

Modelo multiparche y multigrupo para la transmisión de la malaria

Amanda Gómez¹, Eduardo Ibargüen², Edwin Salazar³



^{1,3} Doctorado en Modelamiento Matemático Aplicado, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

² Dep. Matemáticas, Universidad de Nariño, Pasto–Colombia.

¹enith.gomez@alu.ucm.cl, ²edbargun@gmail.com, ³edwin.salazar@alu.ucm.cl



1. Introducción

Entre los modelos matemáticos existentes para la malaria, el modelo de Ross y Macdonald ha sentado las bases de la mayoría de los modelos actuales, dado que estudia la dinámica de manera “sencilla” y se ajusta al fenómeno biológico. El modelo desarrollado en el libro [1], tiene dos ecuaciones diferenciales para describir los cambios en los humanos infectados y los mosquitos portadores, la población susceptible se modela implícitamente. Los supuestos para el modelo son: N el tamaño de la población de humanos, \bar{x} la proporción de humanos infectados, M el tamaño de la población de mosquitos, \bar{y} la proporción de mosquitos infectados, $\ell = M/N$ el número de mosquitos por persona, a el número de picaduras de mosquitos por humano por unidad de tiempo, b la proporción de picaduras necesarias para que un mosquito transmita la infección, c la probabilidad de infección de mosquitos, γ la tasa de recuperación por persona infecciosa y μ la tasa de mortalidad de los mosquitos. Con los supuestos anteriores se obtiene el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales

$$\begin{aligned} \frac{d\bar{x}}{dt} &= ab\bar{y}(1 - \bar{x}) - \gamma\bar{x} \\ \frac{d\bar{y}}{dt} &= ac\bar{x}(1 - \bar{y}) - \mu\bar{y}. \end{aligned} \quad (1)$$

Además, el artículo [2] es la herramienta principal para formular el modelo multigrupo y multiparche puesto que los autores proponen un modelo SEIR en el que incorporan el movimiento de la población tal que los individuos pertenecen a un grupo específico, pero puedan pasar parte de su tiempo en algún parche, donde pueden infectarse o infectar a otros.

2. El Modelo

El propósito de estudiar la población en parches y grupos radica en determinar el efecto de la dispersión en el espacio y de tener cuenta que los individuos responden de diferente manera a la enfermedad, por ejemplo, se pueden diferenciar las personas según la edad o por estratos socio-económicos y los vectores en mosquitos resistentes o no resistentes a los insecticidas. Para formular el modelo en parches y en grupos, es necesario precisar que el número de individuos no necesariamente es el mismo en cada grupo, por lo que se define el modelo de Ross-Macdonald (1) con números absolutos de humanos y mosquitos, para lo cual se hace el cambio de variable $x = N\bar{x}$ e $y = M\bar{y}$, obteniéndose

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= \left(\frac{a}{N}b\right)y(N - x) - \gamma x \\ \frac{dy}{dt} &= \left(\frac{a}{N}c\right)x(M - y) - \mu y. \end{aligned} \quad (2)$$

En el artículo [3] proponen que el número de picaduras por humano por unidad de tiempo a es proporcional al tamaño de la población N para bajas densidades de personas, es decir $a = \kappa N$, donde κ es la constante de proporcionalidad; si se supone además que la probabilidad b de que un humano se infecte es igual a la probabilidad c de que un mosquito pase a ser portador, como lo sugieren en el artículo [4], se obtiene $\kappa b = \kappa c = \alpha$, por lo tanto el modelo (2) puede reescribirse como

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= \alpha y(N - x) - \gamma x \\ \frac{dy}{dt} &= \alpha x(M - y) - \mu y. \end{aligned} \quad (3)$$

Ahora, se considera que la población está estructurada de forma arbitraria en u grupos que interactúan en v parches, cada grupo tiene la dinámica del modelo (3), x_i e y_i representan la población de humanos y mosquitos infectados del grupo i con $i = 1, \dots, u$; los humanos susceptibles e infectados del grupo i permanecen una proporción de tiempo p_{ij} y s_{ij} , en el parche j con $j = 1, \dots, v$; los mosquitos no portadores y portadores del grupo i permanecen una proporción de tiempo r_{ij} y q_{ij} , en el parche j . La población de humanos en el parche j en un tiempo t está dada por

