

Modelos básicos en epidemiología

Juan P. Aparicio

March 25, 2020

1 Modelos básicos

Acá va un resumen de modelos básicos y sus soluciones.

en lo que sigue:

T_e periodo latente medio

T_i periodo infeccioso medio

1.1 modelo SIR

El modelo *Susceptible* \rightarrow *Infectado* \rightarrow *Recuperado* es el mas básico de todos...

$$\frac{dS}{dt} = -\beta I \frac{S}{N} \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta I \frac{S}{N} - rI \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = rI \quad (3)$$

En estos modelos con tasas constantes (en este caso la tasa de recuperación $r = 1/T_i$) se asume que el periodo infeccioso esta exponencialmente distribuido, lo cual es poco realista.

El número reproductivo básico para este modelo es $R_0 = \beta T_i$

1.2 Modelo SEIR

Este es un poco mejor ya que considera la clase latente (infectados pero todavía no infecciosos). este modelo es el que usa como base *epidemic calculator* <https://github.com/gabgoh/epcalc>

aunque cuando uno lee mas abajo aclara que considera distintos tipos de infecciosidad, y algunas otras cosas...

$$\frac{dS}{dt} = -\beta I \frac{S}{N} \quad (4)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta I \frac{S}{N} - kE \quad (5)$$

$$\frac{dI}{dt} = kE - rI \quad (6)$$

$$\frac{dR}{dt} = rI \quad (7)$$

en este caso la tasa de progresion es $k = 1/T_e$ y la tasa de recuperacion $r = 1/T_i$.

el numero reproductivo basico es el mismo

$$R_0 = \beta T_i$$

1.3 SEIR con retrasos

Este modelo es mas realista. Los periodos latente e infeccioso tienen duraciones fijas, T_e , T_i . Un latente está exactamente en ese estado por T_e dias, un infeccioso lo es por exactamente T_i dias.

Entonces por ejemplo los latentes que se infectaron hace T_e dias atrás (a tasa $\beta I(t - T_e) \frac{S(t - T_e)}{N}$) se recuperan hoy (o sea en el instante t).

$$\frac{dS}{dt} = -\beta I \frac{S}{N} \quad (8)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta I \frac{S}{N} - \beta I(t - T_e) \frac{S(t - T_e)}{N} \quad (9)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta I(t - T_e) \frac{S(t - T_e)}{N} - \beta I(t - T_e - T_i) \frac{S(t - T_e - T_i)}{N} \quad (10)$$

$$\frac{dR}{dt} = \beta I(t - T_e - T_i) \frac{S(t - T_e - T_i)}{N} \quad (11)$$

el número reproductivo básico es el mismo

$$R_0 = \beta T_i$$

1.4 Distribuciones del periodo infeccioso: exponencial, gamma, periodo fijo

Consideremos como ejemplo el periodo infeccioso ($T_i = 3$) días en lo que sigue. los modelos más simples (*SIR* o *SEIR*) asumen que la distribución de estos periodos es exponencial (línea azul en la figura). La distribución acampanada (en negro es una Gamma con media $T_i = 3$ y varianza 0.3) es una distribución (en general) realista. Si la varianza es cero el modelo que se obtiene es el modelo con retrasos. La curva de supervivencia nos da la probabilidad que una persona siga siendo infecciosa después de t días de haberse convertida en infecciosa.

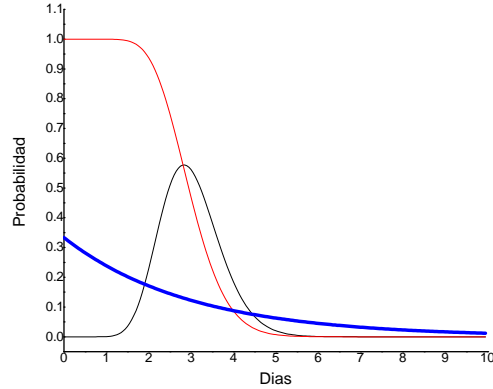


Figure 1: En este caso consideramos la distribución del periodo infeccioso con media $T_i=3$. En azul esta la distribución exponencial. En negro esta una distribución gamma con media 3 y varianza 0.3, en negro está la función de supervivencia, la probabilidad de que el individuo siga infectado a tiempo t . El modelo con retrasos corresponde al caso limite en el cual la varianza es cero y la función de supervivencia se convierte en un escalon.

