

Simulación de un brote de cólera porcino en una instalación de Camagüey

José A Betancourt Betancourt*, Luis M. Navarro Cardoso**, Teresa González Compte y Jorge Rivero Dones*

* Universidad de Ciencias Médicas, Camagüey, Cuba

** Universidad de Camagüey, Cuba

josebetancourt@infomed.sld.cu

RESUMEN

Para mostrar el comportamiento de un brote epidémico de cólera porcino en una instalación de Camagüey se simuló la entrada de un animal enfermo sin tomar ninguna medida de contención ni preventiva. Se utilizó el programa R, y el paquete Odesolve para resolver el modelo SEIR (susceptibilidad, expuesto, infectado y recuperado). El estudio fue durante el mes de enero de 2011. Se tomó un índice de transmisibilidad de 0,35, una duración de la enfermedad de diez días y un período latente de diez días. El modelo de simulación mostró en el caso de no tomar ninguna medida, cómo se produciría un pico máximo de la enfermedad a los 12 días de iniciado: un total de 127 enfermos, lo que equivale al 63 % de la población expuesta. El número reproductivo básico (Ro) encontrado fue 3,26.

Palabras clave: *modelo SEIR, cólera porcino, número reproductivo básico*

Simulation of a Hog Cholera Outbreak on a Swine Breeding Farm

ABSTRACT

Admission of a swine infected by hog cholera on a swine breeding farm was simulated to demonstrate this disease outbreak performance when no restraining or preventive measures are affected. The SEIR model (susceptivity, exposure, infestation, and restoration) was applied by using the computer program R and the statistical package Odesolve. The study was conducted during January 2011. A transmissibility index of 0,35, a disease duration of ten days, and a latent period of ten days were set. The SEIR model showed how this disease peaked after a twelve-day onset with a total of 127 infected swines, i.e., 63 % of the exposed population, when no measures were affected. The basic reproductive number (Ro) was 3,26.

Key Words: *SEIR model, hog cholera, basic reproductive number*

INTRODUCCIÓN

Si bien los avances médicos han reducido las consecuencias de enfermedades infectocontagiosas, la prevención sigue ocupando el primer lugar para tratarlas. Para comprender la dinámica de la transmisión de procesos patológicos, es muy útil la modelación matemática. Una vez que un modelo se formula, debe capturar la esencia de la progresión y transmisión de una enfermedad en la población y se puede usar para predecir los efectos de diferentes estrategias para erradicar una epidemia. El hecho de poder calcular la dispersión de una nueva entidad emergente, permite adecuar las medidas de intervención. Actualmente es posible realizar experimentos en las computadoras que no es posible hacer en la vida real, podemos simular como sería la dispersión de una enfermedad en el tiempo sin ninguna medida de contención y valorar el impacto de estrategias de conten-

ción y mitigación (Betancourt, Ortiz, González y Brito, 2009).

En la etapa inicial de un brote epidémico los datos disponibles son imprecisos y fragmentados. La información real está limitada hasta que se confirme mediante exámenes específicos y análisis serológicos. Existe además co-circulación de múltiples cadenas de entidades biológicas, casos asintomáticos o con síntomas leves que no se detectan ni reportan, todo lo que implica retrasos en el diagnóstico y sus reportes, lo que empeora la situación (Torvaldsen y McIntyre, 2003).

Está disponible en Internet el software libre R, en el que se encuentran casi todos los modelos estadísticos y gran cantidad de modelos matemáticos con código abierto y modificable (R Development Core Team, 2009) entre los que se encuentran los sistemas de ecuaciones diferenciales y dentro de este el paquete *Odesolve* (Woodrow, 2010).

