MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS BASADOS EN ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS

Hyun Ho, Shin

Facultad de Ciencias y Tecnología – UAA
Núcleo de Investigación y Desarrollo Tecnológico, Facultad Politécnica – UNA
Aplicaciones Industriales, Facultad de Ciencias Químicas – UNA

14,15,17,18 de Junio de 2021

PINV20-40: "Simulación de modelos epidemiológicos para predicción y contingencia del COVID-19"

CONSEJO NACIONAL DE CIENCIA Y TECNOLOGÍA
CONACYT

PROCIENCIA
PROGRAMA PARAGUAYO PARA EL DESARROLLO DE LA CIENCIA Y TECNOLOGÍA

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ASUNCIÓN

Con el apoyo de:
Feei
Fondo para la Excelencia de la Educación y la Investigación

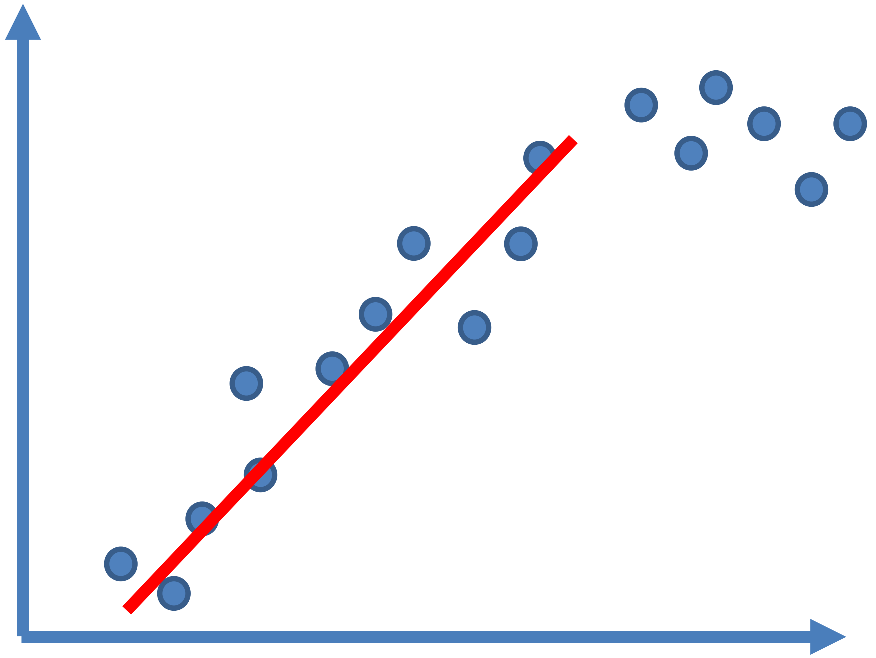
Contenido

1. Modelos matemáticos
2. Modelos Epidemiológicos
3. Análisis del modelo SEIR: análisis cualitativo
4. Resolución numérica
5. Determinación de Parámetros
6. R
7. Comentarios finales

Modelado

- Correlaciones

  - No es adecuado para estudiar la dinámica porque la dinámica está limitada por la ecuación de correlación.
  - Funciona sólo para el conjunto de datos que se tiene.



