

Descubriendo Epidemias: {serofoi}, un paquete de R para estimar retrospectivamente la fuerza de infección

Zulma M. Cucunubá¹
Nicolás T. Domínguez¹
Ben Lambert²
Pierre Nouvellet³

Epiverse

powered by **data.org**



Epiverse es una **colaboración internacional** con el fin de desarrollar un ecosistema de análisis de datos epidemiológicos confiable que busca prepararnos para futuras crisis de salud pública.

Nuestro equipo



Epiverse TRACE LAC



Fortalecimiento de **la capacidad para la respuesta, análisis y control de epidemias** en América Latina y el Caribe

Liderado por:



Pontificia Universidad
JAVERIANA
Bogotá



Universidad de
los Andes

Apoyado por:

LONDON
SCHOOL of
HYGIENE
& TROPICAL
MEDICINE



data.org

Financiado por:



IDRC · CRDI

International Development Research Centre
Centre de recherches pour le développement international

Canada



LATINR

Epiverse
TRACE LAC



[VIGILADA MINEUCACIÓN]

Epiverse TRACE LAC



Epiverse TRACE LAC



**Contexto
sociotécnico**



Epiverse TRACE LAC



**Contexto
sociotécnico**



Entrenamiento

Epiverse TRACE LAC



**Contexto
sociotécnico**



**Desarrollo de
Software**



Entrenamiento

Epiverse - nuevos paquetes:



<https://github.com/epiverse-trace>

Desarrollo en Epiverse TRACE LAC



Desarrollo en Epiverse TRACE LAC



Desarrollo en Epiverse TRACE LAC



serofoi v.0.0.9

Autores:



Zulma M. Cucunubá
Universidad Javeriana



Ben Lambert
Oxford University



Pierre Nouvellet
Sussex University



Nicolás Torres
Universidad Javeriana

Colaboradores:



Jaime Andres Pavlich
Universidad Javeriana



Geraldine Gómez
Universidad Javeriana



David Santiago Quevedo
Universidad Javeriana



Hugo Gruson
data.org



Everlyn Kamau
Oxford University



Richard Creswell
Oxford University



serofoi v.0.0.9

Paquete de R para estimar retrospectivamente la **fuerza de infección (FoI)** de un patógeno determinado a partir de **encuestas serológicas poblacionales de prevalencia desagregadas por edad** por medio de **modelos Bayesianos**.



¿Qué es una encuesta serológica (sero)?



¿Qué es una encuesta serológica (sero)?

- Muestreo probabilístico de una población específica



¿Qué es una encuesta serológica (sero)?

- Muestreo probabilístico de una población específica
- Mide prevalencia de anticuerpos (IgG) en la sangre (eje y)



¿Qué es una encuesta serológica (sero)?

- Muestreo probabilístico de una población específica
- Mide prevalencia de anticuerpos (IgG) en la sangre (eje y)
- Desagregada por edad (eje x)



¿Qué es una encuesta serológica (sero)?

- Muestreo probabilístico de una población específica
- Mide prevalencia de anticuerpos (IgG) en la sangre (eje y)
- Desagregada por edad (eje x)
- Estudio de tipo transversal



¿Qué es una encuesta serológica (sero)?

```
library(serofoi)  
library(dplyr)
```

```
data(chik2015)  
str(chik2015)
```

```
total      : int  45 109 144 148  
counts     : num  17 55 63 69  
age_min    : num   1 20 40 60  
age_max    : num  19 39 59 79  
tsur       : num  2015 2015 2015 2015
```

¿Qué es una encuesta serológica (sero)?

```
library(serofoi)  
library(dplyr)
```

```
data(chik2015)  
str(chik2015)
```

```
total      : int  45 109 144 148  
counts     : num  17 55 63 69  
age_min    : num  1 20 40 60  
age_max    : num  19 39 59 79  
tsur       : num  2015 2015 2015 2015
```

- Desagregada por edad

¿Qué es una encuesta serológica (sero)?

```
library(serofoi)
library(dplyr)
```

```
data(chik2015)
str(chik2015)
```

```
total      : int  45 109 144 148
counts     : num  17 55 63 69
age_min    : num  1 20 40 60
age_max    : num  19 39 59 79
tsur       : num  2015 2015 2015 2015
```

- Desagregada por edad
- Estudio de tipo transversal

¿Qué es una encuesta serológica (sero)?

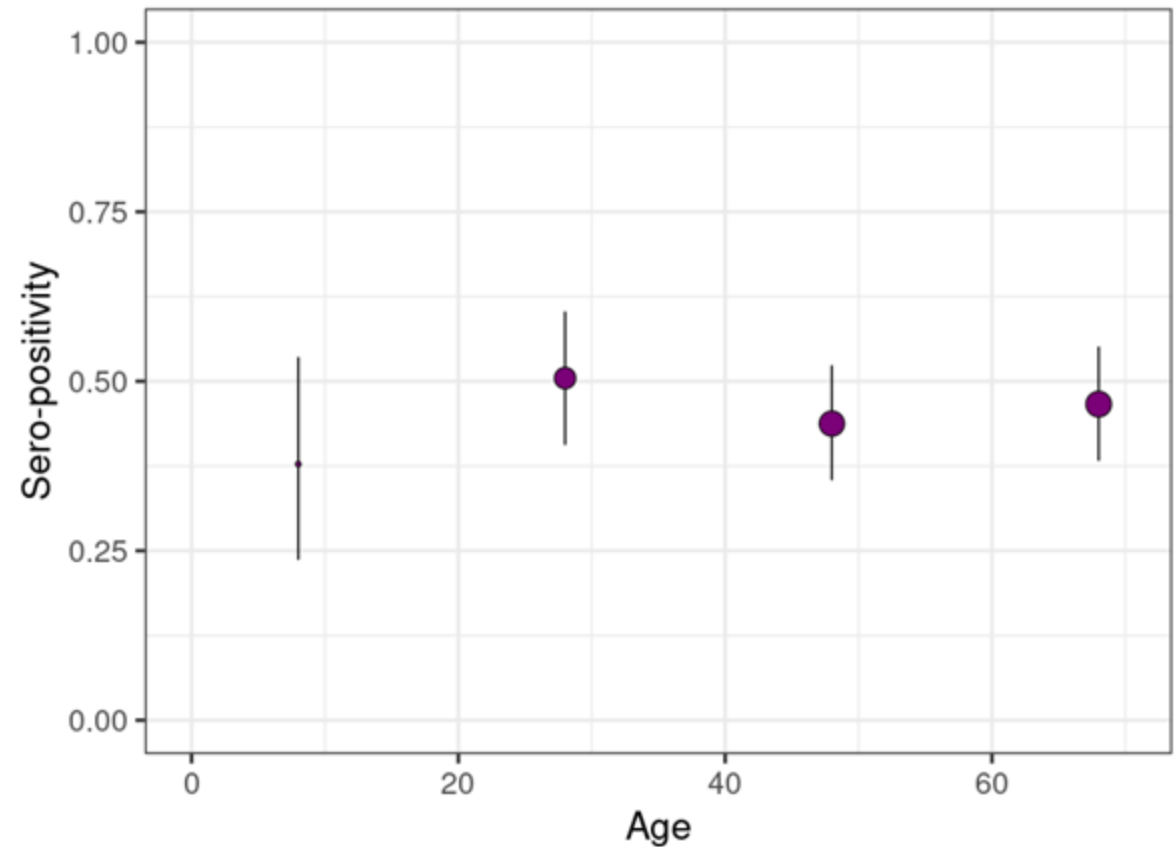
```
library(serofoi)
library(dplyr)
```

```
data(chik2015)
str(chik2015)
```

```
total      : int   45 109 144 148
counts     : num   17 55 63 69
age_min    : num    1 20 40 60
age_max    : num   19 39 59 79
tsur       : num  2015 2015 2015 2015
```