El propósito de la investigación es simular en el software libre R, el comportamiento de un posible brote epidémico de cólera porcino en una instalación de explotación porcina, a partir de la entrada de un enfermo sin tomar ninguna medida de contención.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizó una simulación epidemiológica en una instalación de explotación porcina del municipio Camagüey, durante el mes de enero de 2011. El universo de estudio coincide con la muestra y está constituido por 220 animales. La simulación se realizó con el programa R, específicamente con el paquete *Odesolve*, el cual se utilizó para resolver el modelo SEIR (susceptible, expuesto, infectado y recuperado), que consta de las siguientes ecuaciones diferenciales descritas por Anderson y May (2008):

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \mu N - \mu S - \beta S \frac{I}{N} \\ \frac{dE}{dt} &= \beta S \frac{I}{N} - (\mu + a)E \\ \frac{dI}{dt} &= aE - (v + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} &= vI - \mu R \end{aligned}$$

Donde a es el período latente, β el índice de transmisibilidad, μ el índice de mortalidad y v el índice de recuperación de la enfermedad. En este modelo se asume una mezcla homogénea de los susceptibles (S) lo que significa que se relacionan entre sí y se exponen por igual a los enfermos, (I) tienen un previo período latente (E) antes de poder dispersar la enfermedad, que al no padecerla salen del sistema (R); en este sistema se asume una población constante (N), de modo que $N=S+E+I+R$.

Se asume un índice de transmisibilidad de 0,35; una duración de la enfermedad de diez días y un período latente de quince días. En la simulación no se adoptó ninguna medida preventiva. Se le agrega el cálculo del número reproductivo básico (R_0) en una función según lo establecido para este modelo mediante la fórmula definida por Anderson y May (2008).

$$R_0 = \frac{a}{\mu + a} * \frac{\beta}{\mu + v}$$

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El modelo de simulación muestra, en el caso de no adoptar ninguna medida, como se produciría un pico máximo de la enfermedad a los 12 días de iniciado con un total de 127 afectados, lo que representa el 63 % de la población expuesta. El número reproductivo básico (R_0) encontrado fue de 3,26 (Fig. 1).

El número reproductivo básico que se refleja en la simulación es de 3,26, es decir, cada caso primario genera 3,26 casos secundarios. A los siete días de iniciado el brote epidémico ya habría un total de 32 enfermos (Fig. 2).

En esta instalación, como en todas las del país, se establecen sistemáticas medidas preventivas integrales con un fuerte programa educativo dirigido a la prevención mediante vacunación, instrucción al personal, detección precoz de enfermos y vigilancia sistemática de la morbilidad o mortalidad.

El modelo SEIR empleado revela el comportamiento espontáneo de la enfermedad si no se tomara ninguna medida, luego de comenzado el brote epidémico; también indica cuántos casos secundarios genera cada caso primario. Esta información obtenida con el modelo de simulación matemática es útil para aquellos encargados de la toma de decisiones o de convencer a las autoridades competentes para aplicar determinadas medidas. Este análisis está basado en los comportamientos históricos de la enfermedad, lo cual se puede vincular con los modelos matemáticos.

El número reproductivo básico (R_0) es un indicador de la marcha de las epidemias, una vez que $R_0 = 1$ ya cesó el brote epidémico. Es posible, entonces, diseñar las estrategias adecuadas para impedir la dispersión de enfermedades y evaluar la estrategia de vacunación más adecuada con una base científica (Merl, Johnson, Gramacy, Mangel y Duke, 2008). En China este modelo permitió estudiar una pandemia (Jinfeng, Anthony, Bin, Weiguo, Kathryn y Jilei, 2006).

Otros equipos de trabajo han comprobado que el control efectivo se logra en los estadios primarios de la epidemia (Heiden, Buchholz, Krause, Kirchner, Hermann, y Walter, 2009).

