

[Centro de Información de COVID \(CIC\): Charlas científicas relámpago](#)

Transcripción de una presentación de Babatunde Ogunnaike (Universidad de Delaware), julio de 2021



Título: [Modelo predictivo y marco de control óptimo para una respuesta epidémica basada en modelos en Delaware](#)

Proyecto de los Institutos Nacionales de Salud (NIH, por sus siglas en inglés) #: [3P20GM103446-20S2](#)

[Grabación de YouTube con diapositivas](#)

[Información del seminario web del CIC de julio 2021](#)

Editora de la transcripción: Macy El Moujabber

Traductora: Isabella Graham Martínez

Transcripción

Babatunde Ogunnaike:

*Diapositiva 1*

Permítanme compartir mi pantalla. Muy bien buenas tardes a todos gracias por venir. Voy a estar hablando del trabajo que estamos haciendo con el Hospital Infantil Nemours sobre el modelado predictivo y el control óptimo - un marco para la respuesta epidémica basada en modelos en Delaware.

*Diapositiva 2*

Por definición de una charla relámpago cosas pasarán muy rápidamente y si usted tiene alguna pregunta por favor no dude en preguntar al final. Nuestro objetivo es desarrollar y evaluar un enfoque de modelado predictivo que pueda ser aplicado a la propagación del SARS-CoV-2 pero capaz de adaptarlo a enfermedades infecciosas emergentes más adelante, especialmente para los niños nos estamos centrando en el estado de Delaware en este momento y hablamos un poco sobre el modelo óptimo basado en la estrategia de mitigación hacia el final.

*Diapositiva 3*

No necesito decirle a esta audiencia sobre el modelado matemático y cómo se ha convertido en una herramienta estándar en el arsenal de los profesionales y ha habido varios enfoques a modelados de COVID-19 que no tenemos tiempo para exponer, pero entonces voy a motivar por qué estamos tomando el enfoque que estamos tomando.

#### *Diapositiva 4*

Estamos usando el concepto de cinética de reacción química. Cuando una especie entra en contacto con otra especie estas reaccionan, pero al usar este marco nos permite hacer varias cosas que quizás no podamos hacer de otra manera. Por ejemplo, tenemos este concepto de distribución del tiempo de residencia que nos ayuda a caracterizar cuánto tiempo pasa una molécula dentro de un reactor, que es algo similar al tiempo que tarda una persona infectada en recuperarse o morir.

#### *Diapositiva 5*

Así que es ese tipo de cosas que usamos. Esta es probablemente la diapositiva más importante en este punto - para darles una idea del mecanismo. Así que si A en rojo representa a alguien que está infectado entra en contacto con alguien que no está infectado, tienes dos personas infectadas a la tasa de transmisión que es  $k_{sub t}$  y entonces esa persona puede recuperarse pero pasa por una etapa intermedia donde todavía eres infecciosa y luego te recuperas completamente. Lo mismo por desgracia para la etapa intermedia de la muerte donde todavía se puede infectar a la gente y así sucesivamente. La transmisión secundaria es alguien que está en camino a la recuperación o alguien en el camino a la muerte todavía puede infectar a otras personas y luego si te imaginas que todo el mundo que ha sido infectado y que está en el camino a ponerse bien o en el camino a la muerte está en algún reactor que tomar algunos tiempo antes de que escapen a la recuperación, completamente o hasta la muerte, completamente. Al hacerlo de esta manera podemos caracterizar esto con un conjunto de ecuaciones de estado que los ingenieros químicos reconocerán. Pero lo más importante de este marco es que reconocemos que no todas las personas que han sido infectadas han sido identificadas como tales. Así que cuando tomamos una medición, la ingesta de medición es sólo una fracción de las personas que realmente han sido infectadas.

#### *Diapositiva 6*

Así que al incorporar esto en este modelo nos permite ser capaces de desarrollar un modelo. No voy a entrar en muchos detalles pero a partir del modelo ¿cómo determinamos los parámetros? Tomamos datos, datos de entrenamiento y utilizamos optimización de mínimos cuadrados para obtener estos parámetros, esta constante de velocidad y nos reservamos la semana más reciente de datos para la validación. En otras palabras, si tuviéramos tres semanas de datos, usaríamos las primeras dos semanas de datos para adaptarnos a los modelos, y luego tratábamos de predecir lo que habría pasado la tercera semana como si no tuviéramos eso y lo usáramos para hacer la validación y luego repetimos esto cada semana, desplazar el origen de los datos de validación para una situación de horizonte móvil.

#### *Diapositiva 7*

Así que esto es lo que sucedió para nosotros el 23 de mayo. La línea azul - la línea azul sólida es el promedio móvil de siete días. Los datos tienen un montón de ruido, obviamente, este diario de casos registrados está por todas partes. Nuestra predicción de modelo en ese momento es esta curva clásica con la que la gente está familiarizada, así que esto es lo que estábamos pensando el 23 de mayo y nos sentíamos muy bien de que tal vez las cosas estarían terminando a finales de julio.