- Desagregada por edad
- Estudio de tipo transversal

```
plot_seroprev(serodata = chik2015)
```



¿Qué es la Fuerza de Infección (foi)?



La Fuerza de Infección (Foi) representa la tasa a la que los individuos susceptibles se infectan dado que estuvieron expuestos a un patógeno.

$$\lambda = \frac{\text{número de nuevas infecciones}}{\text{número de susceptibles expuesto} \times \text{duración media de la exposición}}$$

¿Qué es la Fuerza de Infección (foi)?



La Fuerza de Infección (Foi) representa la tasa a la que los individuos susceptibles se infectan dado que estuvieron expuestos a un patógeno.

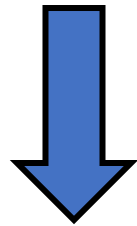
- **Modelos serocatalíticos**

$$\frac{dP(t)}{dt} = \lambda(t)(1 - P(t))$$

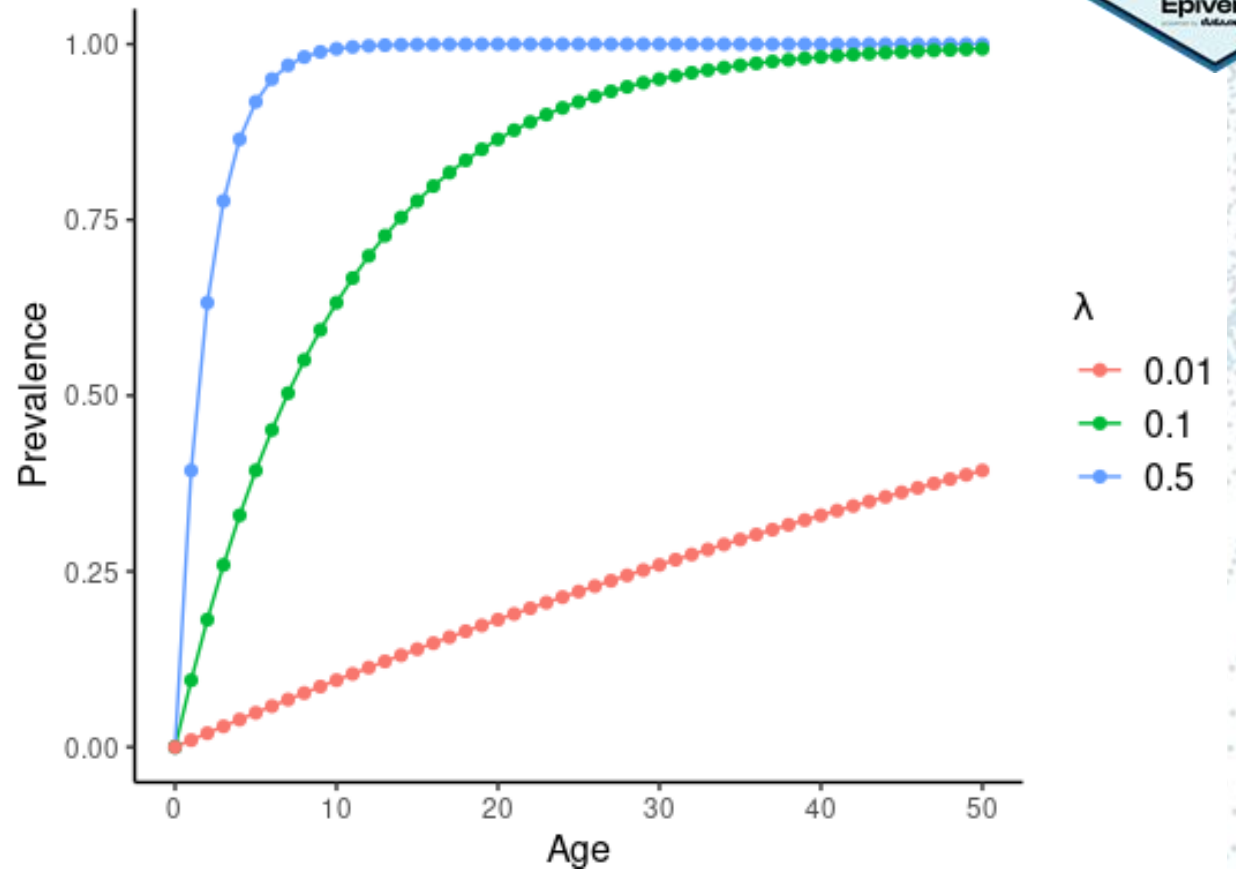
¿Qué es la Fuerza de Infección (foi)?

Ejemplo - Foi constante:

