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 una parámetro de forma)

TOPICOS AVANZADOS

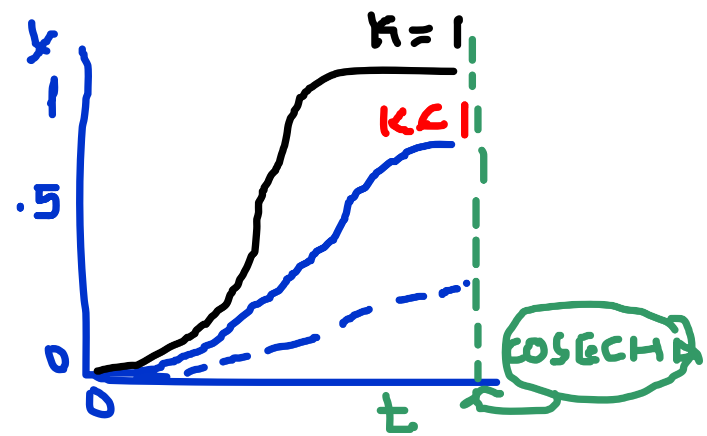
- Por simplicidad en la presentación, vamos a considerar el modelo logístico (epidemia policíclica: $dy/dt = r_L y(1-y)$
- Muchas otras características de una epidemia se pueden considerar analizando el modelo logístico en forma generalizada
- Ejemplos:
  - Un máximo de intensidad de enfermedad menor 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, infecciocidad, 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 alguna 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*: muchas causas posibles
    - Debido al ambiente (en sentido amplio) , huésped (no todo el tejido observado o individuos son susceptible)

Máximo *y*<1

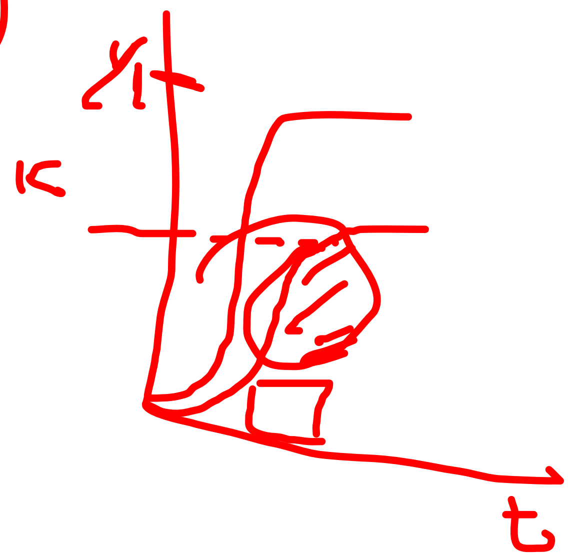
- No hay que confundir *y* final que es menor a 1, debido a una epidemia truncada (cosecha, línea azul) con un *y* máximo que está siendo alcanzado, y que alcanzará si el tiempo lo permite (líneas negra y roja)
  - Existe una nivelación de la curva cuando se está alcanzando el máximo
- Existe una forma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



y = enf

1 - y = sano

$1 - \frac{y}{K}$ $\frac{y - y}{K}$



Máximo $y<1$

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

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

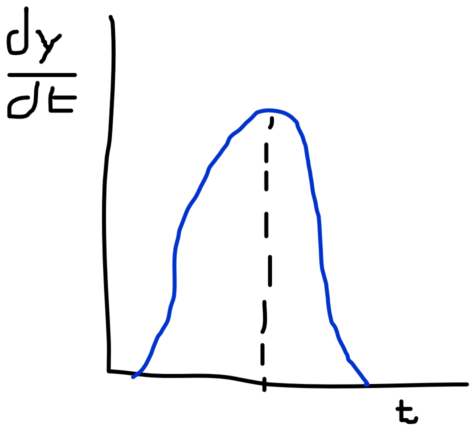
$$\ln\left(\frac{y}{k-y}\right) = \ln\left(\frac{y_0}{k-y_0}\right) + r_l * t$$