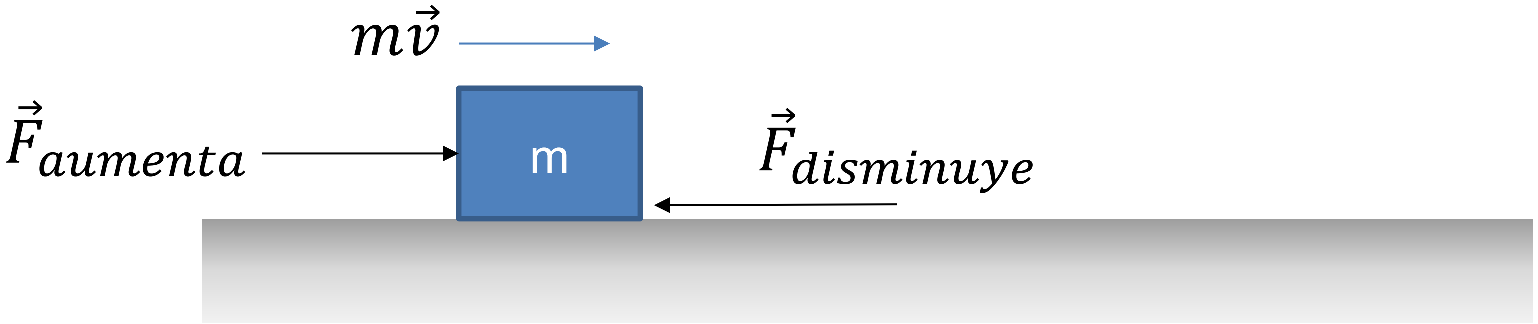
Modelado

- Ecuaciones diferenciales

$$\frac{d(m\vec{v})}{dt} = \vec{F}$$

Ecuación de balance de cantidad de movimiento

$$\vec{F} = \vec{F}_{aumenta} - \vec{F}_{disminuye}$$



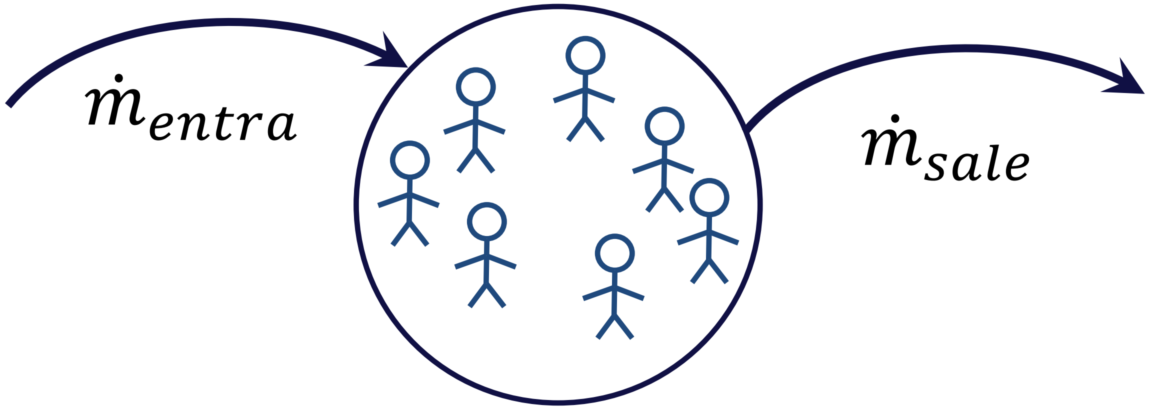
Modelado

- Ecuaciones diferenciales: balance de masa