$$\frac{dP(t)}{dt} = \lambda(t)(1 - P(t))$$



$$P(a) = 1 - \exp(-\lambda a)$$

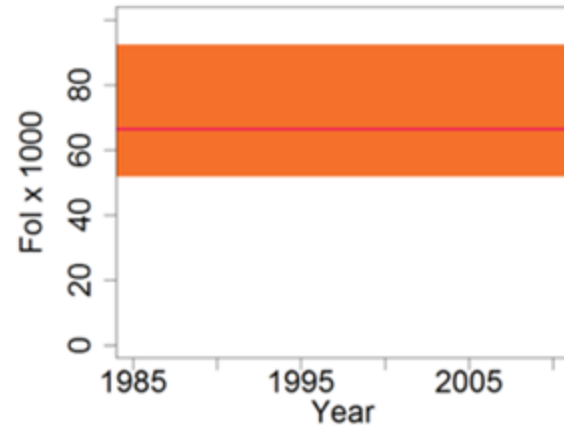


λ
● 0.01
● 0.1
● 0.5

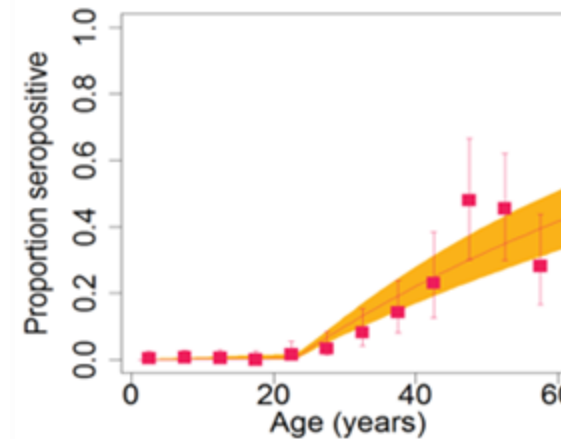
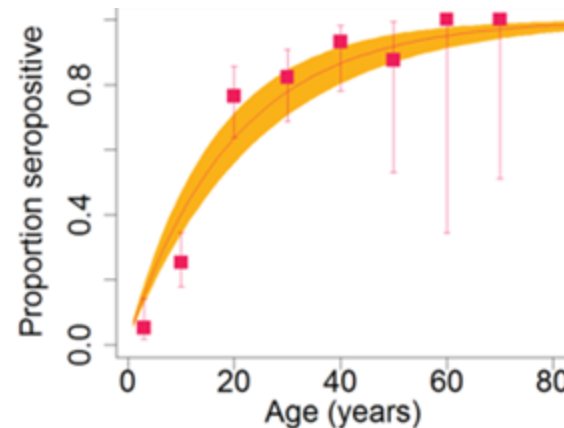
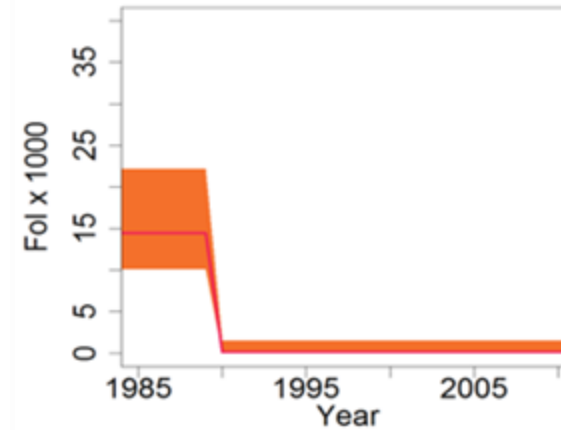
Fol constante vs dependiente del tiempo

Ajuste de datos de seroprevalencia por edad:

Constant



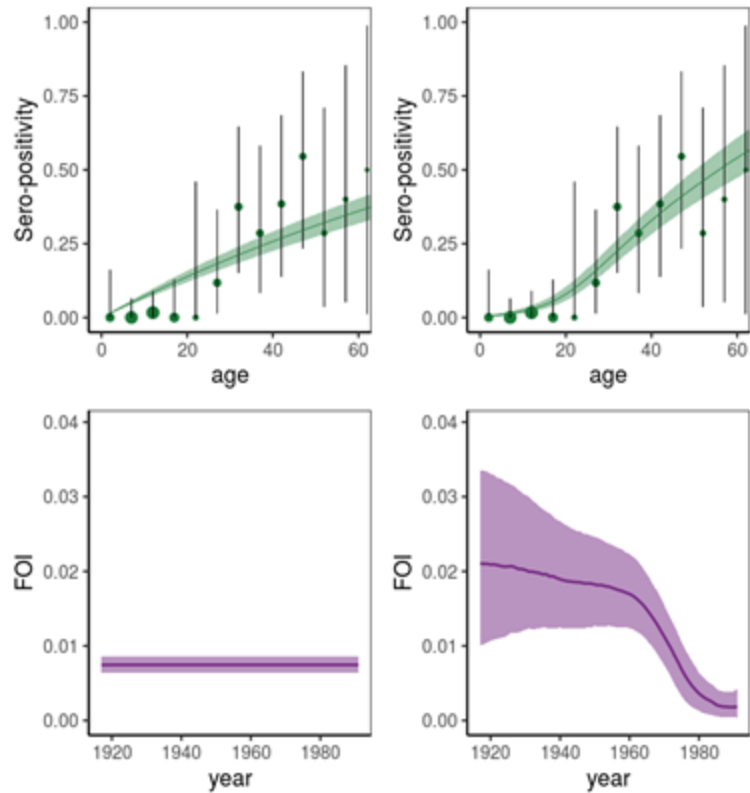
Time – varying



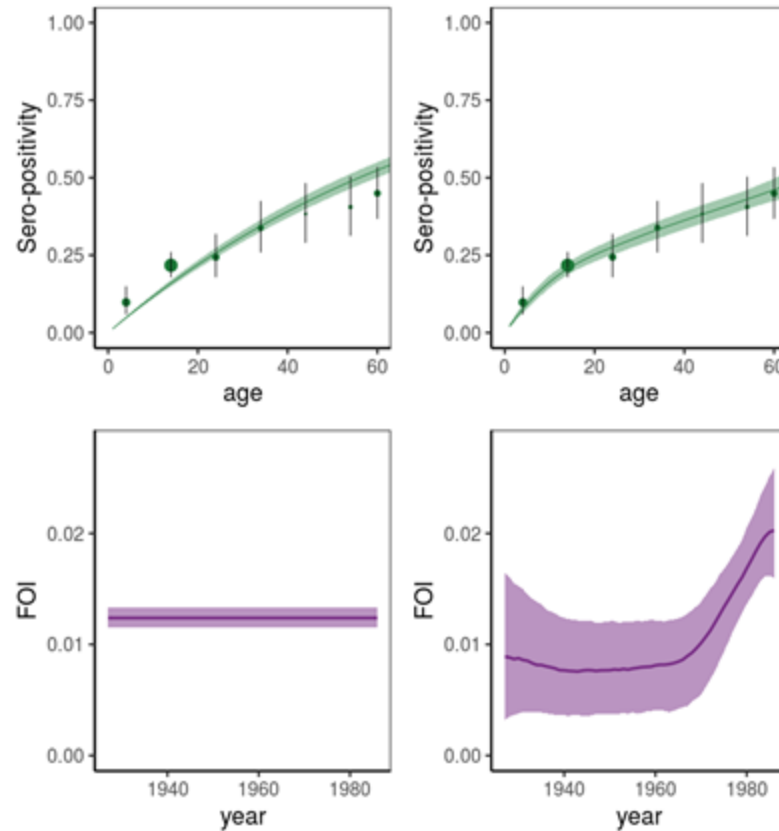
FOI constante vs dependiente del tiempo

Ejemplos:

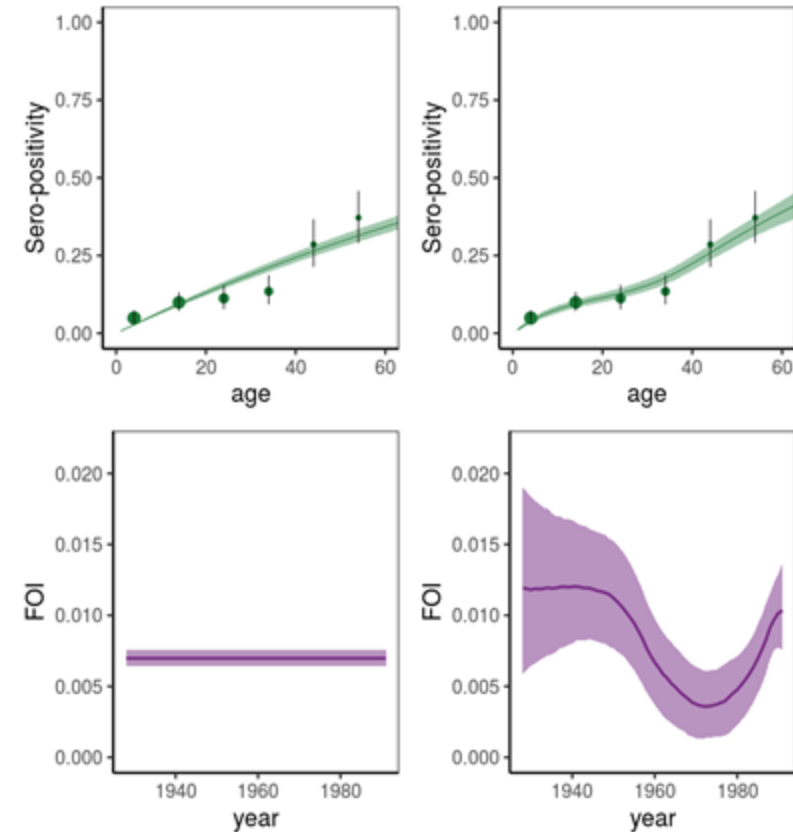
Decreasing



Increasing



Resurgence



Modelos implementados



Model Option	Probability of positive case at age a	Prior distribution
constant	$\sim \text{binom}(n(a, t), P(a, t))$	$\lambda \sim \text{uniform}(0, 2)$
tv_normal	$\sim \text{binom}(n(a, t), P(a, t))$	$\lambda \sim \text{normal}(\lambda(t - 1), \sigma)$ $\lambda(t = 1) \sim \text{normal}(0, 1)$
tv_normal_log	$\sim \text{binom}(n(a, t), P(a, t))$	$\lambda \sim \text{normal}(\log(\lambda(t - 1)), \sigma)$ $\lambda(t = 1) \sim \text{normal}(-6, 4)$

Tipos de preguntas que se pueden resolver con serofoi



1. ¿Cómo se caracterizan los patrones epidémicos/endémicos de una enfermedad infecciosa?



Tipos de preguntas que se pueden resolver con serofoi



1. ¿Cómo se caracterizan los patrones epidémicos/endémicos de una enfermedad infecciosa?

1. ¿Cómo estimar la tendencia temporal de una infección de enfermedades con mecanismos complejos de transmisión?

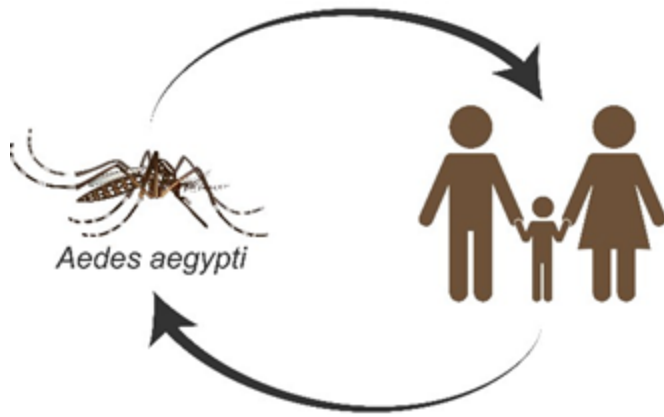
Tipos de preguntas que se pueden resolver con serofoi



1. ¿Cómo se caracterizan los patrones epidémicos/endémicos de una enfermedad infecciosa?
1. ¿Cómo estimar la tendencia temporal de una infección de enfermedades con mecanismos complejos de transmisión?
1. ¿Cómo determinar el impacto de estrategias de control?

Casos de uso

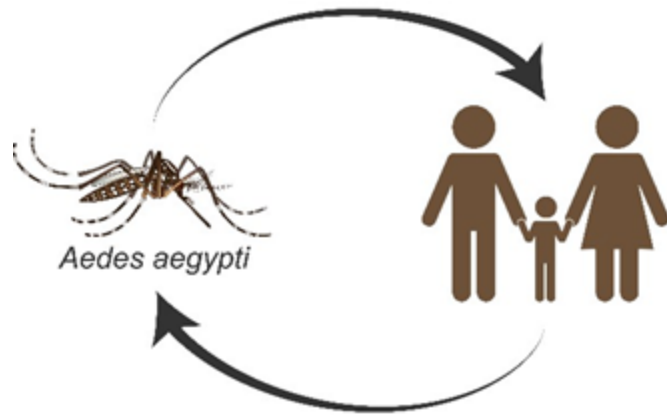
1. Chikungunya



- Datos: Bahía, Brasil (2015).
- Reto: Caracterizar patrones endémicos/epidémicos de la enfermedad.

Casos de uso

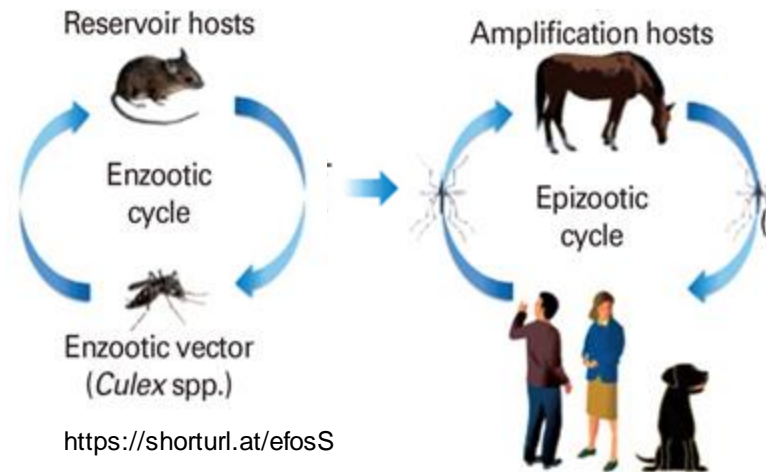
1. Chikungunya



- Datos: Bahía, Brasil (2015).
- Reto: Caracterizar patrones endémicos/epidémicos de la enfermedad.

