

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

Zulma M. Cucunubá<sup>1</sup>  
Nicolás T. Domínguez<sup>1</sup>  
Ben Lambert<sup>2</sup>  
Pierre Nouvellet<sup>3</sup>

# 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 MINEEDUCACIÓN ]

# Epiverse TRACE LAC



# Epiverse TRACE LAC



**Contexto  
sociotécnico**



# Epiverse TRACE LAC



**Contexto  
sociotécnico**



**Entrenamiento**

# Epiverse TRACE LAC



**Contexto  
sociotécnico**



**Desarrollo de  
Software**



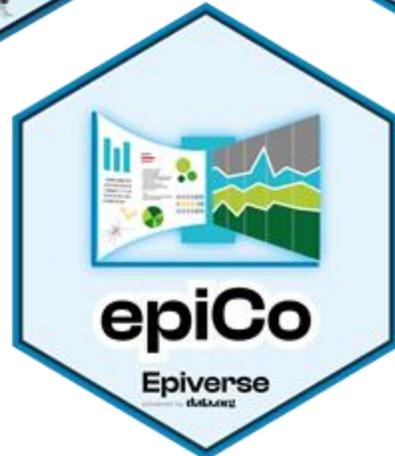
**Entrenamiento**

# Epiverse - nuevos paquetes:



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

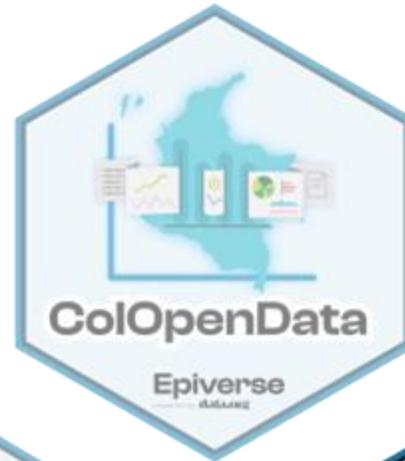