$$N_j^* = \sum_{k=1}^u (p_{kj}(N_k - x_k) + s_{kj}x_k), \quad (4)$$

la población de mosquitos en el parche j en un tiempo t está dada por

$$M_j^* = \sum_{k=1}^u (r_{kj}(M_k - y_k) + q_{kj}y_k). \quad (5)$$

Las poblaciones descritas en (4) y (5) describen la dinámica temporal de cada una de las poblaciones en el parche j , ponderada por los patrones de movilidad de cada grupo y cada estado epidemiológico. La población de humanos infectados y de mosquitos portadores es $\sum_{k=1}^u s_{kj}x_k$ y $\sum_{k=1}^u q_{kj}y_k$; por lo tanto la proporción de infectados en el parche j está dada por

$$\frac{\sum_{k=1}^u s_{kj}x_k}{\sum_{k=1}^u (p_{kj}(N_k - x_k) + s_{kj}x_k)} \wedge \frac{\sum_{k=1}^u q_{kj}y_k}{\sum_{k=1}^u (r_{kj}(M_k - y_k) + q_{kj}y_k)}. \quad (6)$$

Los individuos susceptibles del grupo i pueden infectarse en cualquier parche j , durante la permanencia en ese lugar, por lo tanto la dinámica en u grupos y v parches es

$$\begin{aligned} \frac{dx_i}{dt} &= \sum_{j=1}^v \alpha_j p_{ij}(N_i - x_i) \frac{\sum_{k=1}^u q_{kj}y_k}{\sum_{k=1}^u (r_{kj}(M_k - y_k) + q_{kj}y_k)} - \gamma_i x_i \\ \frac{dy_i}{dt} &= \sum_{j=1}^v \alpha_j r_{ij}(M_i - y_i) \frac{\sum_{k=1}^u s_{kj}x_k}{\sum_{k=1}^u (p_{kj}(N_k - x_k) + s_{kj}x_k)} - \mu_i y_i. \end{aligned} \quad (7)$$

En el modelo (7) se estructura las poblaciones en un número arbitrario de grupos; estas poblaciones, con diferentes estados epidemiológicos, pasan cierto tiempo en algún parche, donde pueden infectarse o infectar a otros. En cada ubicación se tiene un riesgo particular de infección vinculado a sus condiciones ambientales.

En particular los humanos susceptibles del grupo i , $N_i - x_i$ se infectan cuando están en contacto con la proporción de mosquitos portadores del parche j , a una tasa α_j asociada al riesgo de contraer la enfermedad en ese parche; la tasa de recuperación de los humanos infectados en el grupo i es γ_i , independientemente del lugar. Una explicación similar se puede dar para la infección de mosquitos susceptibles del grupo i . El esquema de la dinámica se muestra en la figura 1.

