$

–Hasta ahora ha sido muy conveniente considerar el progreso de la enfermedad sobre el tiempo tomando en consideración una variable aleatoria, y , representada en una escala de proporción

–Sin embargo, se puede realmente pensar el progreso de la enfermedad pensando en dos variables, y & libre de enfermedad (sano=healthy; $h=1-y$)

- $y+h=1$

–Se puede también considerar **enfermo** y **sano** en unidades absolutas

- Ej. Número de individuos enfermos (Y) y número de individuos sanos (H); área del tejido foliar enfermo y sano

- Por conveniencia, nos referiremos a “individuos”

–Vamos a usar N para el tamaño de huésped (ej. Número de individuos)

- Luego: $N = Y + H$; $H = N - Y$

- $y = Y/N$ $h = H/N$

- $Y = yN$ $H = hN$

Versiones de epidemias con Y & H ; modelos....

–Consideremos $K=1$

- Ej. Y máximo es N

 - Puede ser $K.N$

–Consideremos solo policíclica y logística

- $dy/dt=r_L \cdot y(1-y)$

- Multiplicamos ambos lados por N

- $d(y \cdot N)/dt=r_L(y \cdot N)(1-y)$

- $dY/dt = r_L Y[(N-Y)/N] *$

–Consideraciones directas sobre Y son útiles en:

- Cuantificación de pérdidas de producción

- Cambio en tamaño del huésped

- Otros tópicos sobre análisis de epidemias

- Consideremos el modelo para tamaño de huésped junto con el modelo para Y

Versiones de epidemias con Y & H ; modelos....

*

$$y = \frac{K}{1 + \left(\frac{N - Y_0}{Y_0} \right) e^{-rt}}$$

$$\begin{aligned}\frac{dY}{dt} &= r_l Y \left(\frac{N - Y}{N} \right) = \left(\frac{r_l}{N} \right) Y (N - Y) = \\ &= \alpha Y H; \alpha = \left(\frac{r_l}{N} \right); N = Y + H\end{aligned}$$

Si N (tamaño del huésped) no está cambiando:

$$\frac{dH}{dt} = -\frac{dY}{dt}$$

Por lo tanto,

$$\begin{aligned}\frac{dH}{dt} &= -\alpha Y H \\ \frac{dY}{dt} &= +\alpha Y H\end{aligned}$$

Acoplando ecuaciones diferenciales

- **Excesiva** formulación para el caso de N fijo (Huésped total no cambia)
- Pero qué pasa si la población de huéspedes cambia?
 - Luego, el modelo se expande para dH/dt

$$-dH/dt = -\alpha YH + \Omega H(1 - H/K_H)$$

– Logistic crece en H sobre el tiempo (con una tasa parámetro Ω , y un máximo de K_H)

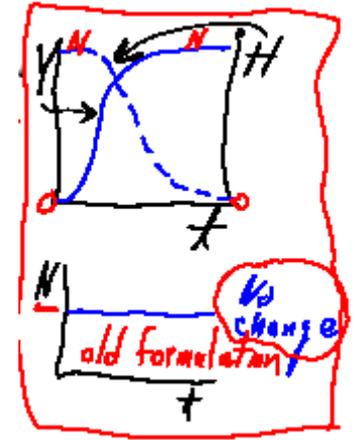
– Por lo tanto, $N = (Y + H)$ es dinámico

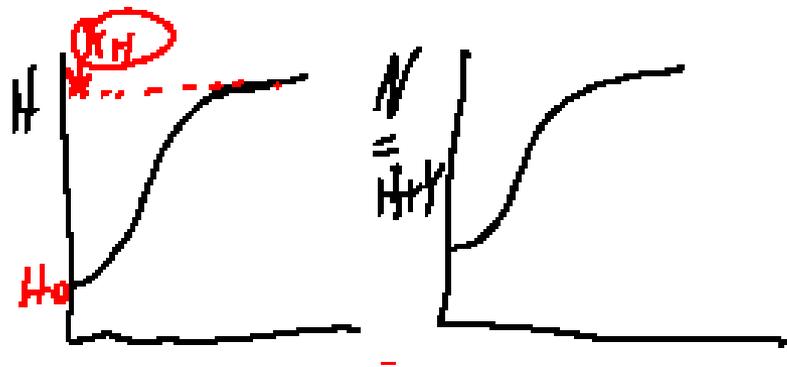
– H cambia (crece) aún cuando no haya enfermedad presente