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

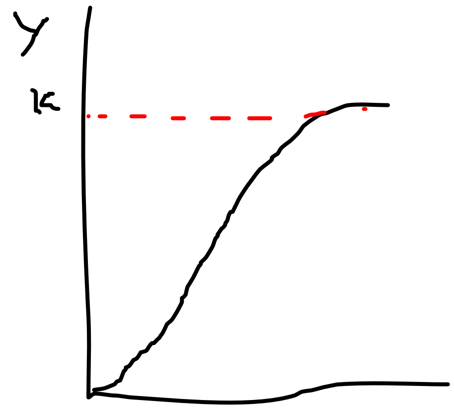
Máximo y<1

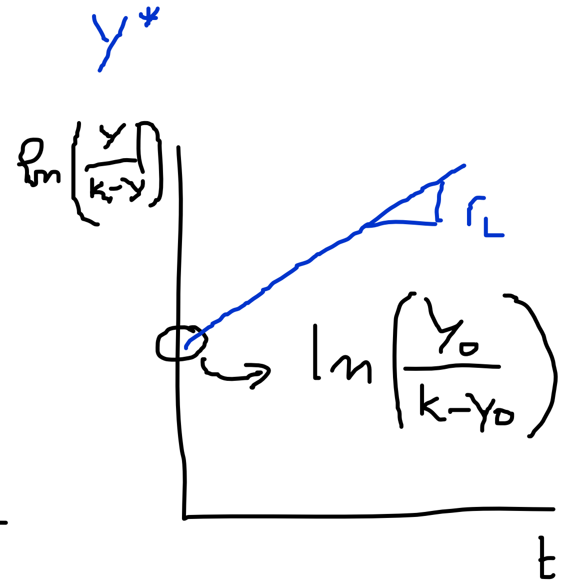
- Para cada modelo de curva de progreso de enfermedad existe una *"versión K"*
  - *K* es un nuevo parámetro (ahora los modelos integrados tienen *tres parámetros)*
- El modelo presentado en la filmina anterior asume K=1
  - Por ejemplo si se sustituye 1 por *K* en el modelo expandido anterior, se obtiene 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

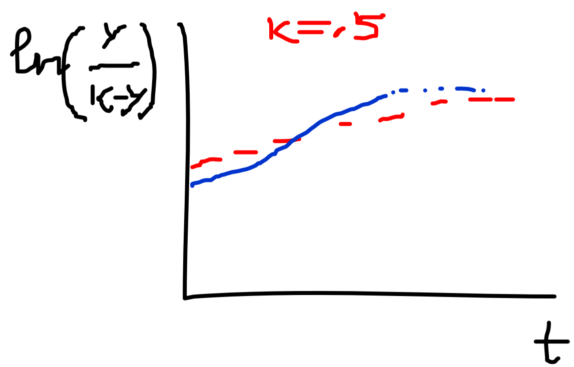
Máximo y<1



max
$$y = \frac{k}{2}$$
$$y = \frac{1}{2}$$







Máximo $y<1$

– Hasta ahora ha sido muy conveniente considerar el progreso de la enfermedad sobre el tiempo tomando en consideración una variable aleatoria, $\underline{y}$, 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"

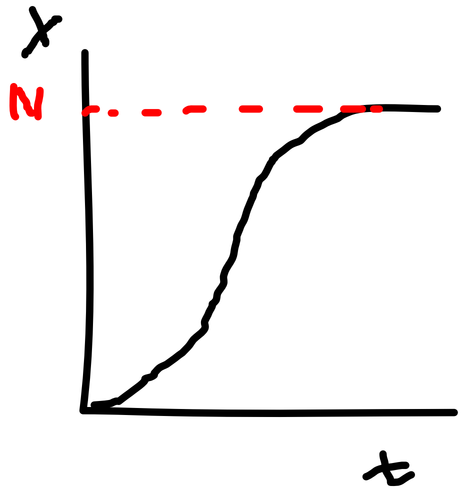
– Vamos a usar N para el tamaño de huésped (ej. Número de individuos)