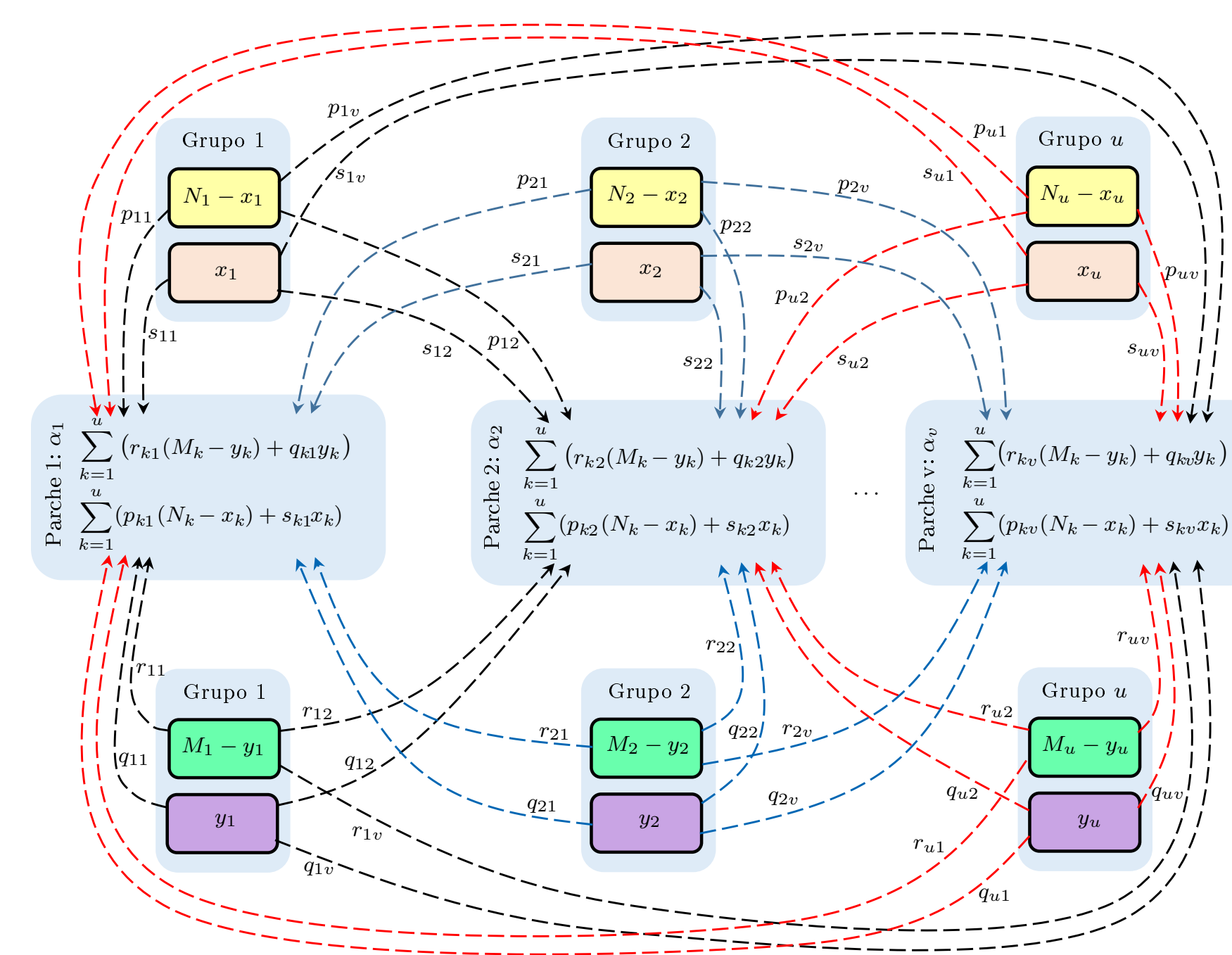


Figura 1: Esquema de la dinámica del modelo

Con el propósito de analizar la dinámica del modelo multiparche y multigrupo, se reescribe (7) de la forma

$$\begin{aligned} \dot{x} &= \text{diag}(N - x) \mathbb{P} \text{diag}(\alpha) \text{diag}(\mathbb{R}^T (M - y) + \mathbb{Q}^T y)^{-1} \mathbb{Q}^T y - \text{diag}(\gamma) x \\ \dot{y} &= \text{diag}(M - y) \mathbb{R} \text{diag}(\alpha) \text{diag}(\mathbb{P}^T (N - x) + \mathbb{S}^T x)^{-1} \mathbb{S}^T x - \text{diag}(\mu) y, \end{aligned}$$

donde $x = [x_1, \dots, x_u]^T$, $y = [y_1, \dots, y_u]^T$, $N = [N_1, \dots, N_u]^T$, $M = [M_1, \dots, M_u]^T$, $\gamma = [\gamma_1, \dots, \gamma_u]^T$, $\mu = [\mu_1, \dots, \mu_u]^T$, $\alpha = [\alpha_1, \dots, \alpha_v]^T$, $\mathbb{P} = (p_{ij})$, $\mathbb{Q} = (q_{ij})$, $\mathbb{R} = (r_{ij})$ y $\mathbb{S} = (s_{ij})$, con $1 \leq i \leq u$ y $1 \leq j \leq v$.

3. Resultados

Análisis

- El número reproductivo básico \mathcal{R}_0 es

$$\mathcal{R}_0(u, v) = [\rho(\bar{a}_{12} \text{diag}(1/\mu) \bar{a}_{21} \text{diag}(1/\gamma))]^{1/2}$$

donde, $\bar{a}_{12} = \text{diag}(N) \mathbb{P} \text{diag}(\alpha) \text{diag}(\mathbb{R}^T M)^{-1} \mathbb{Q}^T$ y $\bar{a}_{21} = \text{diag}(M) \mathbb{R} \text{diag}(\alpha) \text{diag}(\mathbb{P}^T N)^{-1} \mathbb{S}^T$.

- El número reproductivo básico $\mathcal{R}_0(u, v)$ depende de la permanencia de los individuos en las diferentes zonas.
- Si el producto de las matrices de permanencia es irreducible, entonces el número reproductivo básico en u grupos y en v parches está acotado por el mínimo y el máximo \mathcal{R}_0^i de los grupos.
- Si se fija la cantidad de grupos, el número reproductivo básico $\mathcal{R}_0(u, v)$ incrementa a medida que aumenta el número de parches.