2. Alfavirus

Virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV)

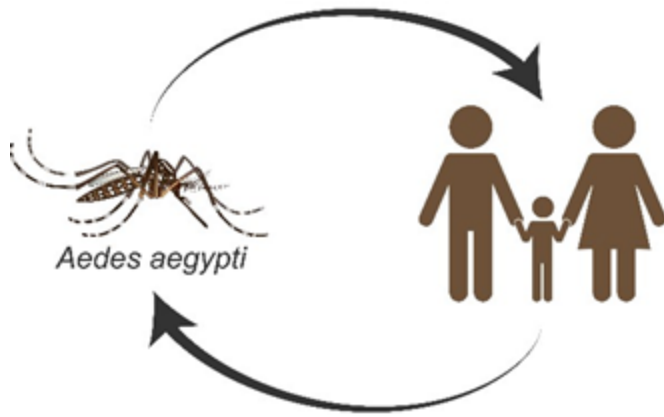


<https://shorturl.at/efosS>

- Datos: Pueblo rural, Panamá (2012).
- Reto: Encontrar una epidemia oculta en la región.

Casos de uso

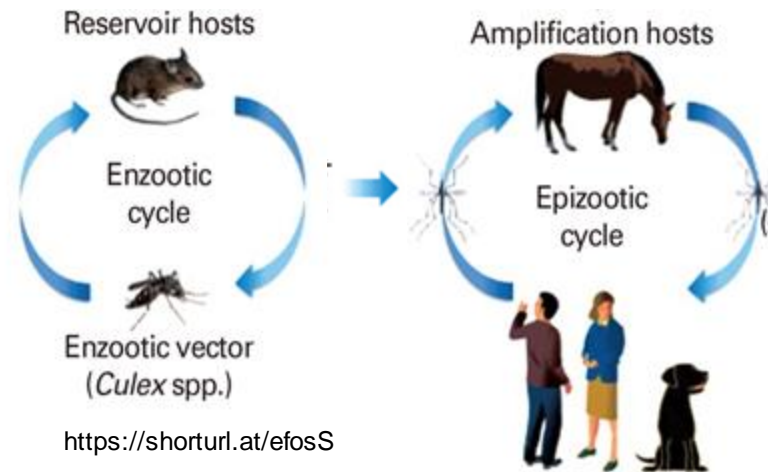
1. Chikungunya



- Datos: Bahía, Brasil (2015).
- Reto: Caracterizar patrones endémicos/epidémicos de la enfermedad.

2. Alfavirus

Virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV)



<https://shorturl.at/efosS>

- Datos: Pueblo rural, Panamá (2012).
- Reto: Encontrar una epidemia oculta en la región.

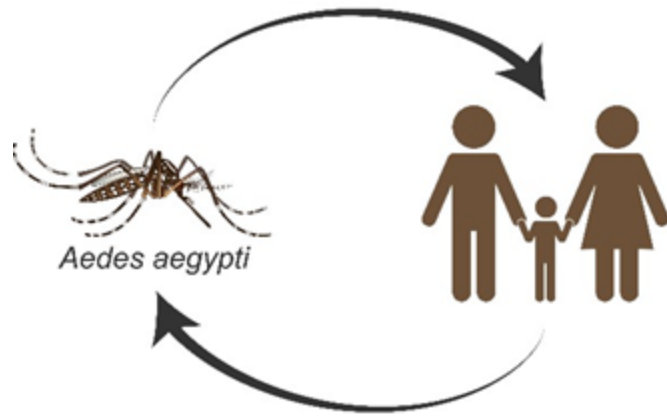
3. Enfermedad de Chagas



- Datos: Pueblo rural, Colombia (2012).
- Reto: Determinar el impacto de estrategias de control.

Casos de uso

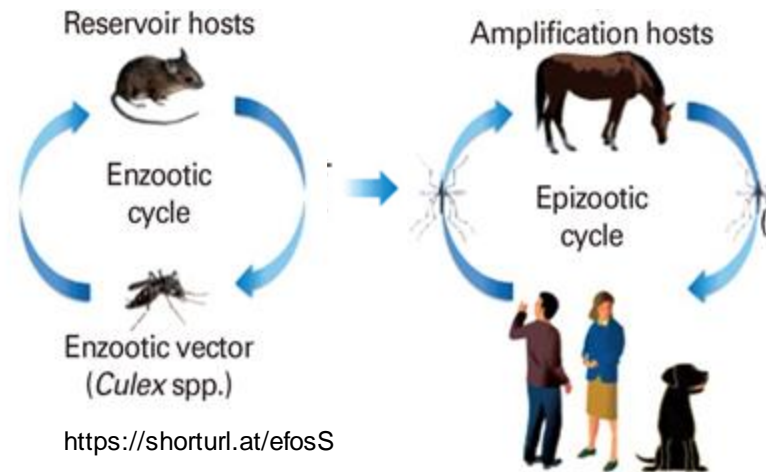
1. Chikungunya



- Datos: Bahía, Brasil (2015).
- Reto: Caracterizar patrones endémicos/epidémicos de la enfermedad.

2. Alfavirus

Virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV)



- Datos: Pueblo rural, Panamá (2012).
- Reto: Encontrar una epidemia oculta en la región.

3. Enfermedad de Chagas



- Datos: Pueblo rural, Colombia (2012).
- Reto: Determinar el impacto de estrategias de control.

Ejemplo: Enfermedad de Chagas:



Reto metodológico:

¿Cómo estimar la efectividad histórica de una estrategia de control en áreas con patrones endémicos de infección?

Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

```
# Load and prepare data
data("chagas2012")
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)
```

total	counts	age_min	age_max	tsur
34	0	1	1	2012
25	0	2	2	2012
35	1	3	3	2012
29	0	4	4	2012
36	0	5	5	2012
23	0	6	6	2012