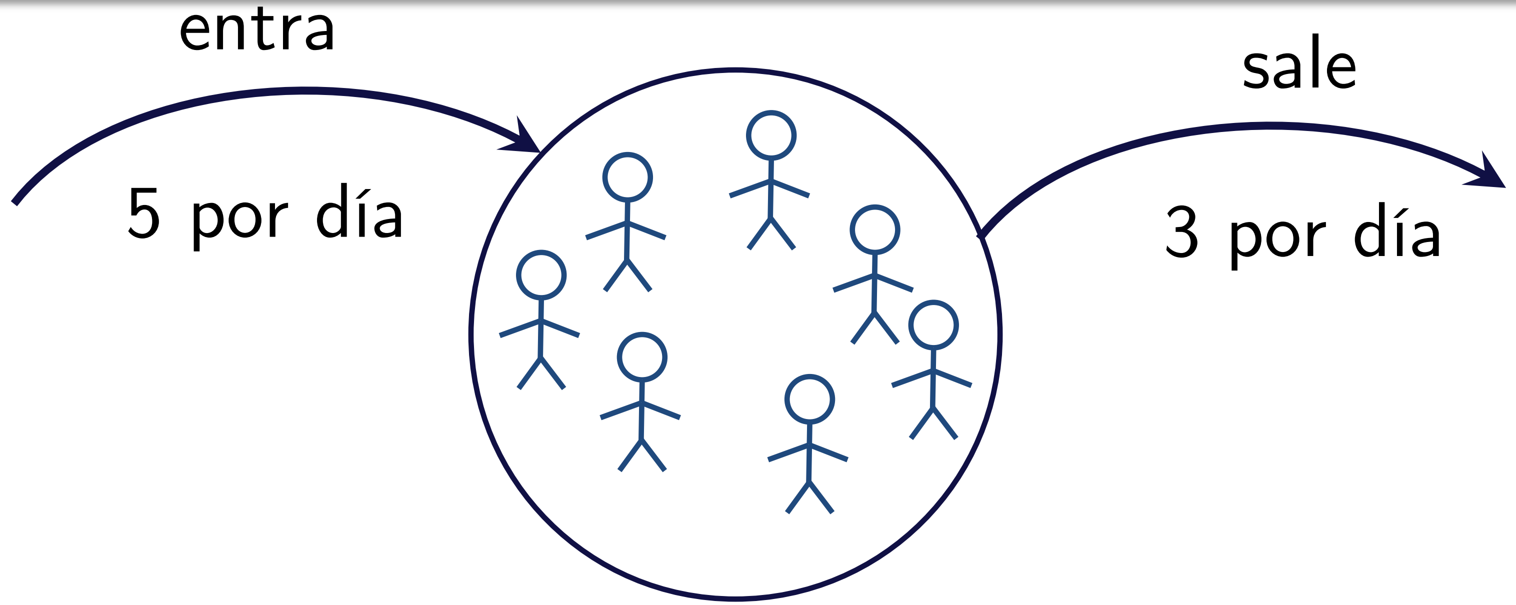
$$\frac{dm}{dt} = \dot{m}$$

Ecuación de balance de masa

$$\dot{m} = \dot{m}_{entra} - \dot{m}_{sale}$$



Balance de masa: Tasa de cambio



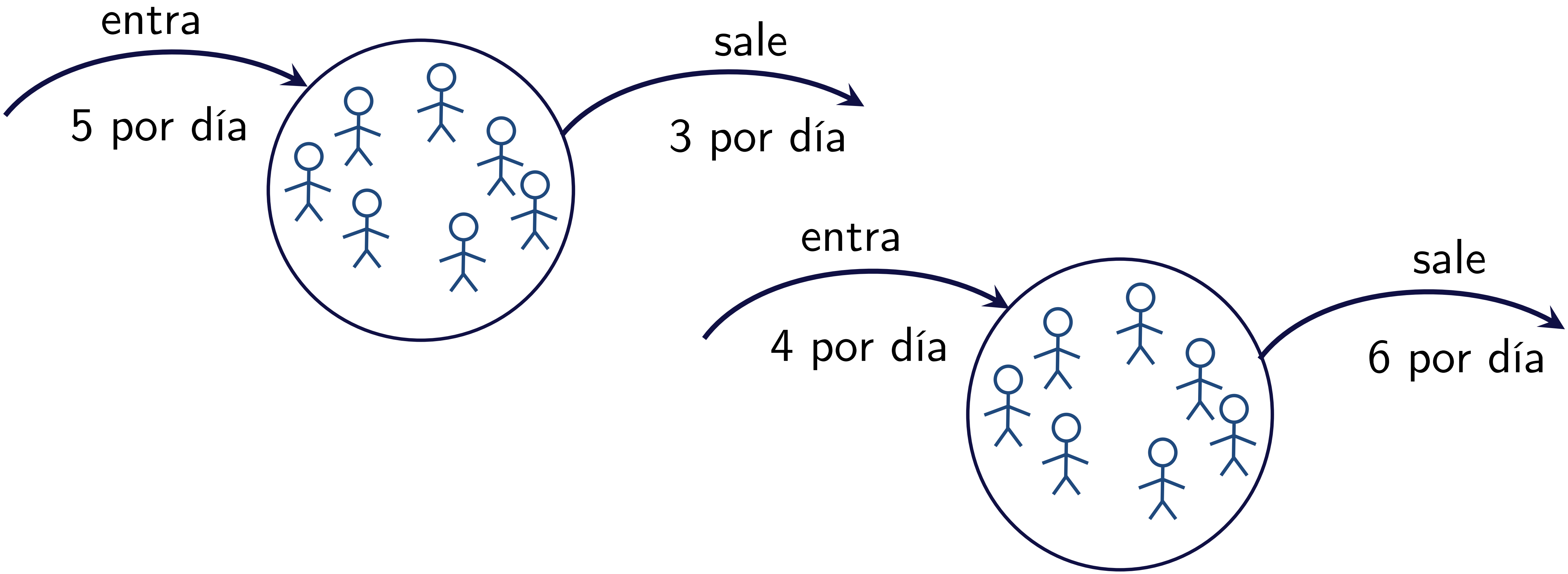
¿Cuánto es la variación de la cantidad por día?