2 Comparación de las soluciones

En lo que sigue se comparan las soluciones de los tres modelos para $T_i = 3$ días, $T_e = 5$ días. En todos los casos el número reproductivo básico es $R_0 = \beta T_i = 1.6$

3 Sobre el uso de estos modelos

Estos modelos asumen poblaciones homogéneas, y además mezcla homogénea y por eso su uso debería hacerse teniendo en cuenta las limitaciones de los mismos, y con las debidas precauciones. Tampoco son modelos en los que las medidas de distanciamiento social se puedan modelar adecuadamente.

En el caso de Argentina no se pueden usar tal como están ya que hasta el momento tenemos una contribución muy grande (la más importante hasta el momento) de casos importados. Eso se podría solucionar agregando un flujo de casos importados a los modelos, o descartando los datos de casos importados.

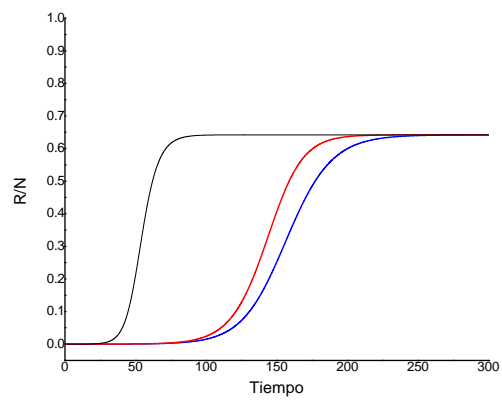
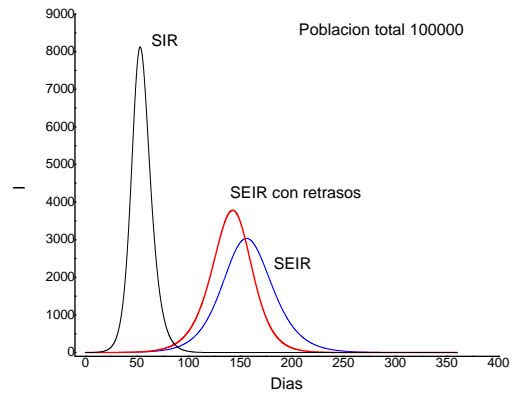


Figure 2: Las curvas para I para los tres modelos. observemos que el tamaño final de la epidemia (R/N cuando se acabaron los infectados) son iguales ya que todos tiene el mismo R_0 .

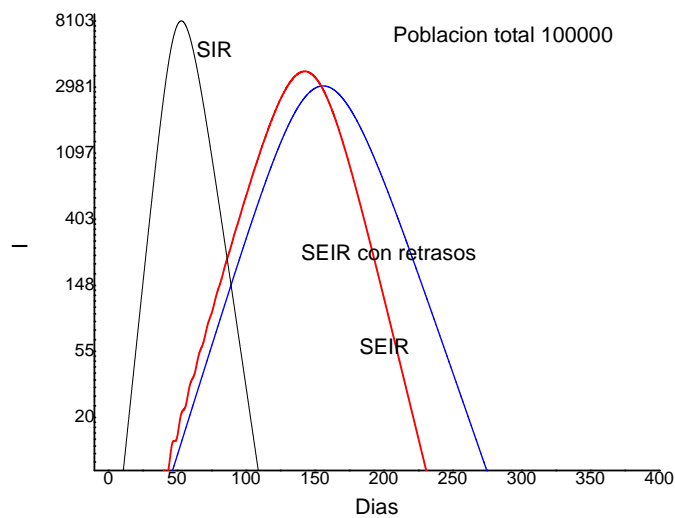


Figure 3: Si se quieren ajustar datos vemos que debemos reducir el valor de R_0 para el modelo SIR. Hay que tener en cuenta, por lo tanto, que la estimacion de parametros depende del modelo y por lo tanto no son valores a tomar muy en serio... Ahora, si ajustamos con un SIR se va a subestimar el tamaño final de la epidemia pues deberemos reducir el valor de β y por lo tanto el de R_0 .