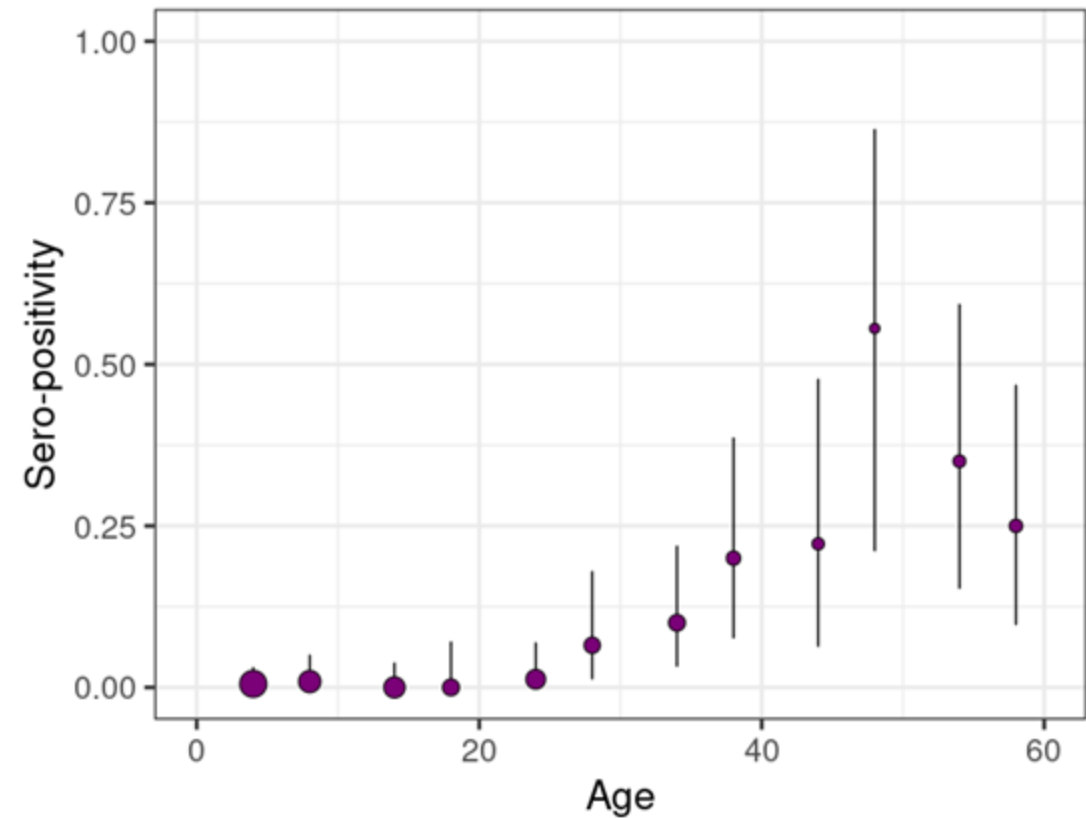


age_mean_f	birth_year	prev_obs	prev_obs_lower	prev_obs_upper
1	2011	0.00000000	0.0000000000	0.10281792
2	2010	0.00000000	0.0000000000	0.13718517
3	2009	0.02857143	0.0007231044	0.14917208
4	2008	0.00000000	0.0000000000	0.11944487
5	2007	0.00000000	0.0000000000	0.09739376
6	2006	0.00000000	0.0000000000	0.14818513

Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

```
# Load and prepare data  
data("chagas2012")  
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)
```

```
plot_seroprev(serodata = chagas2012)
```



Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

```
# Load and prepare data
data("chagas2012")
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)

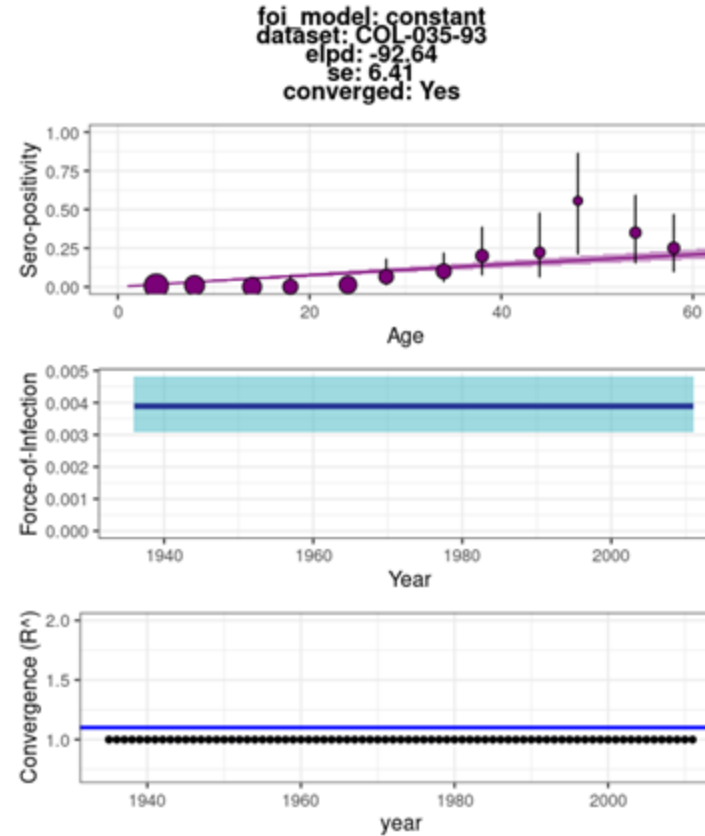
# Implementation of the models
m1_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
                        foi_model = "constant",
                        n_iters = 800)
```

Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

```
# Load and prepare data
data("chagas2012")
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)

# Implementation of the models
m1_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
  foi_model = "constant",
  n_iters = 800)
```

```
plot_seromodel(m1_cha, chagas2012p)
```



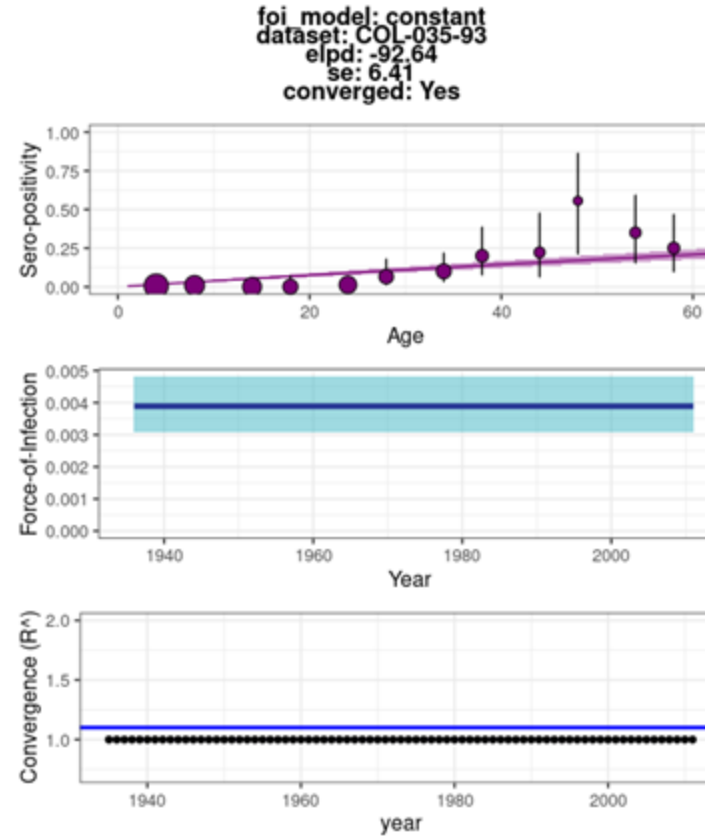
Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

```
# Load and prepare data
data("chagas2012")
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)

# Implementation of the models
m1_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
  foi_model = "constant",
  n_iters = 800)

m2_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
  foi_model = "tv_normal",
  n_iters = 800)
```

plot_seromodel(m1_cha, chagas2012p)