$$\frac{\text{variación de la cantidad}}{\text{día}} = +\frac{\text{cantidad que }\textbf{entra}}{\text{día}} - \frac{\text{cantidad que }\textbf{sale}}{\text{día}}$$

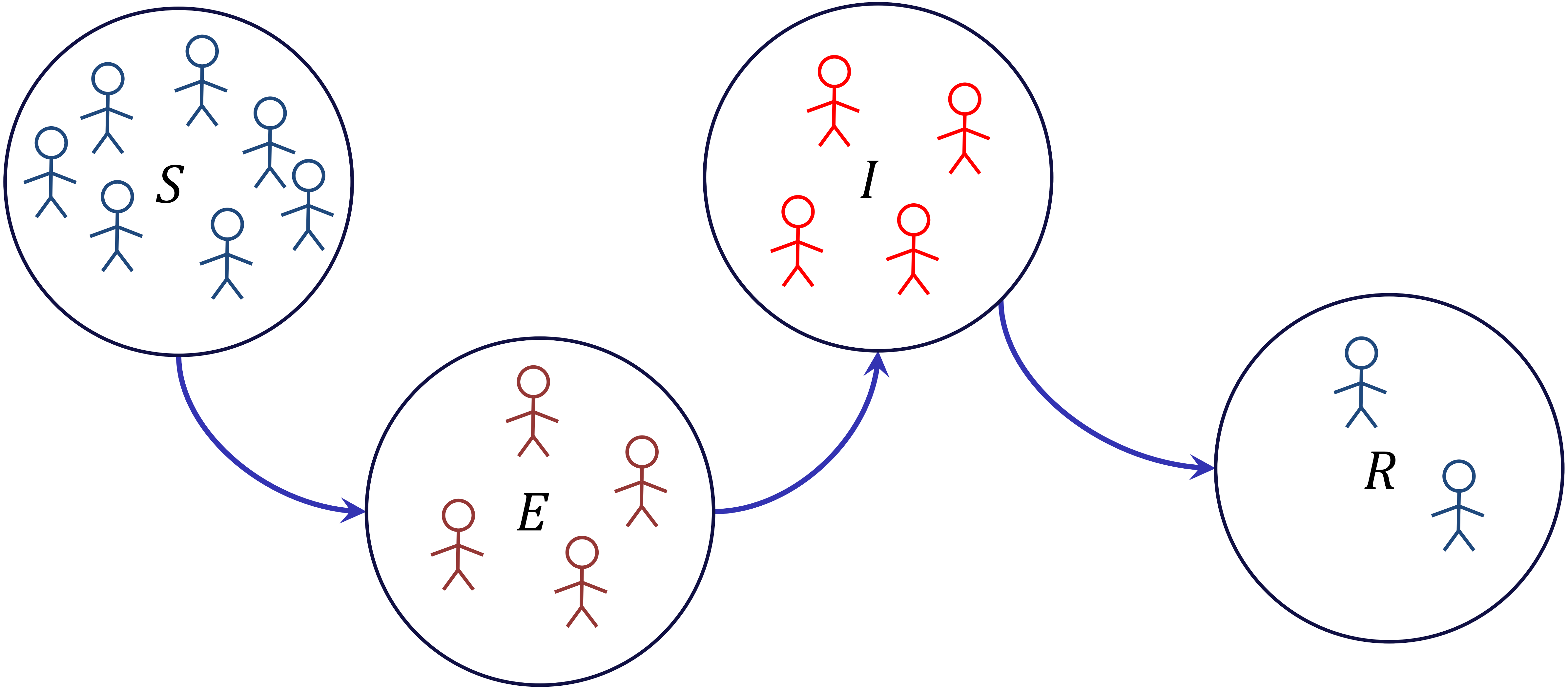
Derivada: $$\frac{d\text{cantidad}}{dt} = +\text{tasa de }\textbf{entrada} - \text{tasa de }\textbf{salida}$$

