

Modelo epidemiológico fitosanitario

Mathematical model on the dynamics of bacterial blight of rice in the presence of *Lysobacter Antibioticus* considering introduction at different stages

Monjaraz Ramírez Israel

Texcoco de Mora | CP-LANREF

Otoño 2022

Introducción

Epidemiología es el estudio multifactorial, multidimensional y dinámico de relaciones intrínsecas al Sistema Epidemiológico para dilucidar estrategias racionales de prevención de epidemias y mitigación de riesgos sanitarios'. G. Mora y G. Acevedo (2021)

Los modelos matemáticos brindan a la epidemiología una herramienta eficaz que permite disponer de comportamientos y proyecciones para el análisis, y tomar decisiones en el seguimiento y control de epidemias.

Objetivo

Se pretende replicar resultados del artículo de investigación original que se expone en el título de este documento. Dicho artículo está enfocado en el análisis de la plaga del tizón bacteriano del arroz usando como control biológico *lysobacter antibioticus* se estudia su comportamiento ya que es una enfermedad bacteriana letal que constituye una de las enfermedades más perjudiciales para el cultivo de arroz (*Oryza sativa* y *O. glaberrima*).

Metodología

Lenguajes de programación: Dado que en el artículo se hace uso de la función `ode45` de MATLAB, entonces se en la revisión se utiliza dicho lenguaje, a través de una cuenta (licencia) institucional académica para replicar resultados, adicionalmente se hará uso de Python (Python V.3.11.0) lenguaje de programación libre, para la comparación de resultados.

Algoritmo General

¿Cómo se resolvió el problema?

1. Entender la fundamentación teórica del fenómeno a modelar.
2. Entender el modelo matemático desde el principal al modificado.
 - 2.1 Definir las tasas involucradas a cada variable y así definir las ecuaciones del modelo.
 - 2.2 **Restricción.** Cada ecuación debe tener interpretación inmediata.
3. En un lenguaje de programación crear una **función** para introducir las variables, tasas y ecuaciones diferenciales del modelo.
4. Crear otra **función** para simular el modelo, en donde estarán declarados los valores iniciales.
5. Generar un gráfico completo del fenómeno para poder observar las interacciones de las variables entre sí.
6. Extraer gráficos por separados o en pares para poder hacer una comparación de competencias.
7. Interpretación de las gráficas y resultados.

Antecedentes₁

El modelo SIR. (Susceptibles - Infectados - Recuperados)

β y γ son: la tasa de interacción de susceptibles e infecciosos y la tasa de individuos recuperados de la infección.

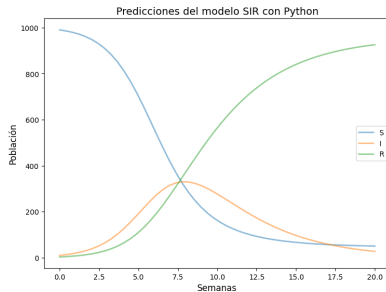
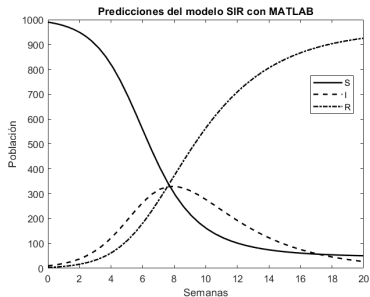


(Tesis. Ávila, R. 2016)

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \cdot S \cdot \frac{I}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}$$

Antecedentes₁

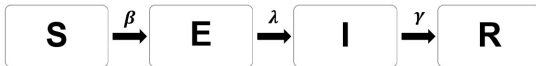
-5cm-2cm Código: [► GitHub](#) [► MATLAB](#) [► J.notebook](#)



Antecedentes₂

El modelo SEIR. (Susceptibles - Expuestos-
Infectados - Recuperados)

Se tienen 3 parámetros: β es tasa de transmisión, γ es tasa de recuperación y λ es tiempo promedio de incubación.