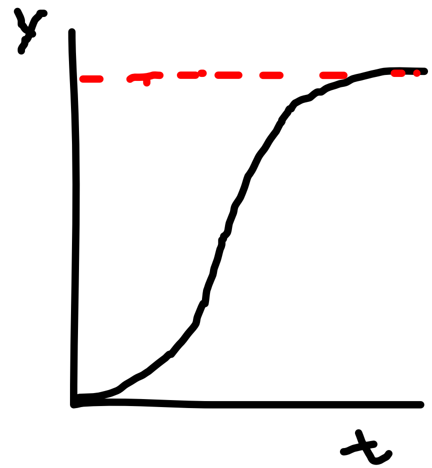
  - Luego: $N= Y+H$; $H=N-Y$
    - $y= Y/N$ $\quad$ $h=H/N$
    - $Y=yN$ $\quad$ $H=hN$

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

- –Consideremos $K=1$
  - •Ej. Y máximo es N
    - –Puede ser K.N
- –Consideremos solo policíclica y logística
  - •$dy/dt=r_L.y(1-y)$
  - •Multiplicamos ambos lados por N
  - •$d(y.N)/dt=r_L(y.N)(1-y)$
  - •$dY/dt \quad = r_L Y[(N-Y)/N]$ *
- –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….





*

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

$$\frac{dY}{dt} = r_l Y\left(\frac{N-Y}{N}\right) = \overbrace{\left(\frac{r_l}{N}\right)}^{\alpha} Y\overbrace{\left(N-Y\right)}^{H} =$$

$$= \alpha YH; \alpha = \left(\frac{r_l}{N}\right); N = Y + H$$

Si *N* (tamaño del huésped) no está cambiando:

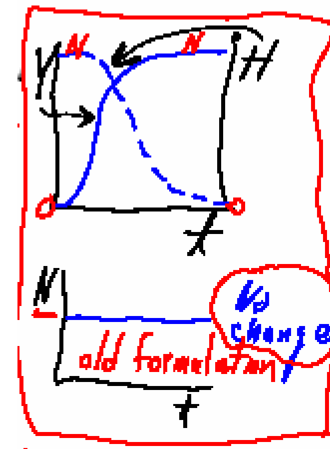
$$\frac{dH}{dt} = \frac{dY}{dt}$$

Por lo tanto,

$$\frac{dH}{dt} = -\alpha YH$$

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

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 tas parámetro **Ω,** y un máximo de K_H

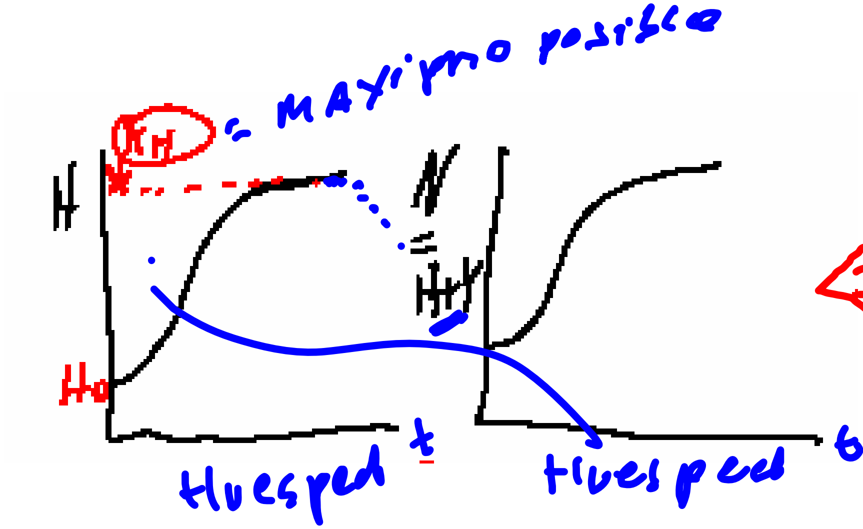
Ky

  - –Por lo tanto, N(=Y+H) es dinámico
  - –*H* cambia (crece) aún cuando no haya enfermedad presente