# Desarrollo en Epiverse TRACE LAC



# 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)?

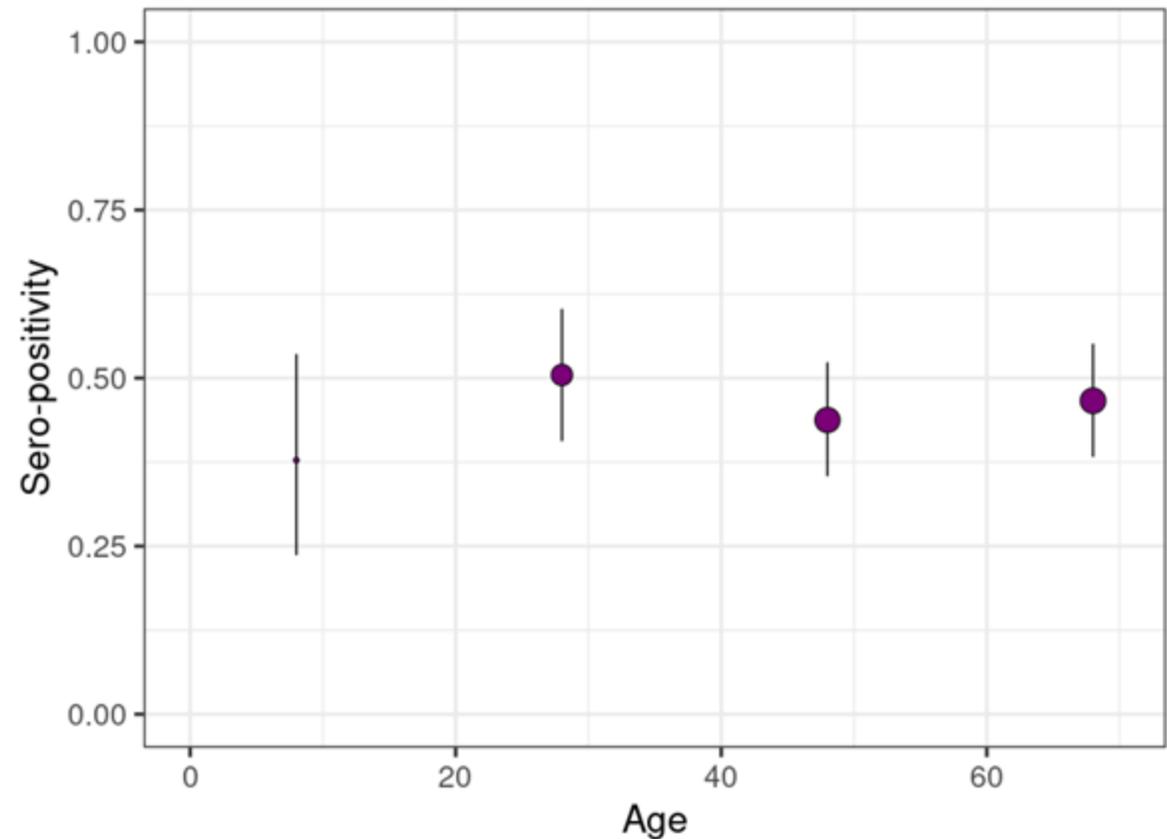
```
library(serofoi)
library(dplyr)
```

```
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.

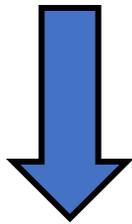
- **Modelos serocatalíticos**

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

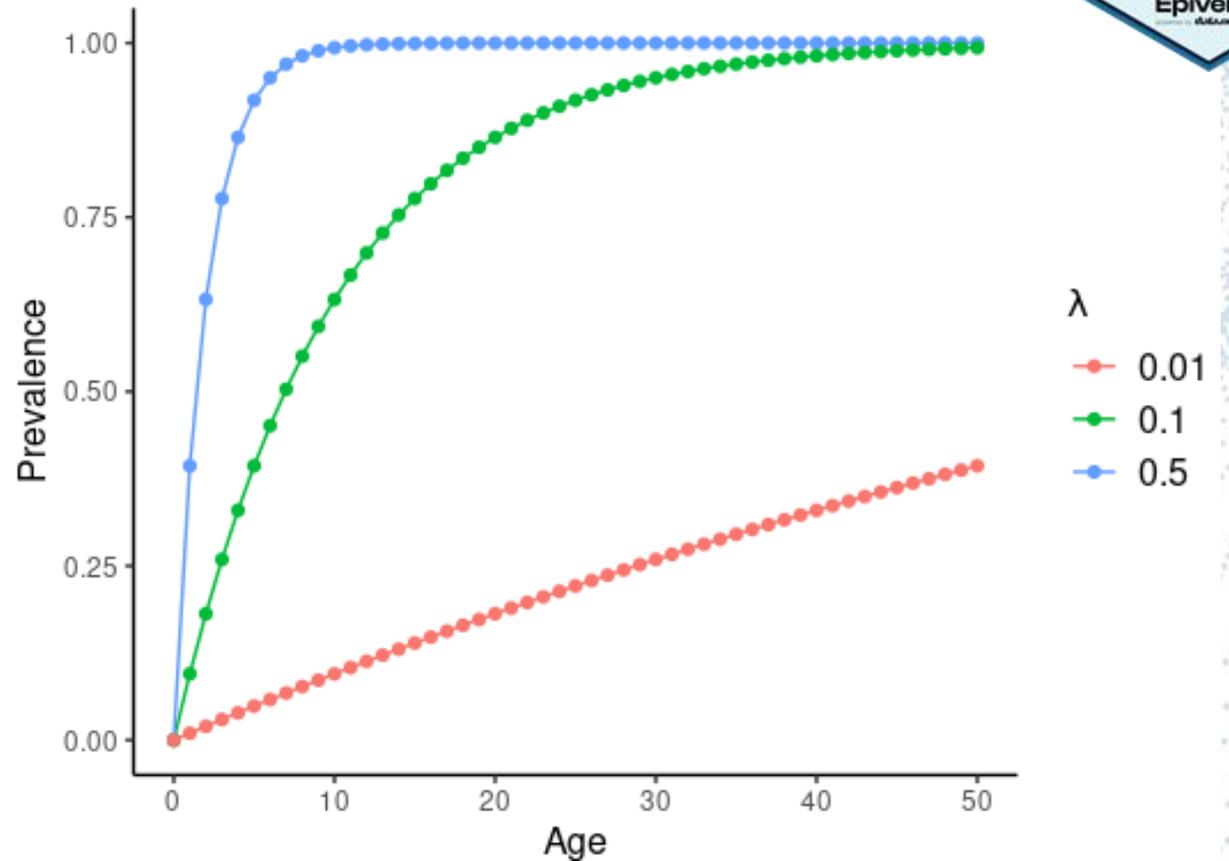
# ¿Qué es la Fuerza de Infección (foi)?

Ejemplo - Foi constante:

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



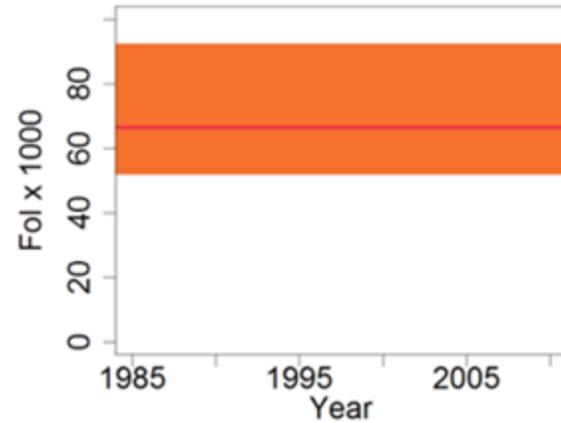
$$P(a) = 1 - \exp(-\lambda a)$$



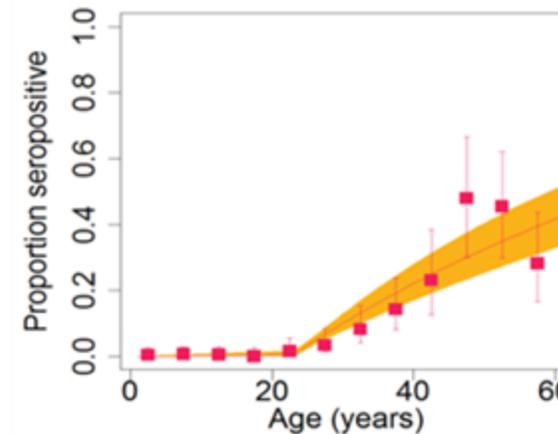
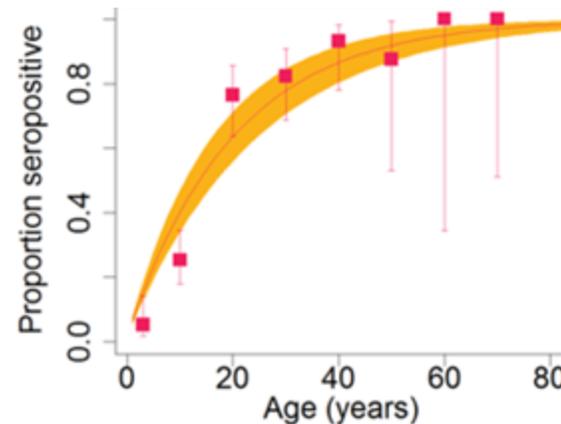
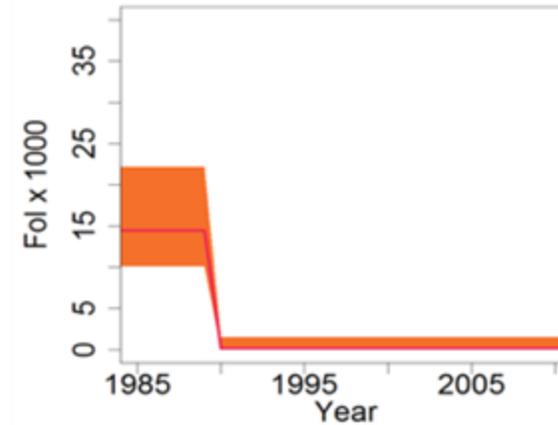
# Fol constante vs dependiente del tiempo

Ajuste de datos de seroprevalencia por edad:

**Constant**



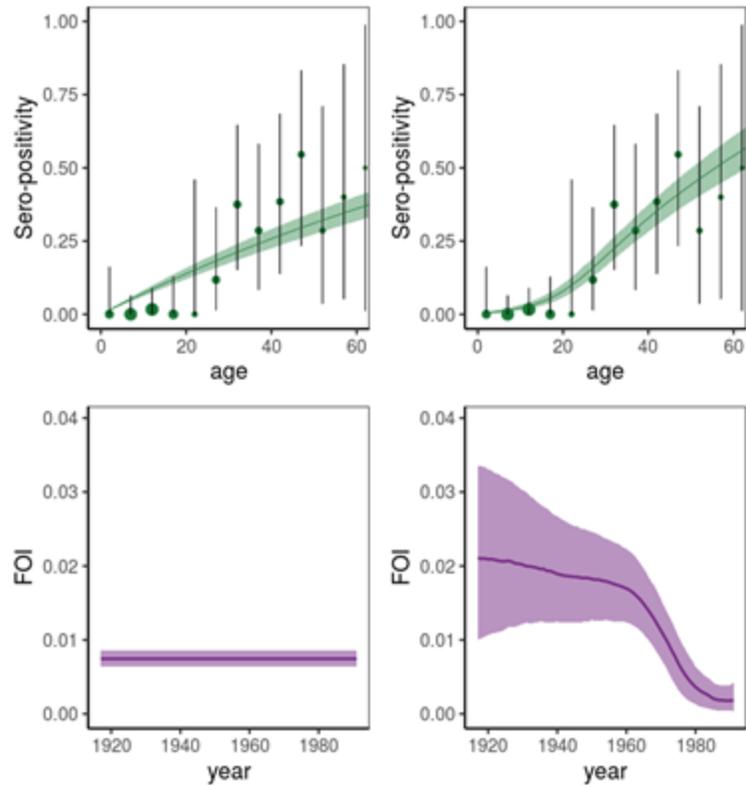
**Time – varying**



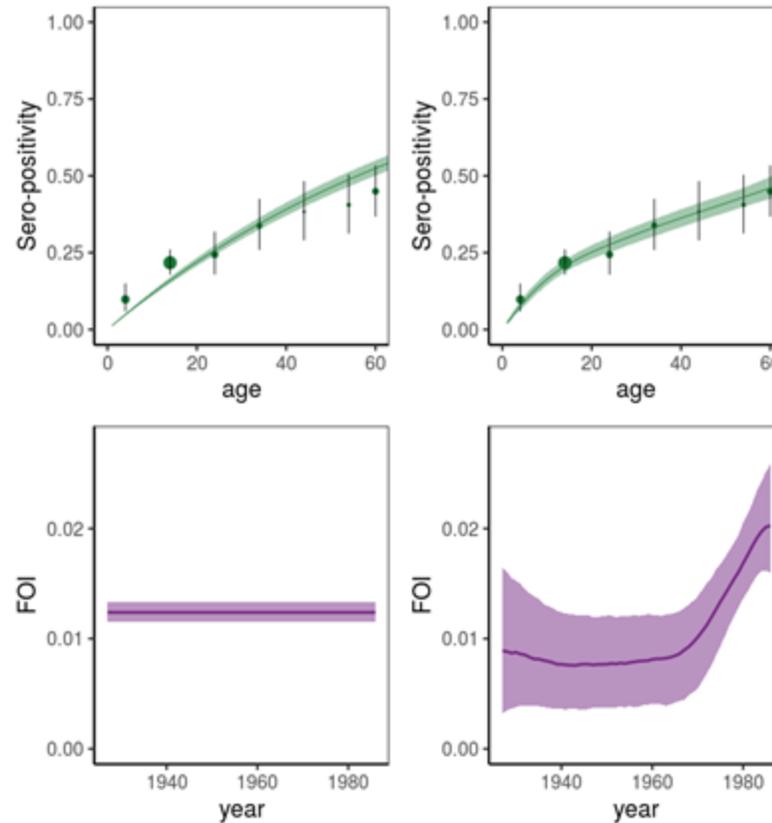
# FOI constante vs dependiente del tiempo

Ejemplos:

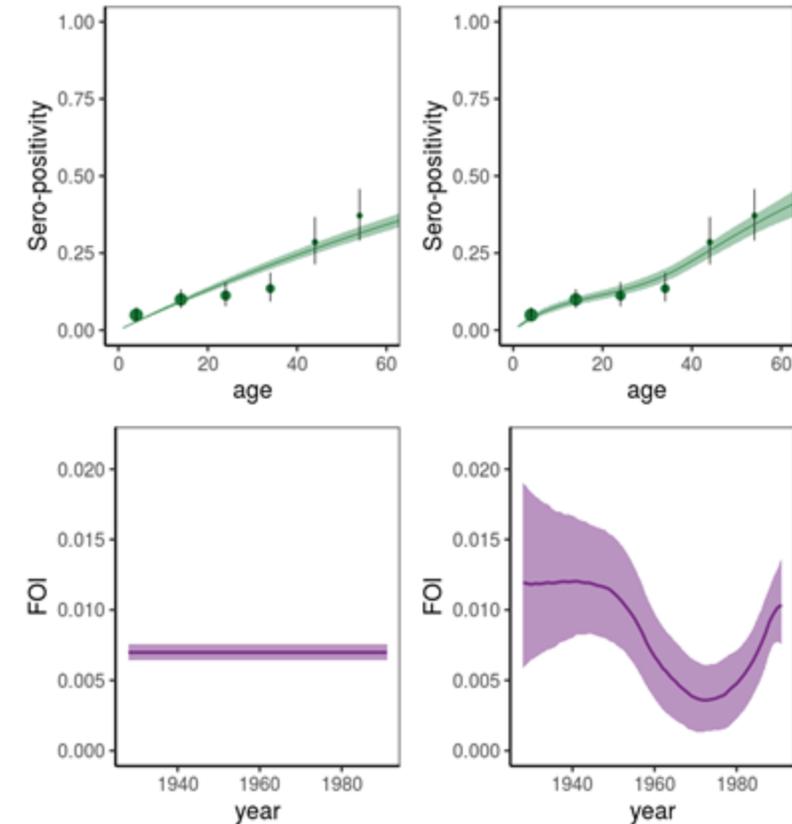
## Decreasing



## 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?

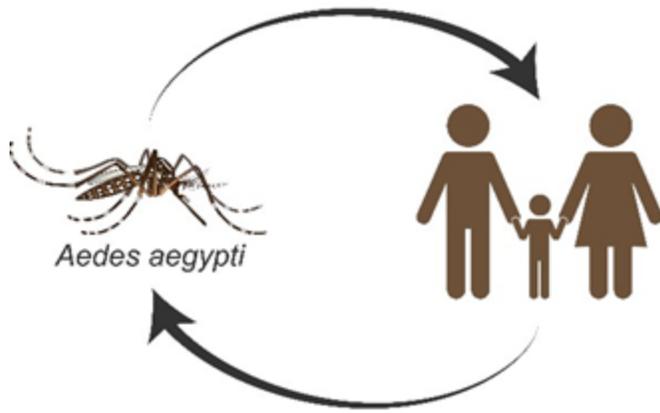
# Tipos de preguntas que se pueden resolver con serofoi



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

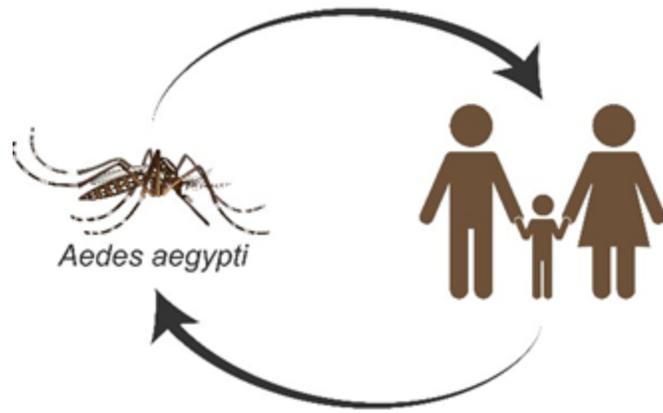
## 1. Chikungunya



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

# Casos de uso

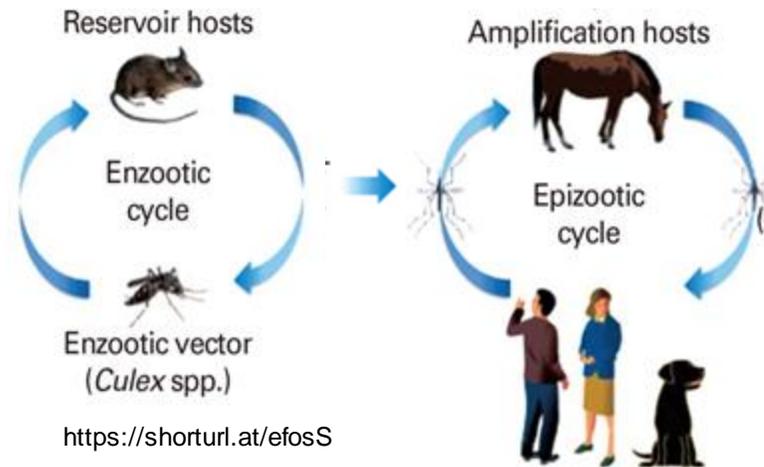
## 1. Chikungunya



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