Tasa de cambio

$$\text{Derivada: } \frac{d\text{cantidad}}{dt} = +\text{tasa de } \textbf{entrada} - \text{tasa de } \textbf{salida}$$

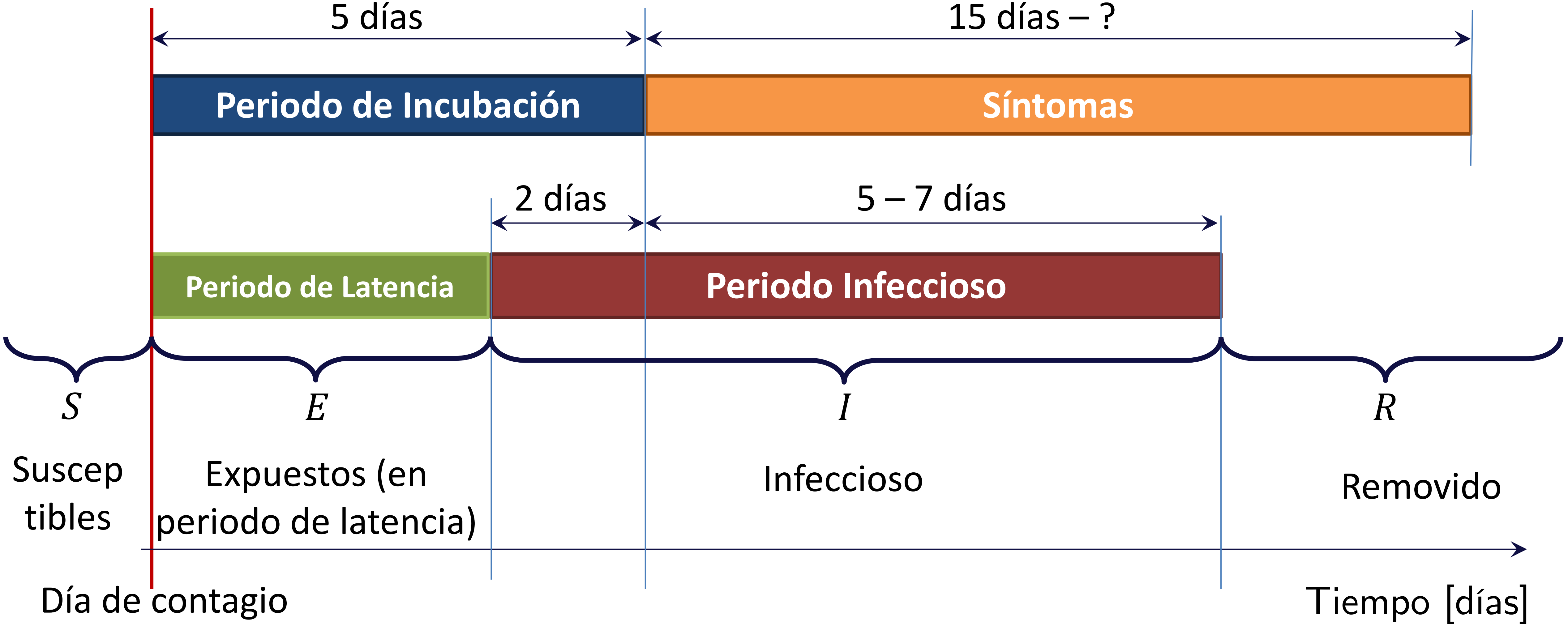


Modelo Epidemiológico de compartimientos



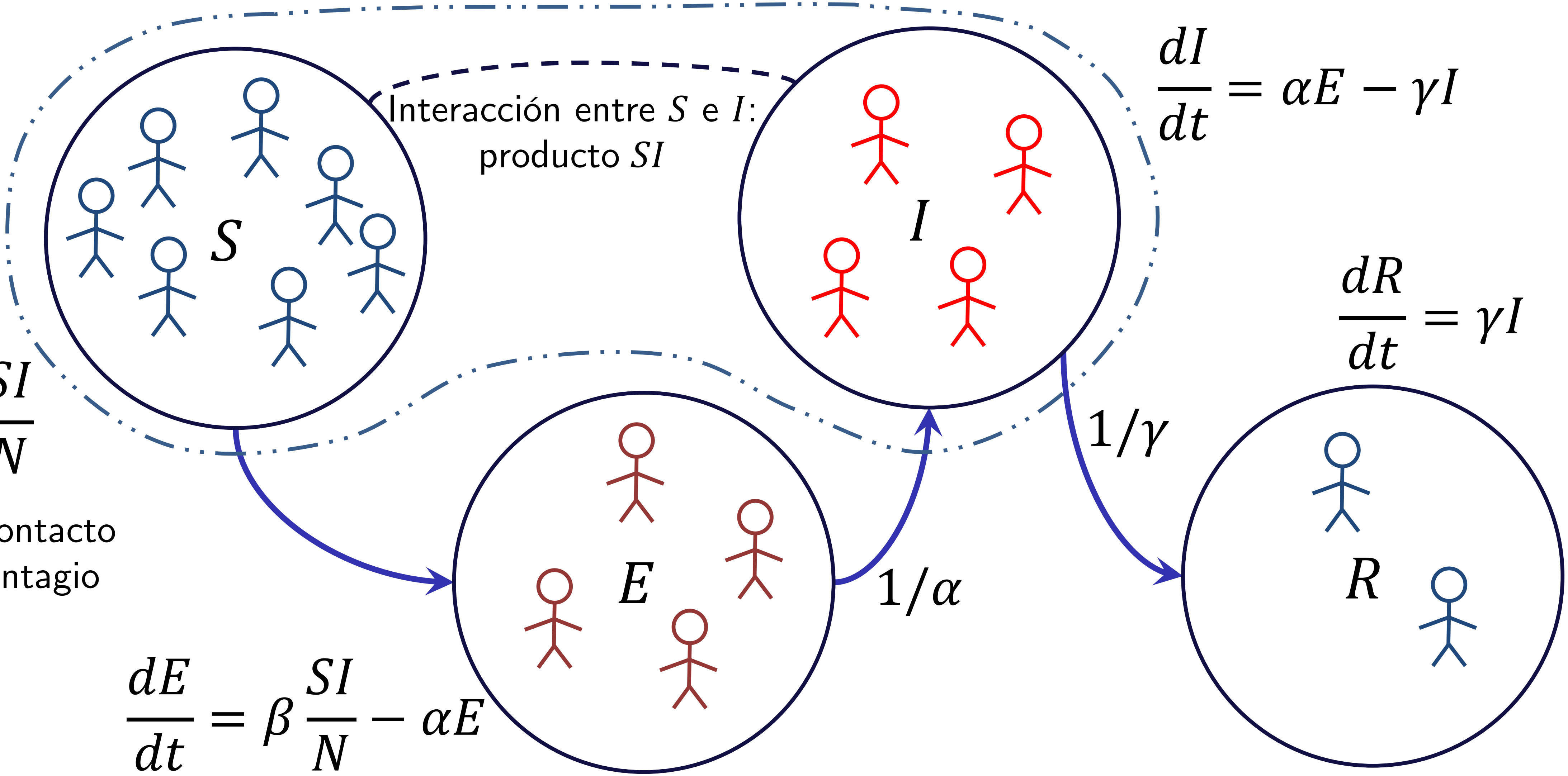
Modelos Epidemiológicos

El curso de la enfermedad



[Position Statement from the National Centre for Infectious Diseases and the Chapter of Infectious Disease Physicians, Academy of Medicine, Singapore, 23/05/2020]

Modelo Epidemiológico SEIR



$$\frac{dS}{dt} = -\beta\,\frac{SI}{N}$$

β = tasa de contacto ×prob. de contagio

$$\frac{dE}{dt} = \beta\,\frac{SI}{N} - \alpha E$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Modelo Epidemiológico SEIR

$$\frac{dS}{dt} = -\beta\frac{SI}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta\frac{SI}{N} - \alpha E$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

$S(t)$: Susceptibles

$E(t)$: Expuestos (en periodo de latencia)