– Una aproximación es crítica cuando H cambia mucho durante el curso de la epidemia

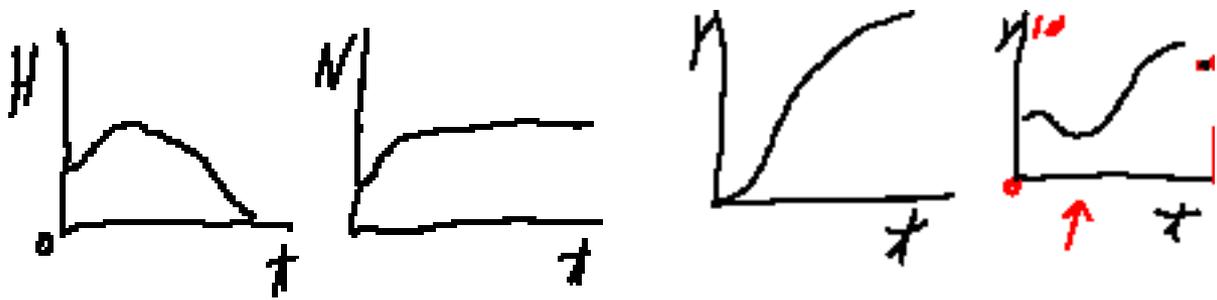
– Razón; $y = Y/N = Y/(H + Y)$ puede disminuir aún si Y está siempre creciendo

– Enfermedad libre no es fija





No enfermedad $dY/dt=0$



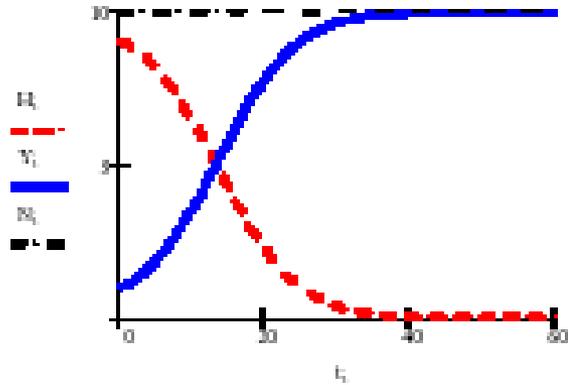
Depende de $\alpha (=r_L/N)$ y de Ω y de $H_0 Y_0$