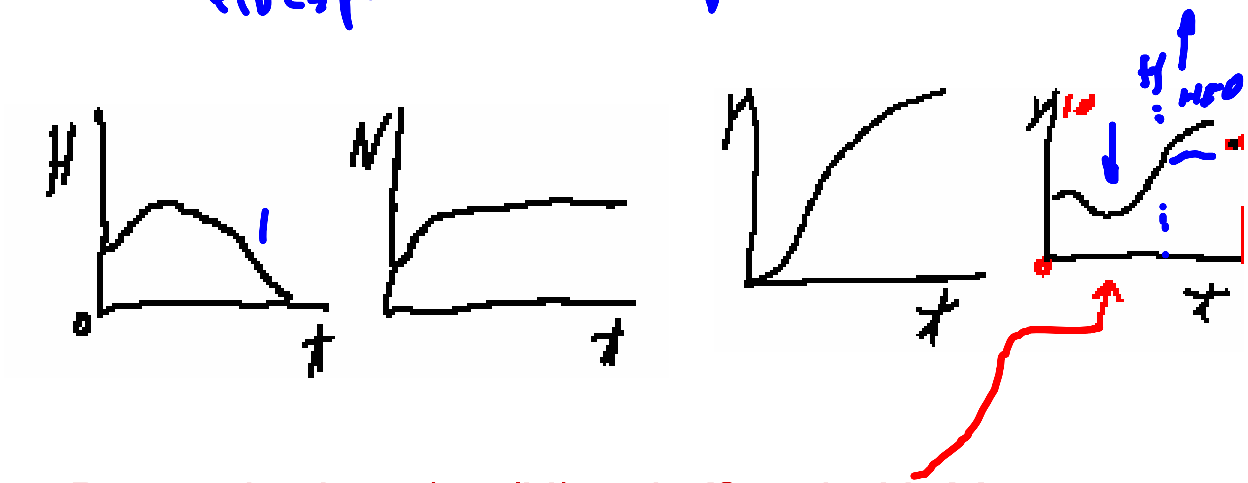
–Una aproximación es crítica cuando H cambia mucho durante el curso de la epidemia

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

–Enfermedad libre no es fija



No enfermedad $dY/dt=0$



enf
uno
Ej.

Depende de α (=r_L/N) y de Ω y de H_0 Y_0

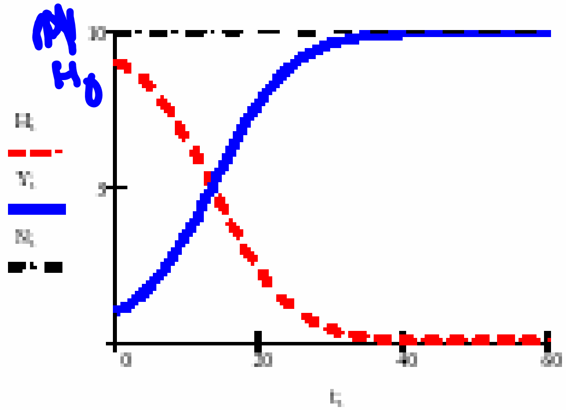
$\alpha = \frac{r_L}{N}$; si $Y = \overrightarrow{0}$; $r_L = 0$ $\therefore$ $-\alpha YH = 0$