(Tesis. Ávila, R. 2016)

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot S \cdot \frac{I}{N}$$

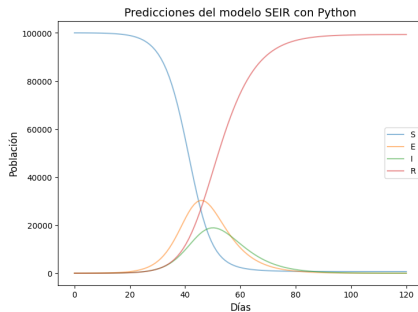
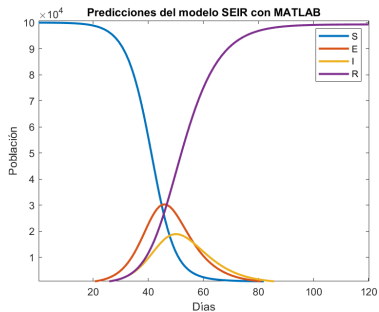
$$\frac{dE}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \lambda E$$

$$\frac{dI}{dt} = \lambda E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Antecedentes₂

Código: [► GitHub](#) [► MATLAB](#) [► J.notebook](#) [► Modelo](#)



Modelo: Plaga del tizón bacteriano

El modelo BP-SEIRP. (Biocontrol vs. Patógeno - Susceptibles - Expuestos- Infectados - Recuperados - Protegidos)

Modelo epidemiológico modificado en 12 compartimentos (10 compartimentos anidados dependientes de 2 más).

■ Plantas Jóvenes y maduras ($SEIRP_{y,m}$ con un patógeno (P) afectando el cultivo el cual desde controlarse usando un agente biocontrol (B). Se consideran 29 tasas de cambio entre los doce compartimentos.(Ver reporte).

$$\frac{dS_y}{dt} = r(C - N) - \Delta_y S_y - \gamma S_y - \delta S_y - \iota_y S_y B$$

$$\frac{dE_y}{dt} = \Delta_y S_y - \alpha_y E_y B - \omega_y E_y - \delta E_y$$

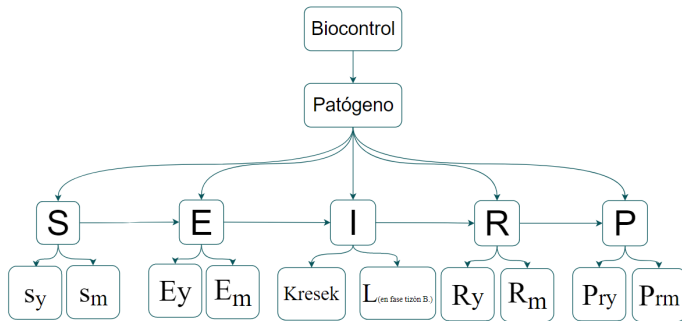
$$\frac{dE_m}{dt} = \Delta_m S_m - \alpha_m E_m B - \omega_m E_m - \delta E_m$$

\vdots

$$\frac{dP}{dt} = gP + \beta P \left(1 - \frac{P}{q}\right) - (\lambda + \mu_p B)P$$

$$\frac{dB}{dt} = nB + \psi B \left(1 - \frac{P}{\bar{\omega}}\right) - \eta B$$

Modelo dinámico en interacciones



(Elaboración propia. [Draw.io](https://draw.io))

Inconsistencias: 1

Ahora bien, hasta aquí se conoce el modelo SIR modificado, de dónde se destaca lo siguiente:

Del modelo

1. Definición de la variable C y su valor inicial.
2. Errores de definición de parámetros como $r, \chi, \psi(y, m)$, etcétera.
3. Obtener estimaciones de parámetros que no aparecen en las ecuaciones que describen el modelo ϕ_y y ϕ_m .
4. Falta de justificación del número básico de reproducción de la plaga \mathcal{R}_0 .

Simulación del modelo

El modelo dinámico completo se encuentra en el archivo `Demo_SEIRP.mlx` en el repositorio de GitHub o anexo en la parte final del reporte (.docx).

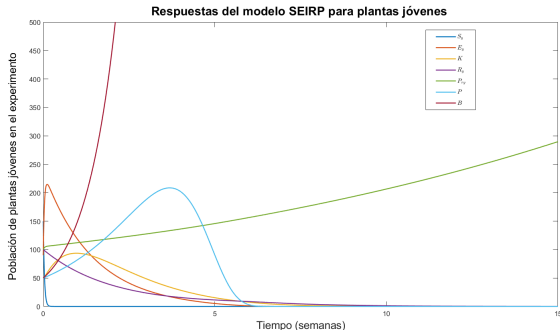
Debido a la falta de poder computacional para simular el modelo completo se decide fraccionar el modelo en 2 partes, una de plantas maduras y la otra parte de las plantas jóvenes.

Se decide simular la parte de las plantas jóvenes ya que no implica una dependencia de las plantas maduras. Revisando las ecuaciones diferenciales correspondientes a las plantas jóvenes del cultivo se encuentra en que están relacionadas solo con parámetros que se obtienen a partir de plantas jóvenes y del compartimento del Patógeno y el Biocontrol.

Posteriormente se realizarán réplicas de las gráficas reportadas por el autor en el artículo.