- Si el número reproductivo básico $\mathcal{R}_0(u, v) \leq 1$ el equilibrio libre de infección E_0 es global y asintóticamente estable, es decir la enfermedad se extingue.
- En el caso de que la tasa de infección asociada al parche dependa del tamaño de la población, existe un equilibrio endémico E_1 que es local y asintóticamente estable cuando el número reproductivo básico es mayor que uno, lo cual indica que la enfermedad persiste.

Numéricos

En la figura 2 se muestra la solución numérica para un caso particular del modelo (7), en un tiempo de 500 días con condición inicial (20, 0); el valor de la tasa de recuperación de los humanos es $\gamma_i = 0,0029$ y la tasa de mortalidad de los mosquitos es $\mu_i = 0,0039$; el riesgo de infección es $\alpha_j = 0,03$ y las matrices de permanencia para dos parches son $\mathbb{P} = \mathbb{Q} = \mathbb{R} = \mathbb{S} = (1/10 \ 9/10)$. En la simulación con un grupo y dos parches (figura de la derecha) se observa que la población de infectados crece en menos tiempo en relación con el crecimiento en un parche y un grupo (figura de la izquierda), lo cual indica que $\mathcal{R}_0(1, 2)$ es mayor que $\mathcal{R}_0(1, 1)$.

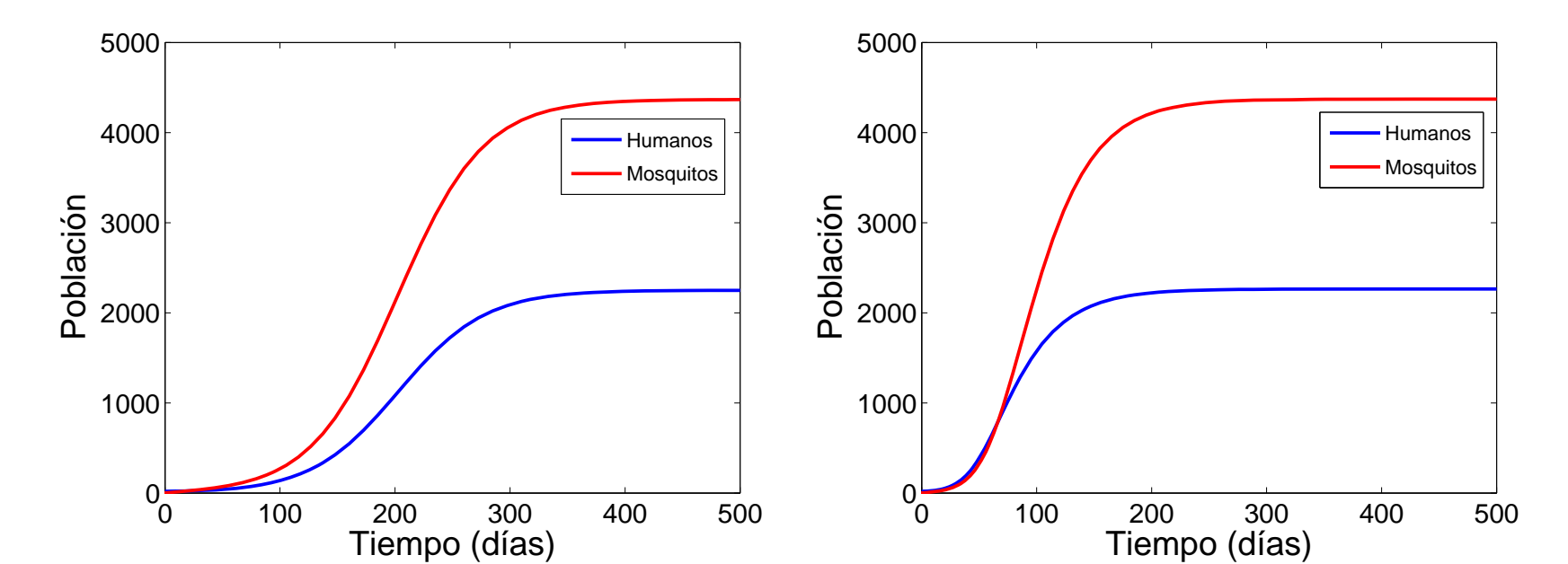


Figura 2: Solución numérica del modelo (7): imagen izquierda, un grupo y un parche; imagen derecha, un grupo y dos parches.