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

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

$$N = Y + H$$

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



— $N = H + Y$

-- H

— Y

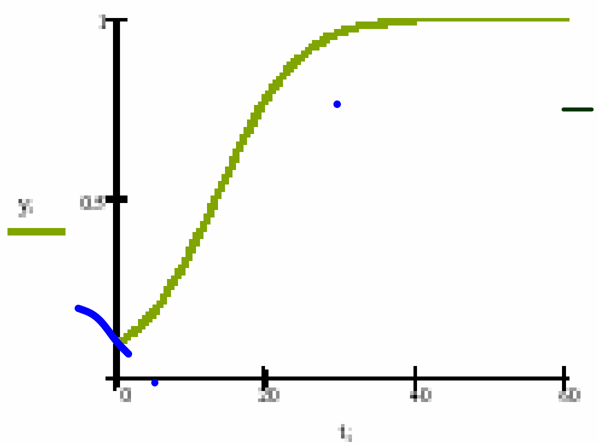
H_0=9, Ω=0/día. K_H=10

$\alpha : \frac{r_L}{N} \rightarrow$

Y_0=1, α=0.02/día, K=1

(r_L=0.02.10=0.2/día

y_0=1/(9+1)=0.10



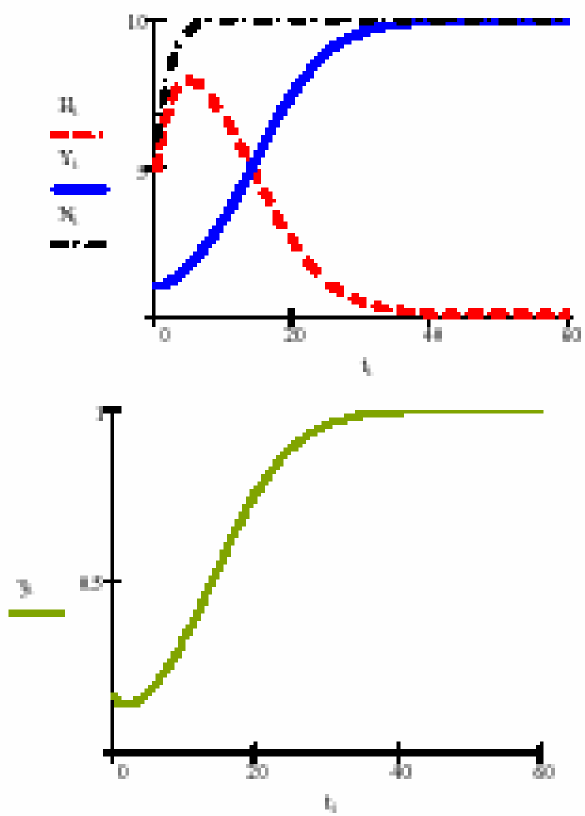
— $y = \frac{Y}{N}$

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

“No crecimiento del huésped”

(N=10=H+Y)

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



— $N = H + Y$

-- H

— Y

— $y = \frac{Y}{N}$

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

H_0=5, Ώ=0.7/día. K_H=10

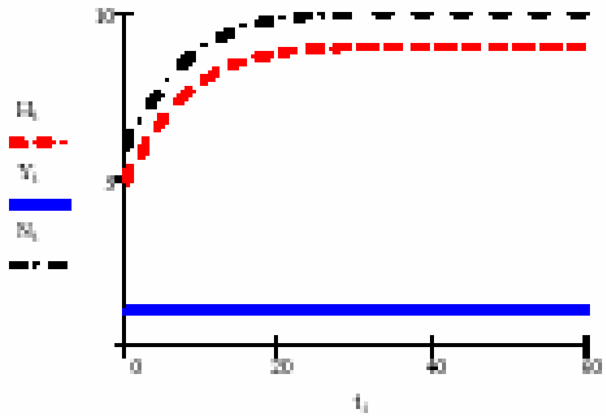
Y_0=1, α=0.02/día, K=1

(r_L=0.02.10=0.2/día

y_0=1/(5+1)=0.167

“Crecimiento rápido del huésped”

“Incremento moderado de la enfermedad” (N cambia)



— $N = H + Y$

-- H

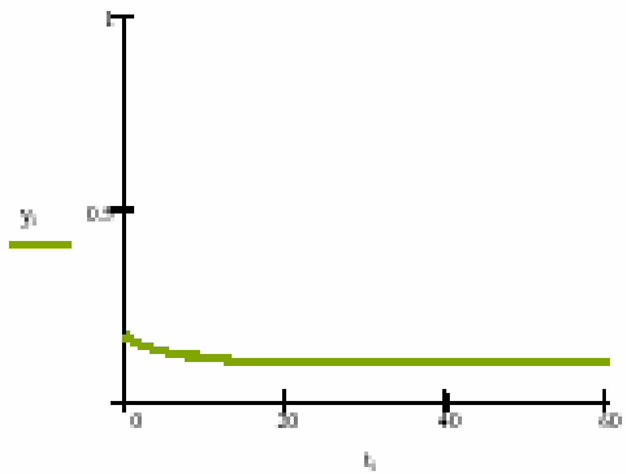
— Y

$H_0=5$, $\Omega=0.2$/día. $K_H=10$

$Y_0=1$, $\alpha=0$/día, $K=1$

($r_L=0$/día

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



— $y = \frac{Y}{N}$

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

"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 (Ώ) depende de *y*
  - –Ώ'= Ώ*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