$I(t)$: Infeccioso

$R(t)$: Removido

N: Número de la población total

$$N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$$

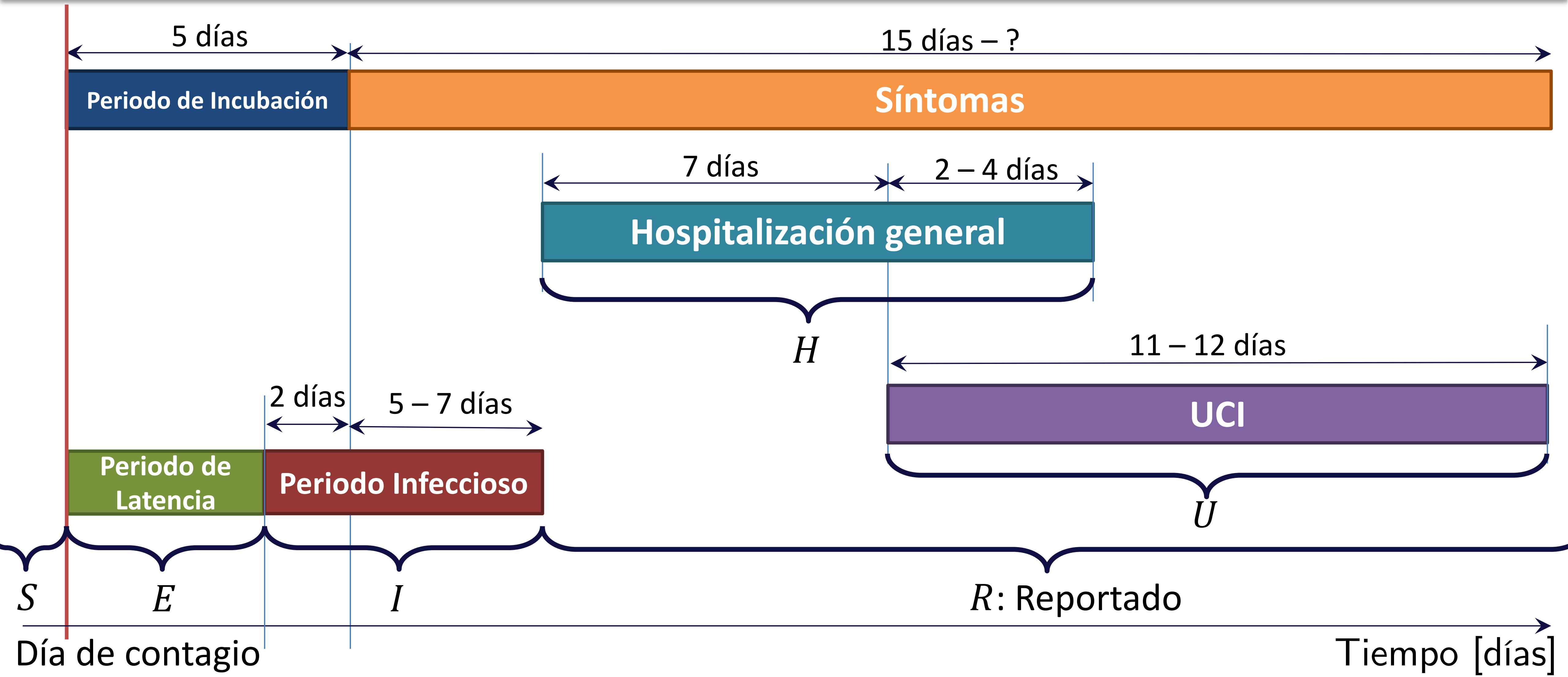
Parámetros

β: Tasa de contagio

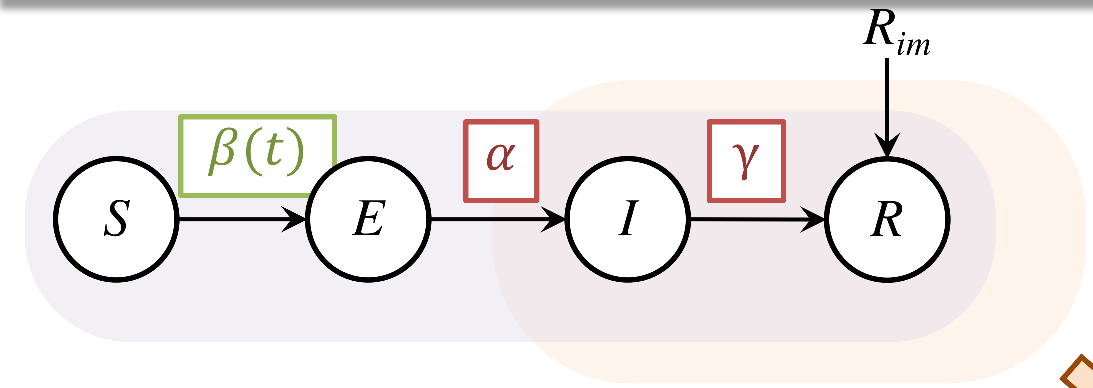
$1/\alpha$: Tiempo promedio de latencia

$1/\gamma$: Tiempo promedio de infeccioso

El curso de la enfermedad



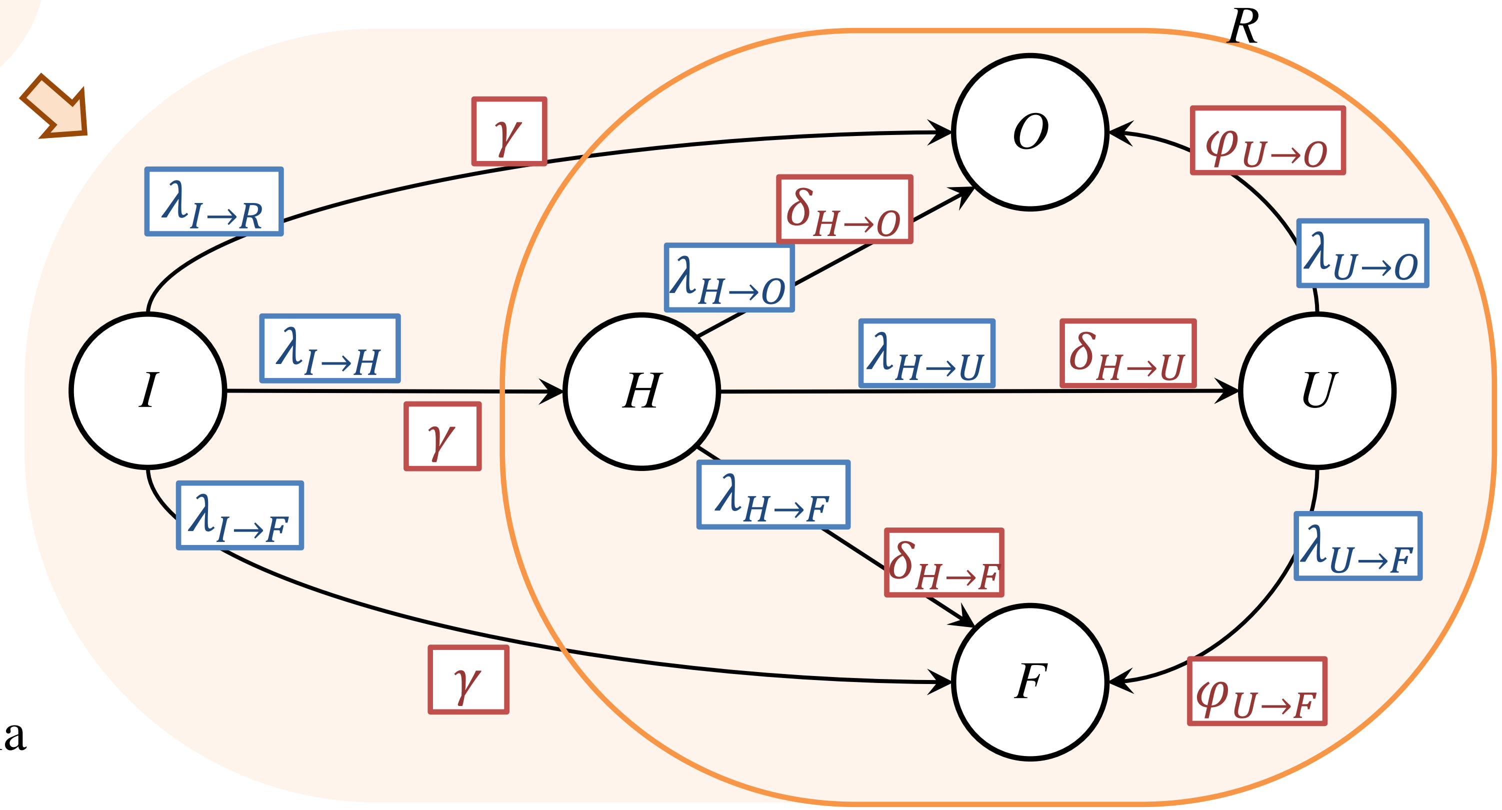
Modelo aplicado a Paraguay



$\beta(t)$: transmisibilidad

$\lambda_{\_}$: proporciones

$\_$: recíproco de los tiempos de residencia



Análisis del modelo SEIR: análisis cualitativo

Análisis Cualitativo de las ED

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}$$

$$\boxed{\begin{aligned} \frac{dE}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \alpha E \\ \frac{dI}{dt} &= \alpha E - \gamma I \end{aligned}}$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

sumando

$$\frac{dI_e}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I = \left(\beta \frac{S}{N} - \gamma\right) I$$

$$I > 0 \Longrightarrow \begin{cases} \text{Si} \quad \beta \dfrac{S}{N} - \gamma > 0 \Rightarrow \dfrac{dI_e}{dt} > 0 \Rightarrow I_e \uparrow \\ \text{Si} \quad \beta \dfrac{S}{N} - \gamma < 0 \Rightarrow \dfrac{dI_e}{dt} < 0 \Rightarrow I_e \downarrow \end{cases}$$

Número de Reproducción Básico

$$\frac{dI_e}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I = \left(\beta \frac{S}{N} - \gamma\right) I$$

$$I > 0 \Longrightarrow \begin{cases} \text{Si} \quad \beta \dfrac{S}{N} - \gamma > 0 \Longrightarrow \dfrac{dI_e}{dt} > 0 \Longrightarrow I_e \uparrow \\ \text{Si} \quad \beta \dfrac{S}{N} - \gamma < 0 \Longrightarrow \dfrac{dI_e}{dt} < 0 \Longrightarrow I_e \downarrow \end{cases}$$