## 2. Alfavirus

Virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV)

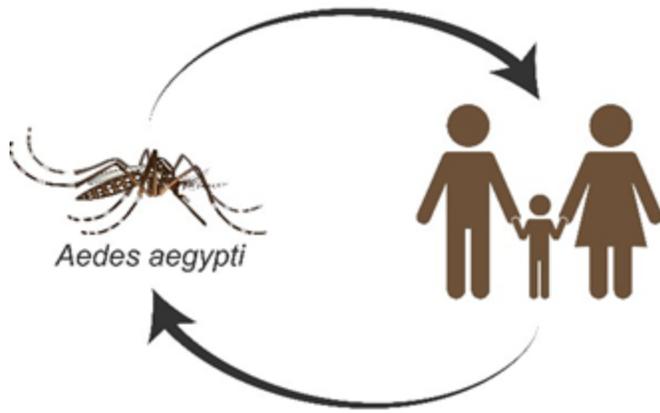


<https://shorturl.at/efosS>

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

# Casos de uso

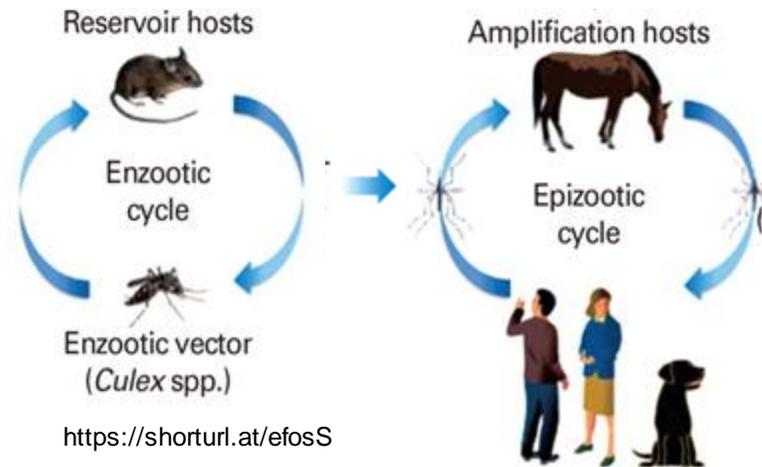
## 1. Chikungunya



- 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.

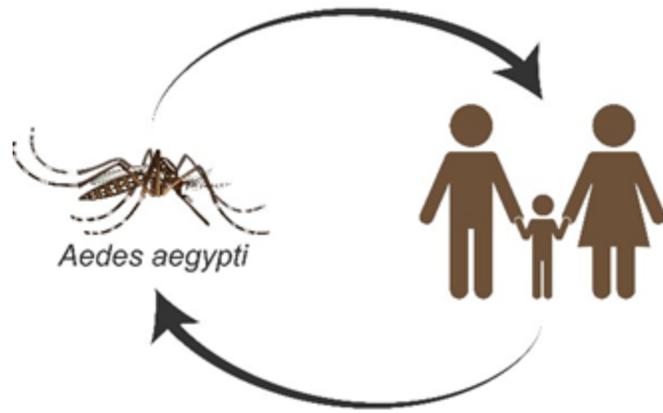
## 3. Enfermedad de Chagas



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

# Casos de uso

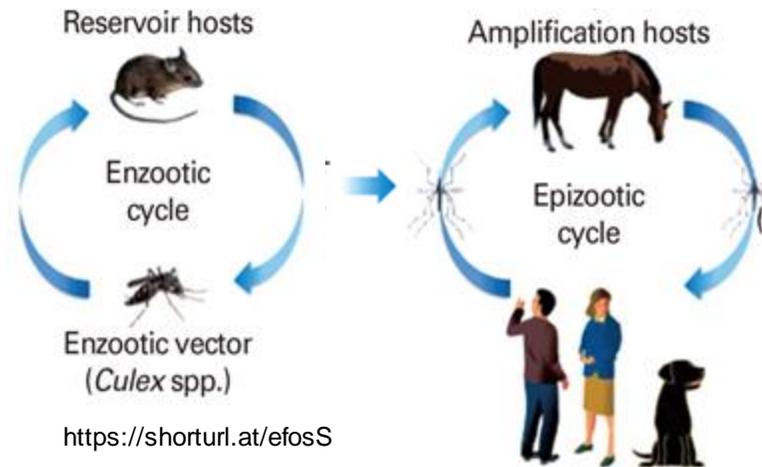
## 1. Chikungunya



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

## 2. Alfavirus

Virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV)



<https://shorturl.at/efoS>

- 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:



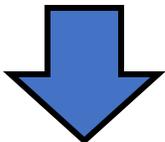
## Reto metodológico:

¿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

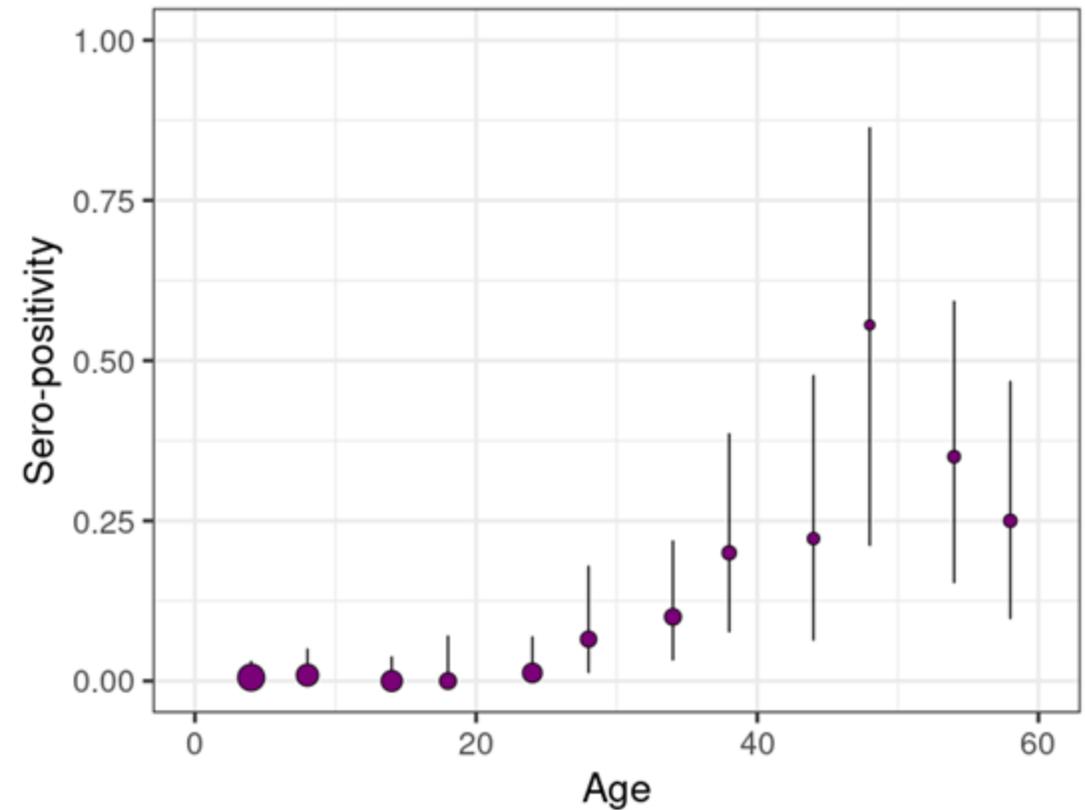


age_mean_f	birth_year	prev_obs	prev_obs_lower	prev_obs_upper
1	2011	0.00000000	0.0000000000	0.10281792
2	2010	0.00000000	0.0000000000	0.13718517
3	2009	0.02857143	0.0007231044	0.14917208
4	2008	0.00000000	0.0000000000	0.11944487
5	2007	0.00000000	0.0000000000	0.09739376
6	2006	0.00000000	0.0000000000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

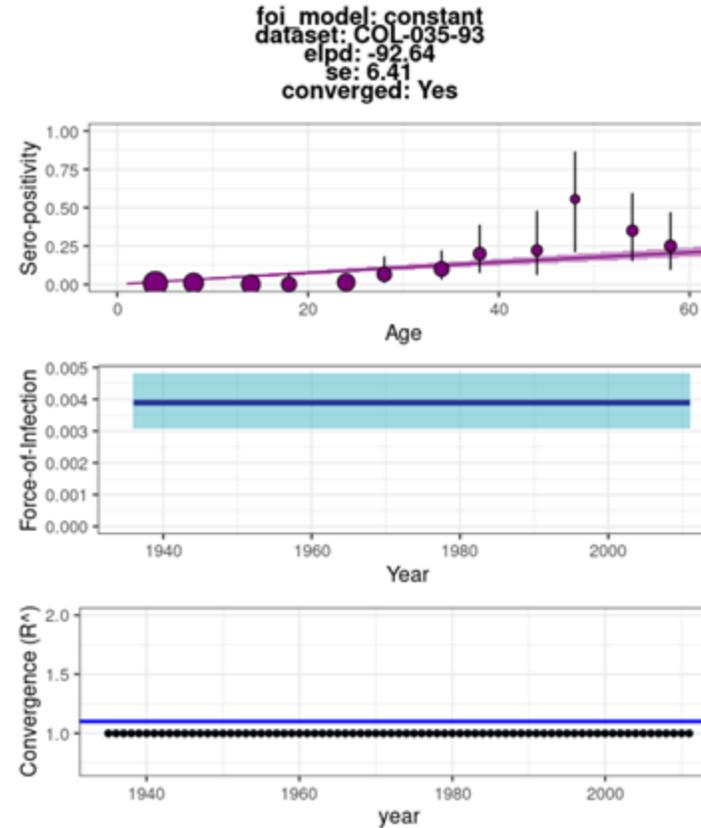
# Implementation of the models
m1_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
                        foi_model = "constant",
                        n_iters = 800)
```