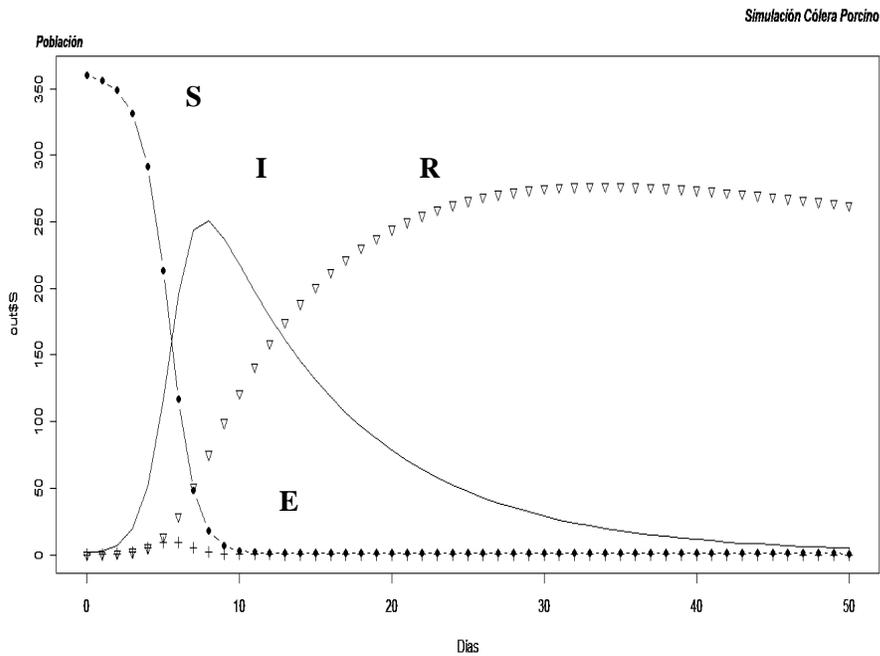


Fig. 1. Resultado de la simulación tras la entrada de un enfermo
 Población susceptible (S)..... Período latente (E)+++; Período infeccioso (I):línea continua
 Recuperados o muertos (R) ◇◇◇◇ Ro =3,265112

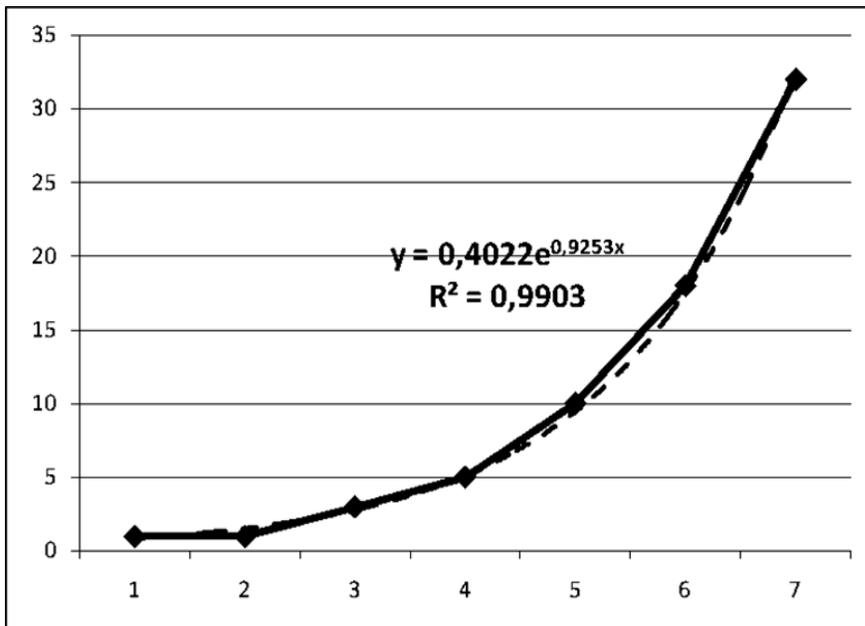


Fig. 2. La simulación muestra una tendencia exponencial ascendente (línea discontinua) de los infectados (línea continua) en los primeros siete días

Los servicios veterinarios cubanos actúan formando una red nacional intersectorial, donde están previstos con detalles las medidas de contención para cada caso. El gran desarrollo adquirido

por diferentes ciencias, como la Epidemiología, Matemática, Estadística e Informática han generado nuevas técnicas en procedimientos emergentes y recurrentes en el campo de la bioestadística

y bioinformática (estadística espacial, redes neuronales y análisis de datos funcionales, etc.) para describir la importancia de los modelos matemáticos en las enfermedades infecciosas. Estos nuevos avances tecnológicos en biomedicina hacen que la creación de equipos multidisciplinarios sean de vital importancia (Martí, Guzmán y Caylá, 2009).

Los modelos matemáticos confirman nuestra hipótesis y aportan indicadores umbrales, el número reproductivo básico, cantidad de contactos (Hethcote, 2000). Estos modelos y las simulaciones constituyen una adecuada herramienta para construir y probar teorías, responder determinadas preguntas y estimar parámetros clave de la información disponible.