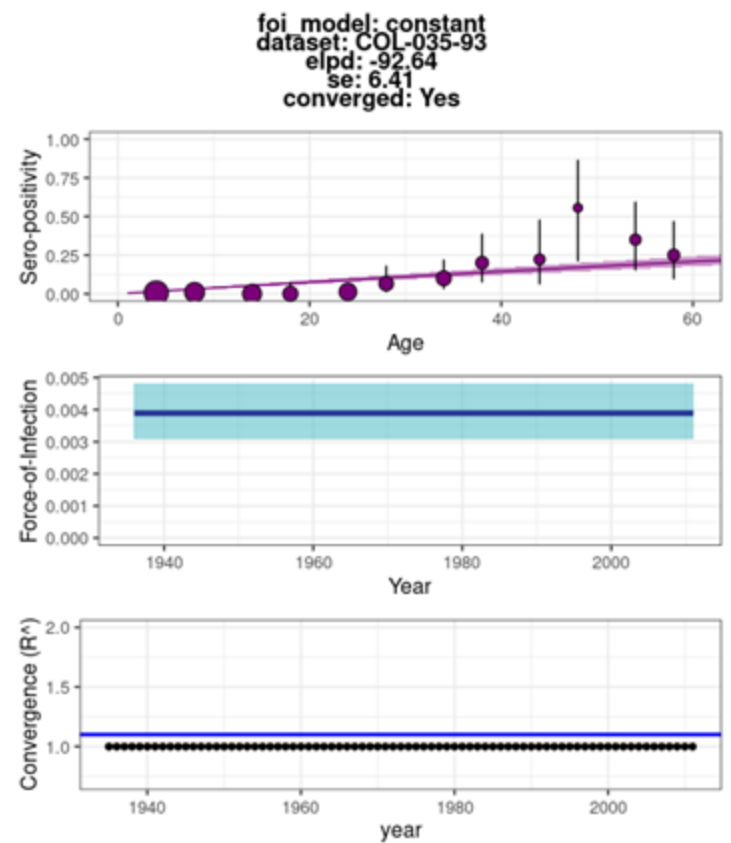
Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

```
# Load and prepare data
data("chagas2012")
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)

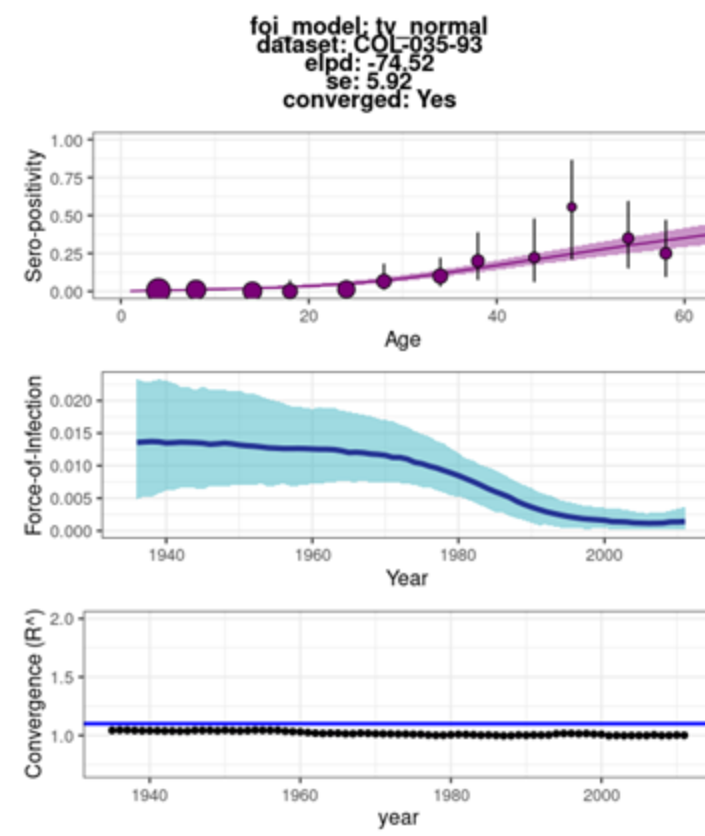
# Implementation of the models
m1_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
                        foi_model = "constant",
                        n_iters = 800)

m2_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
                        foi_model = "tv_normal",
                        n_iters = 800)
```

plot_seromodel(m1_cha, chagas2012p)



plot_seromodel(m2_cha, chagas2012p)



Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

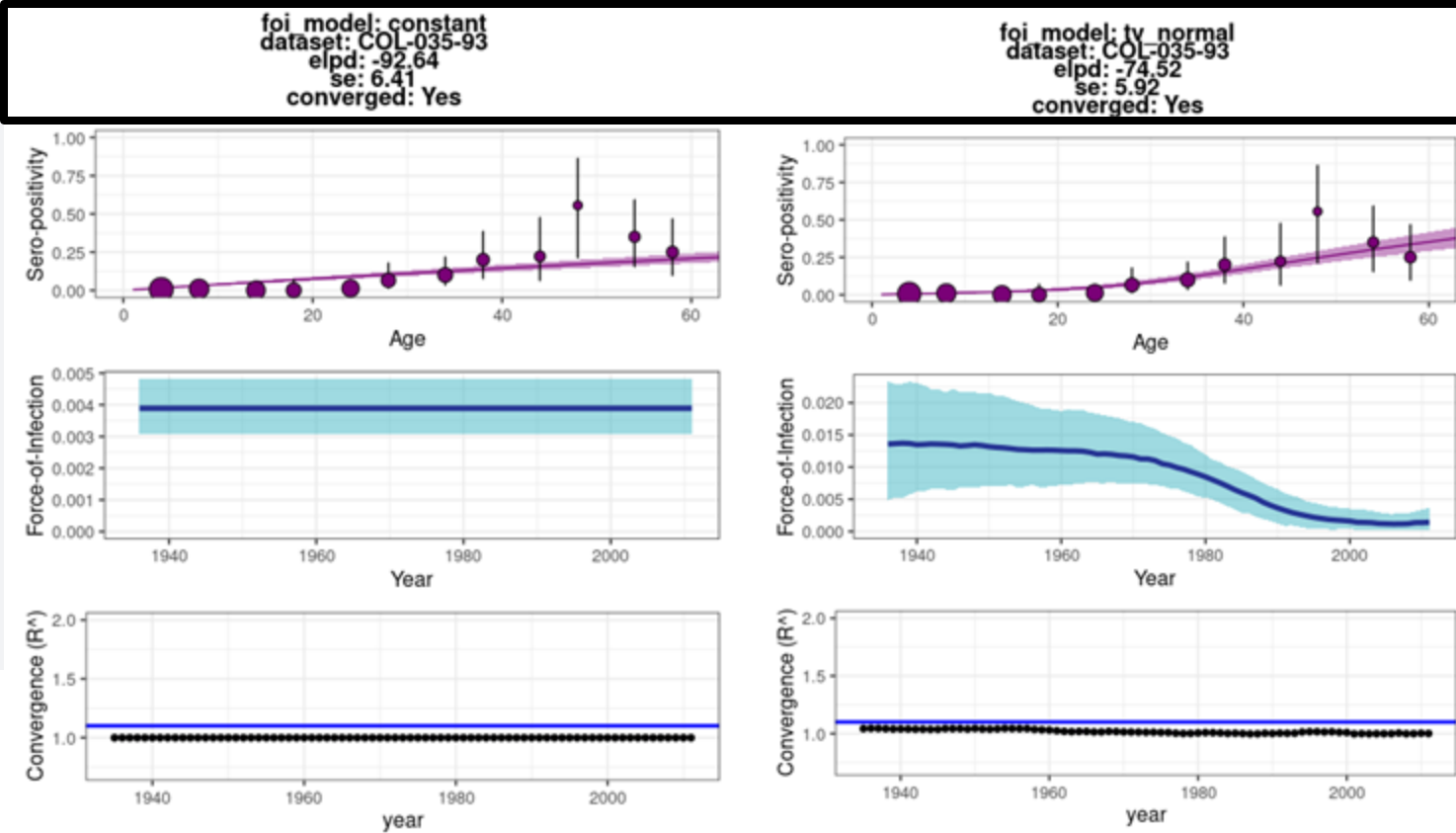
```
# Load and prepare data
data("chagas2012")
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)

# Implementation of the models
m1_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
                        foi_model = "constant",
                        n_iters = 800)

m2_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
                        foi_model = "tv_normal",
                        n_iters = 800)
```