$$\frac{dH}{dt} = -\alpha YH + \Omega H \left(1 - \frac{H}{K_H} \right)$$

$$\frac{dY}{dt} = +\alpha YH$$

$$N = Y + H$$

$$Y = \frac{Y}{Y + H}$$

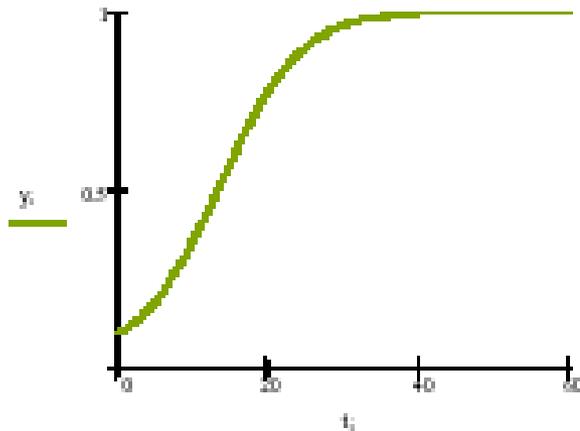


$$H_0=9, \Omega=0/\text{día}, K_H=10$$

$$Y_0=1, \alpha=0.02/\text{día}, K=1$$

$$(r_L=0.02 \cdot 10=0.2/\text{día})$$

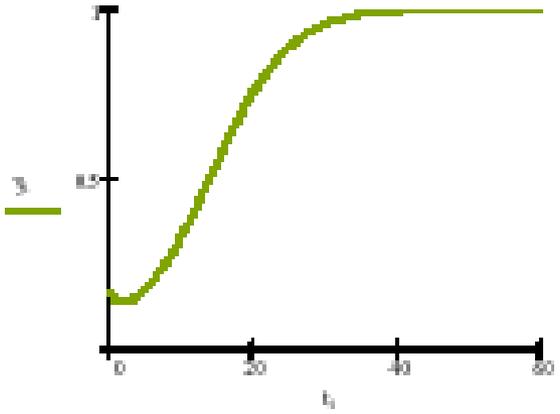
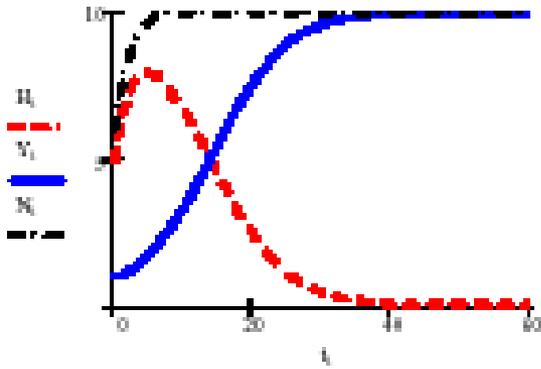
$$y_0=1/(9+1)=0.10$$



“No crecimiento del huésped”

$$(N=10=H+Y)$$

Puede trabajar con H, Y ó y (con tamaño de huésped fijo)



$H_0=5, \Omega=0.7/\text{día}, K_H=10$

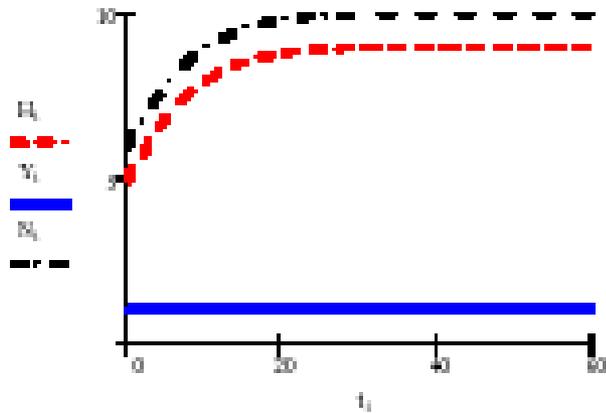
$Y_0=1, \alpha=0.02/\text{día}, K=1$

$(r_L=0.02 \cdot 10=0.2/\text{día})$

$y_0=1/(5+1)=0.167$

“Crecimiento rápido del huésped”

“Incremento moderado de la enfermedad” (N cambia)

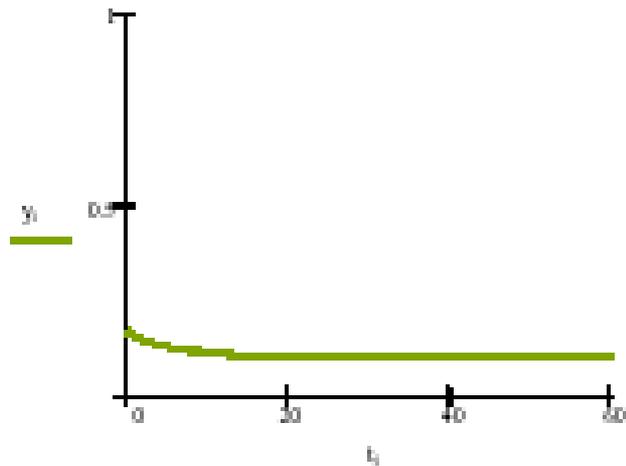


$$H_0=5, \Omega=0.2/\text{día}, K_H=10$$

$$Y_0=1, \alpha=0/\text{día}, K=1$$

$$(r_L=0/\text{día})$$

$$y_0=1/(5+1)=0.167$$



“Crecimiento moderado del huésped”

“no hay Incremento de la enfermedad”

Cambio de tamaño del huésped

–Especialmente importante cuando:

- La tasa de crecimiento de huésped es alta, relativa a la incremento de la tasa de la enfermedad

- Enfermedades de raíces (crecimiento de las raíces en suelo). Enfermedades de tejidos foliares, con incrementos a lo largo del tiempo (por decir, desde emergencia a cosecha), y no un elevado número de nuevas infecciones por día

- H_0 está muy cerca del límite superior de H

–Se pueden usar muchas fórmulas

- dH/dt ="parámetro" tasa (Ω) depende de y

$$-\Omega' = \Omega y$$

–Generalmente, no se puede integrar ecuaciones para obtener $Y=f(t)$, $H=f(t)$

- Se requiere la **integración numérica**

–El concepto de $H+Y=N$ es muy importante para un mejor entendimiento de la epidemia

–Hay bastante estudios en artículos escritos por C.A. Gilligan (y colegas) para enfermedades de las raíces; M. Jeger (y colegas) para enfermedades foliares