Inicio de la epidemia: $S = N \Longrightarrow \beta - \gamma > 0$, o $\beta - \gamma < 0$

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \Longrightarrow \begin{cases} \text{Si} \quad R_0 > 1 \Longrightarrow \dfrac{dI_e}{dt} > 0 \Longrightarrow I_e \uparrow \\ \text{Si} \quad R_0 < 1 \Longrightarrow \dfrac{dI_e}{dt} < 0 \Longrightarrow I_e \downarrow \end{cases}$$

Aumento Exponencial

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \text{tasa de contacto} \times \text{prob. de contagio} \times \text{periodo infeccioso}$$

$$R_0 \equiv \text{cantidad promedio de contagios que produce un infectado en su periodo infeccioso}$$

- Pandemia de la COVID-19: $R_0 \approx 2{,}5 > 1$

Aumento exponencial de contagios

¿HASTA CUÁNDO?

Inmunidad de Rebaño

$$\frac{dI_e}{dt} = \beta\frac{SI}{N} - \gamma I = \left(\beta\frac{S}{N} - \gamma\right) I$$

$$I > 0 \Longrightarrow \begin{cases} \text{Si} \quad \beta\frac{S}{N} - \gamma > 0 \Longrightarrow \frac{dI_e}{dt} > 0 \Longrightarrow I_e \uparrow \\ \text{Si} \quad \beta\frac{S}{N} - \gamma < 0 \Longrightarrow \frac{dI_e}{dt} < 0 \Longrightarrow I_e \downarrow \end{cases}$$

- ¿Cuánto tiene que ser S para que $\beta\frac{S}{N} - \gamma < 0$?
- Equivalente:

¿Cuánto tiene que haber contagiado para que $\beta\frac{S}{N} - \gamma < 0$?

Inmunidad de Rebaño

¿Cuánto tiene que haber contagiado para que $\beta \frac{S}{N} - \gamma < 0$?

Sea p la porción de la población que se haya contagiado

Cantidad de la población que se ha contagiado: $N - S$

$$p = \frac{N - S}{N} = 1 - \frac{S}{N} \Rightarrow \frac{S}{N} = 1 - p$$

$$\beta \frac{S}{N} - \gamma < 0 \Rightarrow \beta(1 - p) - \gamma < 0 \Rightarrow p > 1 - \frac{1}{R_0}$$