# 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)
```



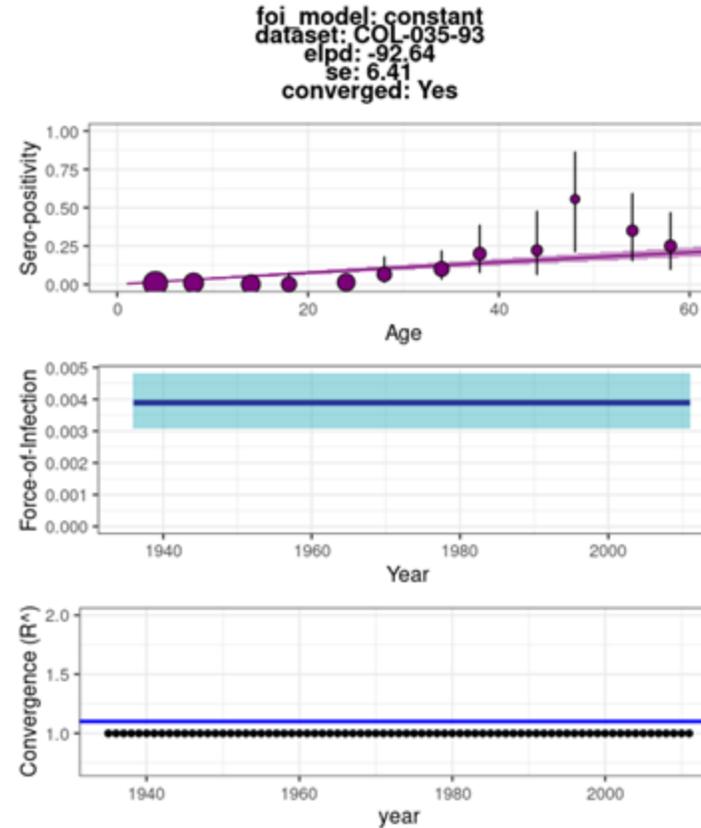
# Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