En la figura 3 se muestra la solución numérica en dos parches y en dos grupos. La población de cada grupo crece en menor tiempo con respecto a la simulación (2), es decir, $\mathcal{R}_0(2, 2)$ es mayor que $\mathcal{R}_0(1, 2)$.

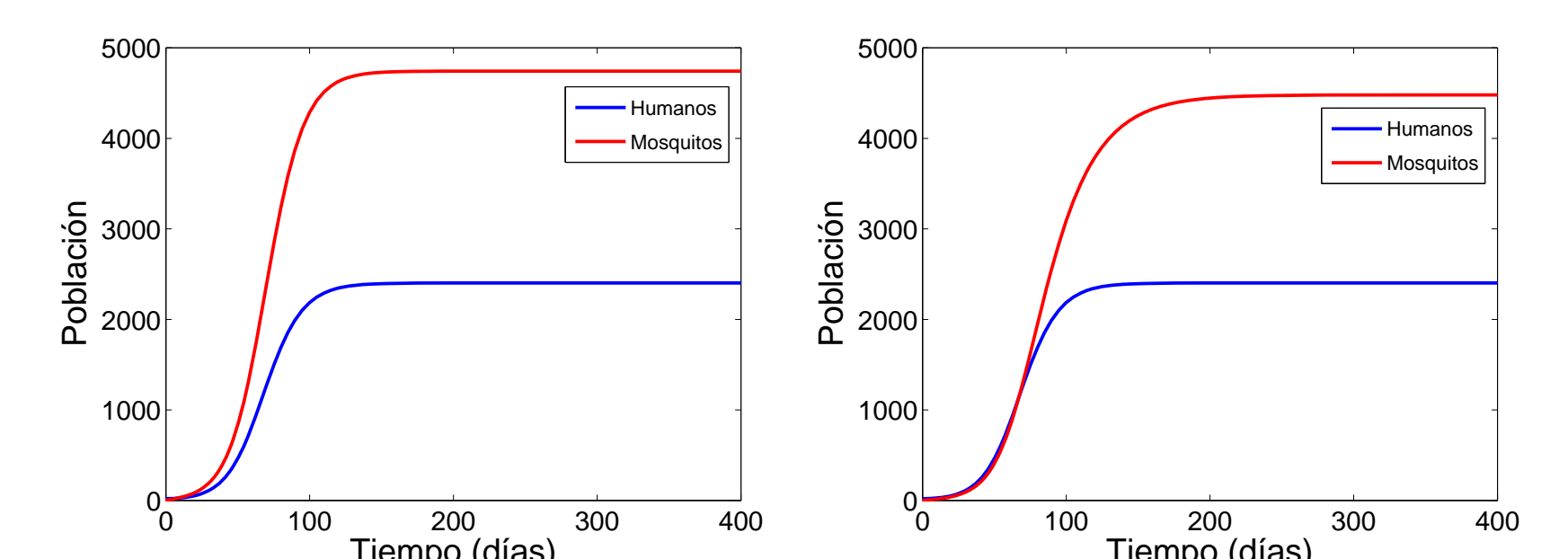


Figura 3: Solución numérica del modelo (7) en dos parches: imagen izquierda, grupo 1; imagen derecha, grupo 2.

4. Conclusiones

El análisis del modelo matemático propuesto muestra que la movilidad y los grupos influyen en la dinámica de transmisión de la malaria y aunque el resultado es teórico tiene en cuenta características de la problemática; por lo cual, se puede sugerir que se empleen estrategias que tengan en cuenta la migración de la población. Un procedimiento que se puede seguir para disminuir el número de casos es identificar un foco de infección y aislarlo hasta que pueda ser controlado.

5. Agradecimientos

Gómez, A. agradece a la Maestría en Biomatemáticas de la Universidad del Quindío–Colombia por la formación recibida.

Referencias

- [1] Brauer, F., Chowell, D., Castillo–Chavez, C., Espinoza, B. & De la Pava, E. *Modelos de la propagación de enfermedades infecciosas*, volume 1. Universidad Autónoma de Occidente, 2015.
- [2] Bichara, D & Iggidr, A. Multi-patch and multi-group epidemic models: a new framework. *Mathematical Biology*, 77:107–134, 2017.
- [3] Basáñez, M & Rodríguez, D. Dinámica de transmisión y modelos matemáticos en enfermedades transmitidas por vectores. *Entomotropica*, 19(3):1–22, 2004.
- [4] Ruan, S., Xiao, D., & Beier, J. On the delayed ross-macdonald model for malaria transmission. *Bull Math Biol*, 70(4):1098–1114, 2008.