Simulación del modelo para plantas jóvenes (todos los compartimentos)

Código: [► GitHub](#) [► MATLAB](#)



LANREF

Laboratorio Nacional de Referencia
Epidemiológica Fitosanitaria

Inconsistencias: 2

Continuando con el análisis llegamos a la parte de simulación en donde es importante los siguientes problemas en el modelo:

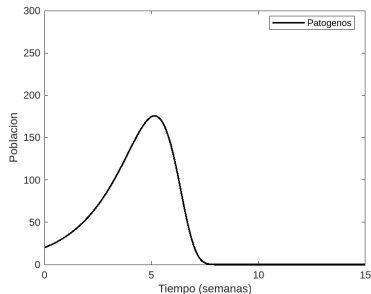
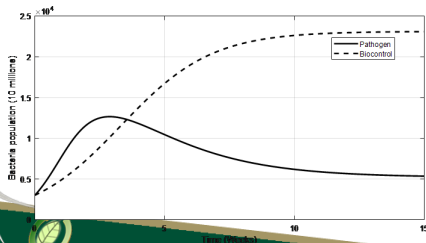
Del modelo

1. Valor inicial de C .
2. Número total de la población de patógenos y agente biocontrol a simular.
3. **Importante**, para ningún compartimento se declaran sus valores iniciales de simulación, esto conlleva a estar en el camino a ciegas.
4. Explicación de cómo afectaría el número básico de reproducción de la plaga \mathcal{R}_0 en particular a este modelo.

Simulación de la población de Patógenos (Fig.1a)

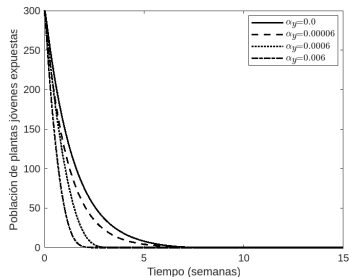
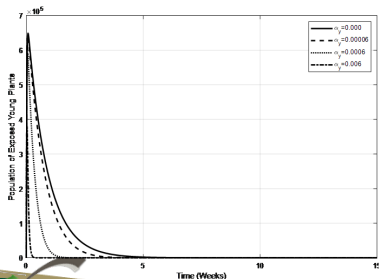
En el siguiente gráfico se hace réplica de la figura 1.a del artículo.

Código: [▶ GitHub](#) [▶ MATLAB](#). El desfase observado puede deberse a: definición del parámetro C y su valor inicial, así también el número de la población simulada es muy pequeña.



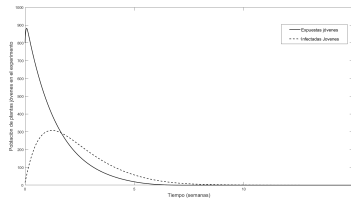
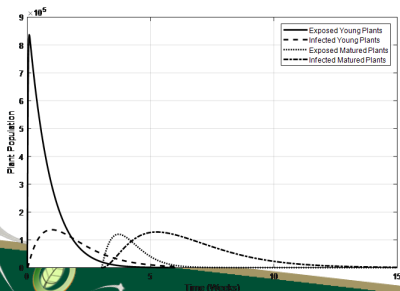
Simulación para plantas jóvenes Expuestas con α distintos

En el siguiente gráfico se hace réplica de la figura 2.a. Muestra el comportamiento de la población expuesta al patógeno y considerando la interacción del biocontrol. Se simula para diferentes valores de la tasa de recuperación. Código: [GitHub](#) [MATLAB](#)



Simulación para plantas jóvenes Expuestas e Infectadas (Kresek)

En el siguiente gráfico se hace réplica de la figura 3.a. Muestra el comportamiento de la población expuesta y la infectada al patógeno. Código: [► GitHub](#) [► MATLAB](#)



Conclusiones

El modelo no es reproducible en su totalidad.

- Ya que al no considerar a la población de plantas maduras no se pueden realizar visualmente simulaciones y predecir su comportamiento en presencia del patógeno y el agente biológico de control.
- Esto se deriva de los argumentos anteriores expuestos en la presentación y en el reporte escrito, entre los cuales, la más grave ha sido no incluir valores iniciales del modelo, así como una revisión técnica en la parte biológica puesto que si algunos parámetros están altamente correlacionados estos pueden simplificarse y generar un modelo de menores compartimentos con el fin de reducir el tiempo de simulación que va de la mano con el poder computacional que pueda requerirse.
- Así mismo carecer de justificación matemática aunque sean breves coloca al modelo con un modelo de baja validez y difícil de reproducir por cualquier lector aficionado al tema. *No hace investigación si el modelo no es reproducible*