```
# 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)

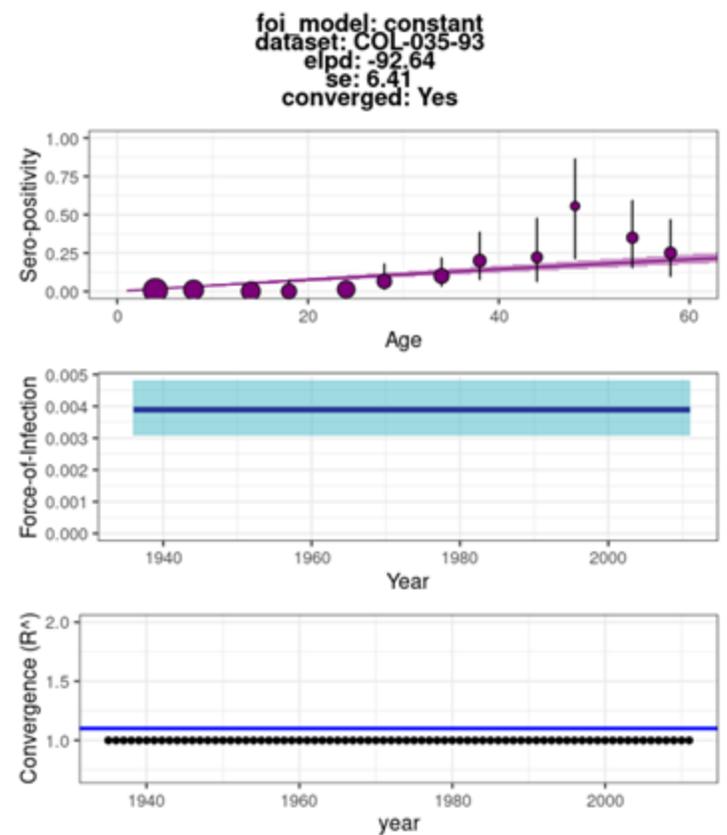


# Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

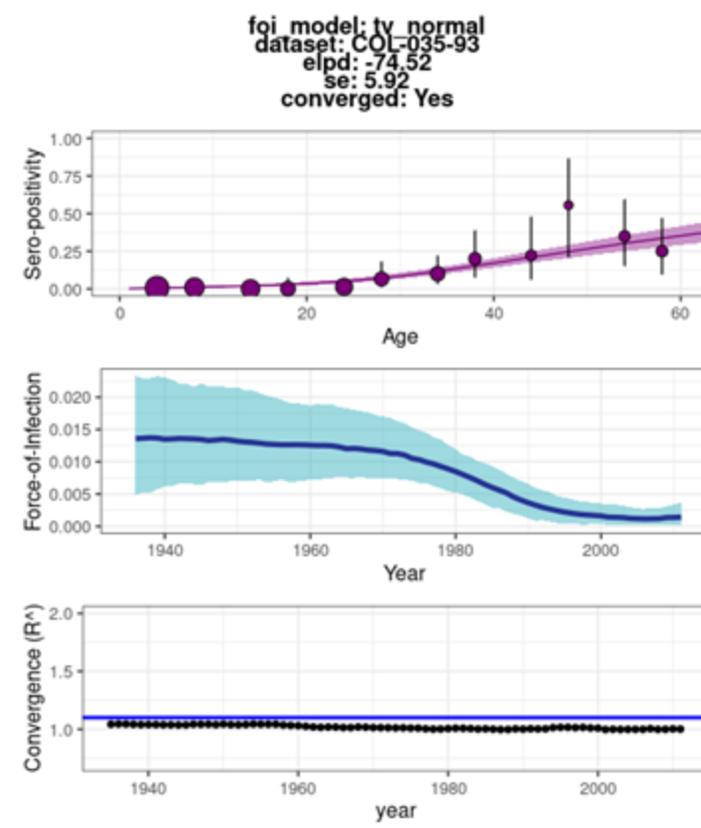
```
# Load and prepare data
data("chagas2012")
chagas2012p <- prepare_serodata(chagas2012)

# 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)



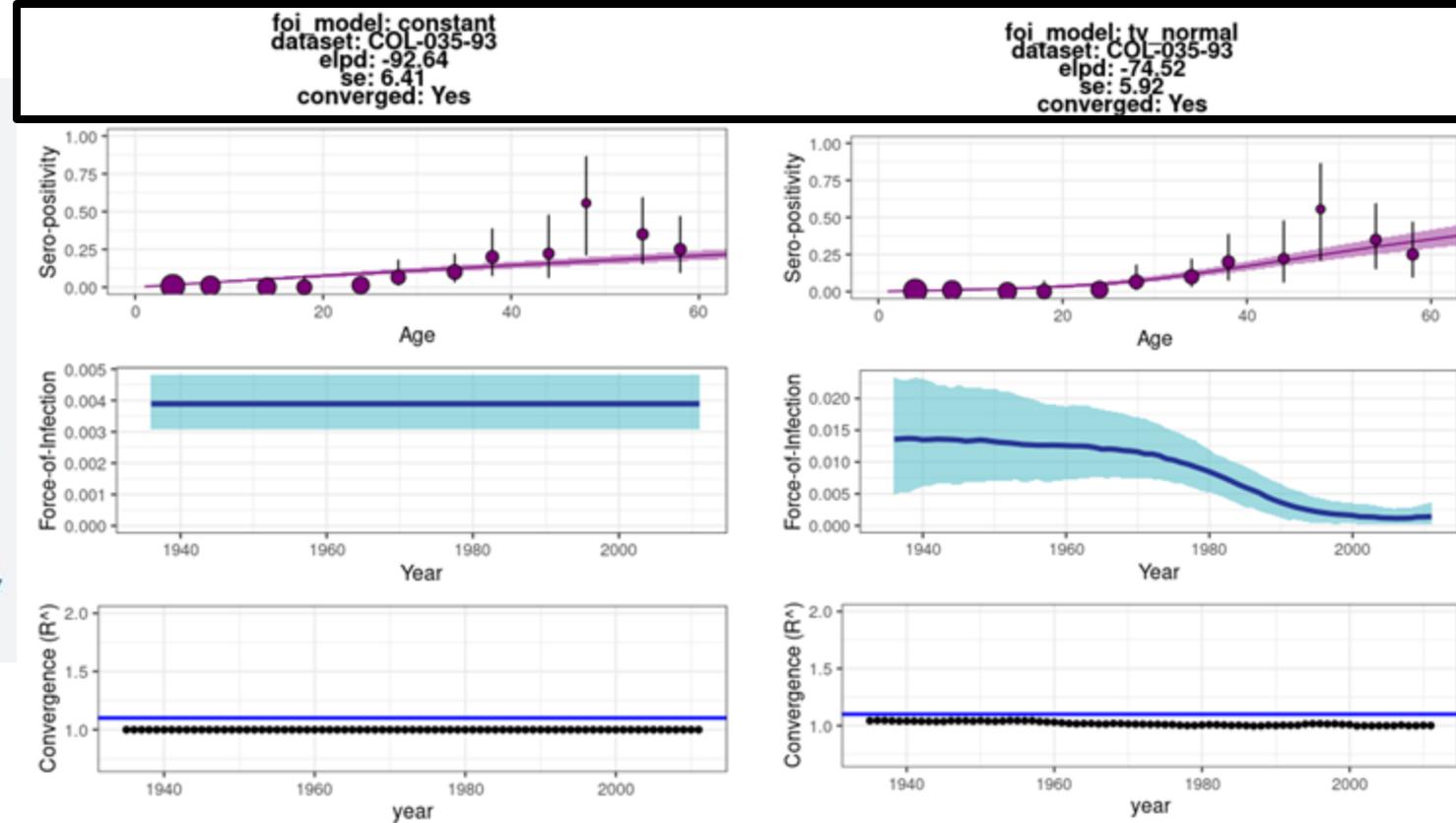
# Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