Diversos ejemplos y aplicaciones de este modelo SEIR están disponibles en el software libre R (HöhleM, n. d.; Höhle y Feldmann, 2009; RLadyBug-An R, 2007).

Sobre la utilización del indicador R_0 para medir la marcha e intensidad de una epidemia existe abundante bibliografía (Roberts y Heesterbeek, 2007; Boëlle, Bernillon y Desenclos, 2009).

CONCLUSIONES

Existen, de forma libre y gratuita, muchas herramientas de cálculos y simulaciones que pueden utilizarse en nuestra provincia para estudiar la dispersión de enfermedades y tomar decisiones.

REFERENCIAS

- ANDERSON, R. M y MAY, R. M. (2008). *Infectious Disease of Humans: Dynamics and Control*. Oxford: Oxford University Press.
- BETANCOURT, J. A.; ORTIZ, H. E.; GONZÁLEZ, M. A y BRITO, H. (2009). *Enfoque de los sistemas complejos en la Epidemiología*. Extraído en 2010 desde http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&.
- BOËLLE, P. Y.; BERNILLON, P. y DESENCLOS, J. C. (2009). A preliminary Estimation of The Reproduction Ratio for New Influenza A(H1N1) from The Outbreak in México. *Euro Surveill*, 14, 1-10.
- HEIDEN, M.; BUCHHOLZ, U.; KRAUSE, G.; KIRCHNER, G.; HERMANN, C y Walter, H. (2009). Breaking the Waves: Modelling the Potential Impact of Public

- Health Measures to Defer the Epidemic Peak of Novel Influenza A/H1N1. *Haas PLoS*, 4 (12), 1-10.
- HETHCOTE, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases. *Soc for Ind Applied Mathematics*, 42 (4), 599-653.
- HÖHLE, M. (n.d.). *M. Spatio-temporal epidemic modelling using additive-multiplicative intensity models*. Extraído en 2010 desde <http://epub.ub.uni-muenchen.de/6366/>.
- HÖHLE, M y FELDMANN, U. (2007). RLadyBug-An R Package for Working with Stochastic Epidemic Models. *Computational Statistics and Data Analysis*, 52 (2), 680-686.
- HÖHLE, M y FELDMANN, U. (2009). An R Package for Working with Stochastic Epidemic Models. *Computational Statistics and Data Analysis*, 52 (2), 680-686.
- JINFENG, W.; ANTHONY, J. M.; BIN, M. N.; WEIGUO, H.; KATHRYN, G. B y JILEI, W. (2006). Spatial Dynamics of An Epidemic of Severe Acute Respiratory Syndrome in An Urban Area. *Bull of the WHO*, 84, 965-968.
- MARTÍ, C.; GUZMÁN, K y CAYLÀ, J. A. (2009). Modelos matemáticos utilizados en el estudio de las enfermedades transmisibles. *Rev Esp Salud Pública*, 83, 689-92.
- MERL, D.; JOHNSON, L. R.; GRAMACY, R. B y MANGEL DUKE, M. (2008). *R.Project.Org. A Statistical Framework for The Adaptive Management of Epidemiological Interventions*: Extraído en diciembre 2010 desde <http://ftp.stat.duke.edu/WorkingPapers/08-29.html>.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. (2009). *A Language and Environment for Statistical Computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. Extraído el 12 de mayo de 2010 desde <http://www.R-project.org>.
- ROBERTS, M. G y HEESTERBEEK, J. A. (2007). Model-Consistent Estimation of the Basic Reproduction Number from The Incidence of An Emerging Infection. *J Math Biol*, 55, 803-16.
- TORVALDSEN, S y MCINTYRE, P. (2003:). Do Pertussis Notifications Reflect Incidence or Surveillance Practices? A Comparison of Infant Notification Rates and Hospitalization Data in NSW. *Public Health Bull*, 14 (4), 81-84.
- WOODROW, R. S. (2010). *Odesolve: Solvers for Ordinary Differential Equations. R package version 0.5-20*. Extraído en diciembre desde <http://www.R-project.org>.

Recibido: 24-7-2010

Aceptado: 10-9-2010