- Pandemia de la COVID-19: $R_0 \approx 2{,}5 \Rightarrow p \gtrsim 0{,}6$

Resolución Numérica

Solución de las Ecuaciones Diferenciales

- Conjunto parámtros definidos

$\Downarrow$

- Existe solución de las ecuaciones diferenciales

$\Downarrow$

- No se puede tener una expresión análitica simple

$\Downarrow$

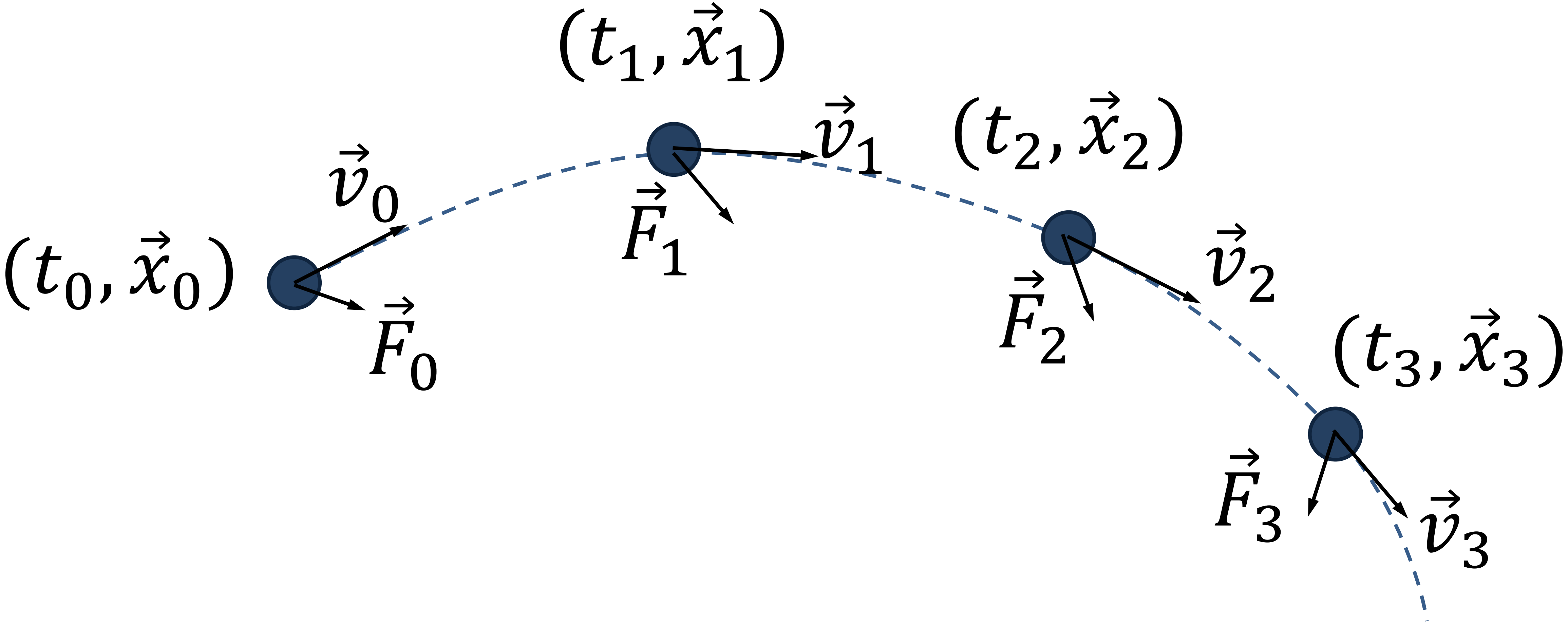
- Solución numérica aproximada

Segunda Ley de Newton (1687)

$$\vec{F} = m\frac{d\vec{v}}{dt} \qquad \vec{v} = \frac{d\vec{x}}{dt}$$

$$\boxed{\begin{array}{c} \vec{x}_1 \approx \vec{x}_0 + \vec{v}(t_1 - t_0) \\ \vec{v}_1 \approx \vec{v}_0 + \dfrac{\vec{F}}{m}(t_1 - t_0) \end{array}}$$

Iteración


$(t_1, \vec{x}_1)$
$\vec{v}_1$
$(t_2, \vec{x}_2)$
$\vec{v}_0$
$\vec{F}_1$
$(t_0, \vec{x}_0)$
$\vec{v}_2$
$\vec{F}_2$
$\vec{F}_0$
$(t_3, \vec{x}_3)$
$\vec{F}_3$
$\vec{v}_3$

Métodos de Resolución de las ED

- Métodos de Runge-Kutta
- Métodos de diferencia hacia atrás (Backward-difference).

Determinación Bayesiana de Parámetros

$$\underbrace{P(Parámetros|Datos)}_{\text{Distribución } a\ posteriori} \propto \underbrace{P(Datos|Parámetos)}_{\text{Función de verosimilitud } (likelihood)}\ \underbrace{P(Parámetros)}_{\text{Distribución } a\ priori}$$

MCMC: Método de Monte Carlo basado en cadenas de Markov (*Monte Carlo Markov Chain*)

Agradecimiento

Este Proyecto es cofinanciado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) con apoyo del FEEI

Agradecimiento a DGVS dependiente del MSPyBS por la provisión de datos necesarios para el desarrollo del Proyecto

PINV20-40: "Simulación de modelos epidemiológicos para predicción y contingencia del COVID-19"

CONSEJO NACIONAL DE CIENCIA Y TECNOLOGÍA
CONACYT

PROCIENCIA
PROGRAMA PARAGUAYO PARA EL DESARROLLO DE LA CIENCIA Y TECNOLOGÍA

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ASUNCIÓN

Con el apoyo de:
Feei
Fondo para la Excelencia de la Educación y la Investigación

La presente publicación ha sido elaborada con el apoyo del CONACYT. El contenido de la misma es responsabilidad exclusiva de los autores y en ningún caso se debe considerar que refleja la opinión del CONACYT