```
# 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)



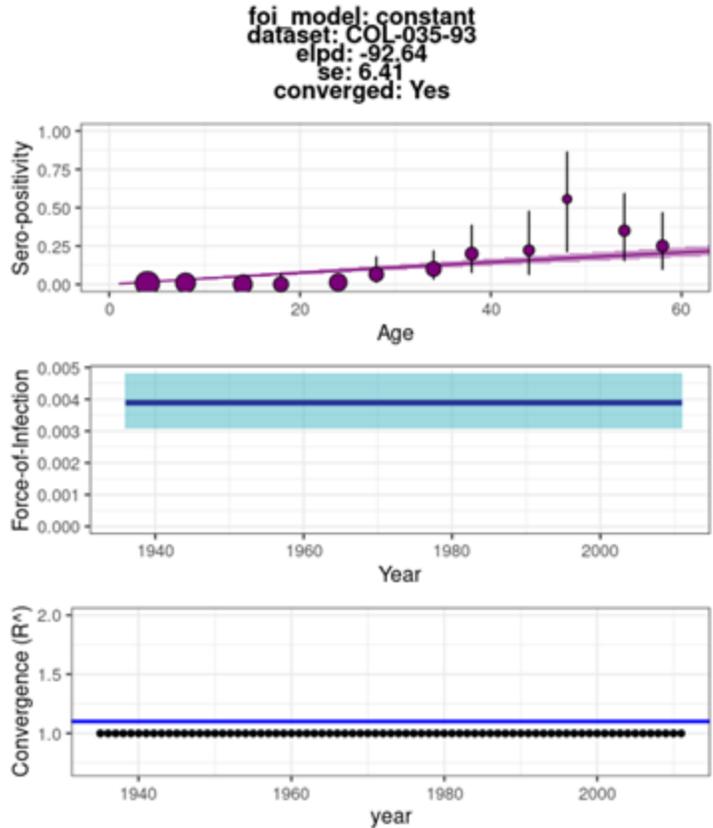
# Ejemplo: Enfermedad de Chagas:

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

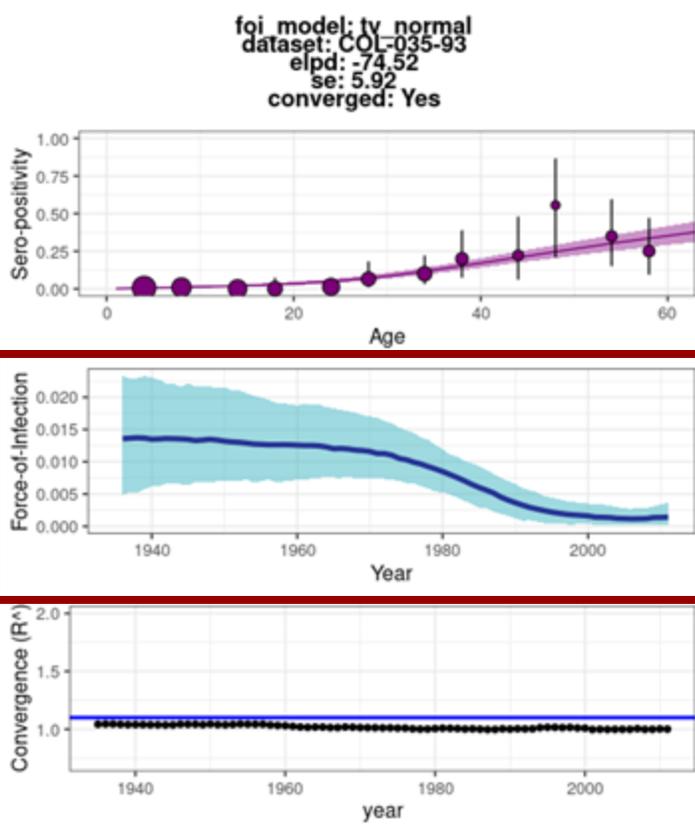
# Implementation of the models
m1_cha <- run_seromodel(serodata = chagas2012p,
  foi_model = "constant",
  n_iters = 800)

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](mailto:ex-ntorres@javeriana.edu.co)

[zulma.cucunuba@javeriana.edu.co](mailto:zulma.cucunuba@javeriana.edu.co)



Pontificia Universidad  
**JAVERIANA**  
Bogotá





# ¡Gracias LatinR!

Más información:  
[ex-ntorres@javeriana.edu.co](mailto:ex-ntorres@javeriana.edu.co)



Epiverse  
TRACE LAC



**data.org**