plot_seromodel(m1_cha, chagas2012p)

plot_seromodel(m2_cha, chagas2012p)

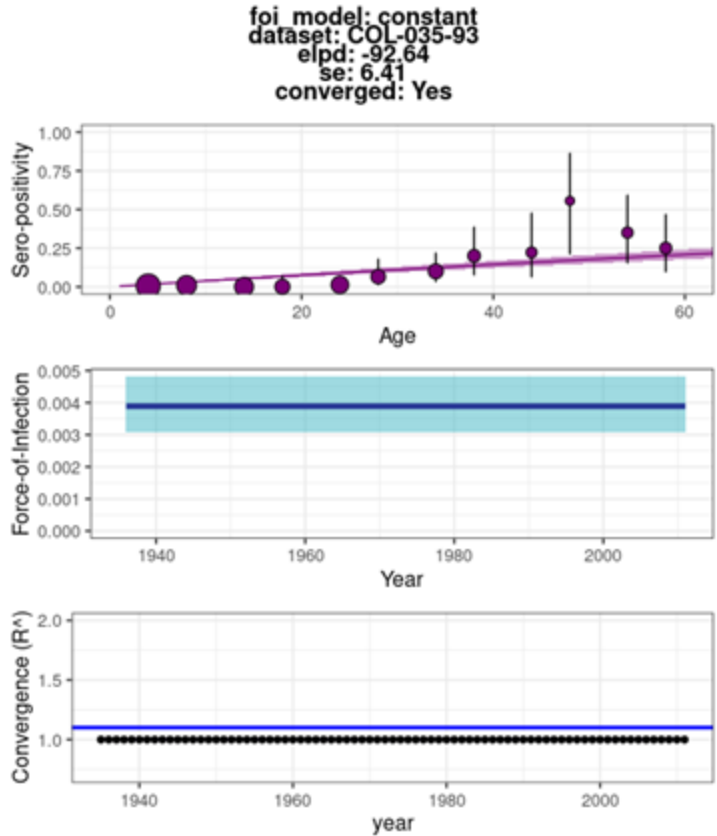


Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

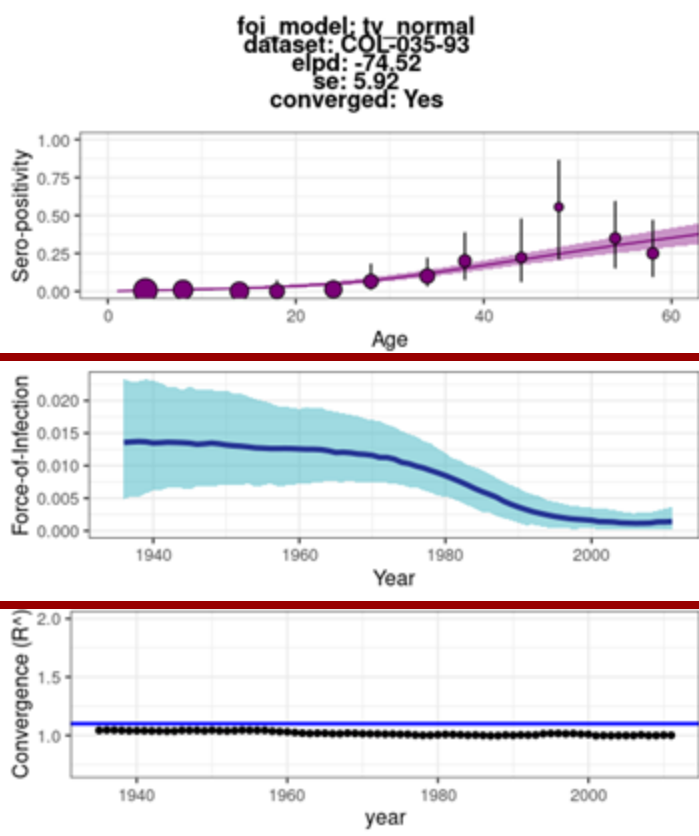
```
# Load and prepare data
data("chagas2012")
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)

# Implementation of the models
m1_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
  foi_model = "constant",
  n_iters = 800)
m2_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
  foi_model = "tv_normal",
  n_iters = 800)
```

plot_seromodel(m1_cha, chagas2012p)



plot_seromodel(m2_cha, chagas2012p)



Nuevos modelos:

Modelos con seroreversión

- Enfermedades de transmisión sexual (e.g. VPH, VIH, ...)



David Santiago Quevedo
Universidad Javeriana



Richard Creswell
Oxford University

Modelos dependientes de la edad

- Pérdida de inmunidad
- e.g. COVID



Everlyn Kamau
Oxford University



Contribuir a serofoi:

Contribuciones al paquete son bienvenidas por medio de *pull requests*, teniendo en cuenta el código de conducta del proyecto.

GitHub: <https://github.com/epiverse-trace/serofoi>

Website: <https://epiverse-trace.github.io/serofoi/>

Contáctanos:

Email:

ex-ntorres@javeriana.edu.co

zulma.cucunuba@javeriana.edu.co



Pontificia Universidad
JAVERIANA
Bogotá





¡Gracias LatinR!

Más información:
ex-ntorres@javeriana.edu.co



Epiverse
TRACE LAC



data.org