#### *Diapositiva 8*

Estos son los datos acumulativos. Pueden ver lo que usamos para encajar y lo que usamos para validar.

#### *Diapositiva 9*

Este es el porcentaje de personas no infectadas.

#### *Diapositiva 10*

Estos son los resultados que obtuvimos en ese momento y la predicción de la población final de no infectados y así sucesivamente.

#### *Diapositiva 11*

El resultado más importante en ese momento fue que estimamos un porcentaje total de infectados que no se identificó como 30 por ciento y en realidad lo ha sido, ya que desde entonces se confirmó que sólo alrededor de esa cantidad en ese momento se identificó como infectado, lo que significa que el 70% eran asintomáticos o presintomáticos o sintomáticos pero no probados. Y todo eso comenzó a argumentar fuertemente para que el muestreo aleatorio fuera capaz de detectar lo asintomático y luego hacer algo al respecto.

#### *Diapositiva 12*

Permítanme saltar rápidamente a lo que pasó el 27 de septiembre y como pueden ver hicimos algunas cosas bastante estúpidas en el sentido de que no prestamos atención y tuvimos una segunda ola luego tuvimos la tercera ola y nuestro modelo fue capaz de adaptarse y mantenerse al día.

#### *Diapositiva 13*

Y desde entonces hemos tenido una cuarta ola y voy a mostrarte cómo un modelo seguía el ritmo. Otra vez mantén tu mente, mantén tus ojos en la curva misma. La línea azul sólida es el promedio móvil de siete días y así que hemos estado rastreando bastante bien y todas las cosas que están pasando

*Diapositiva 14*

Y probablemente es importante mostrar algunas estimaciones de la tasa de transmisión y así que esto es lo que ha pasado en las últimas nueve semanas por la última vez que comprobamos que se puede ver que la tasa de transmisión estaba empezando a bajar y está empezando a subir de nuevo y así que Espero que no tengamos problemas serios otra vez.

*Diapositiva 15*

La parte que quizás no hayan visto antes es el hecho de que podemos hacer una intervención activa. Cuando hacemos muestreo aleatorio y rastreo de contacto y encontramos personas infectadas, las ponemos en cuarentena y las tratamos. Este es el equivalente matemático de introducir esta función  $u(t)$  - que por desgracia no tengo el tiempo para explicarles cómo obtenemos esto - pero si me dan una fracción de infectados, una fecha de inicio para salir a la muestra de personas, y el período de muestreo, y la población total, y la fracción de la población, podemos determinar qué hacer para cumplir con algún objetivo que se puede decir, permítanme mostrarles algunos resultados que es la ecuación que verán.

*Diapositiva 16*

Así, por ejemplo, si al principio en el estado de Delaware, al principio - 30 días después como si hubiéramos tomado muestras cada semana y tomamos un 0,02% de la población del estado de Delaware que es el número de personas que tomamos muestras y pruebas y para una fracción inicial de personas infectadas de 0,01 aquí es lo que habríamos visto.

Podríamos haber acertado, esto no es aplanar la curva, es cambiar la curva por completo. Nosotros habríamos devuelto las cosas en unos 15 días y una reducción de alrededor del 50% si hubiéramos hecho esto en 30 días. Ahora, ¿por qué estamos haciendo esto? decimos que la próxima vez que suceda algo, sabremos qué hacer, cómo hacerlo y cosas que parecen [inaudible] el registro es lo que habría visto en lugar de como la curva azul habría manejado las cosas.

*Diapositiva 17*

Ahora bien, no quiero dedicar demasiado tiempo a esto, pero hay muchos parámetros que podemos seleccionar para que haya diferentes formas de lograr el mismo objetivo, y eso es típico. Mostrando una curva de contorno, por ejemplo, si quisiéramos reducir la infección por COVID a un valor menos detectable en cien días, podemos lograrlo tomando un tamaño de muestra de 0.15, muestreando siete cada semana, y así que de todos modos estos, estos son algunos de los resultados que hemos obtenido.

*Diapositiva 18*

Me voy a saltar esto porque no es realmente esto es sólo para mostrarnos que si no empiezas temprano se vuelve más difícil ser capaz de hacer las cosas.

*Diapositiva 19*

Así que permítanme resumir y concluir que hemos utilizado el modelo basado en la cinética de la reacción de ingeniería química para la propagación de COVID-19. Lo hemos aplicado al estado de Delaware pero no le hemos mostrado los otros conjuntos de datos a los que lo hemos aplicado. Hemos usado el modelo para estudiar el efecto de la intervención activa. Ahora estamos desarrollando un enfoque recursivo para los niños y vamos a desarrollar una plataforma que los encargados de tomar decisiones puedan utilizar.

*Diapositiva 20*

Me gustaría reconocer mi post doc Yu Luo que ahora tiene un trabajo real con GlaxoSmithKline y tenemos dos estudiantes de posgrado trabajando con nosotros: Rob Akins y conmigo Neha y Jonathan y Julie Carrick es el científico de la computación que trabaja con nosotros. Eso es todo.