

## Ventajas del análisis de redes para optimizar la vigilancia y control de Brucelosis bovina en la Argentina.

### Introducción

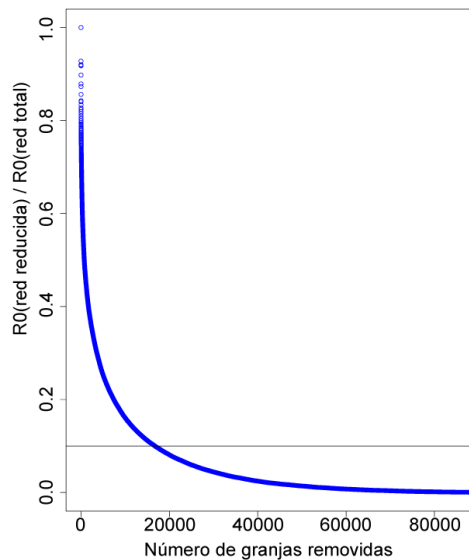
En el contexto de la transmisión de enfermedades el análisis de redes tiene como objetivo el estudio de la diseminación de las mismas mediante la descripción de las interacciones entre nodos (ej. establecimientos o individuos). Los nodos con un número elevado de contactos cobran un rol protagónico ya que pueden diseminar las infecciones a muchos otros y por lo tanto son denominados “súper-diseminadores” [1]. Su identificación y las intervenciones dirigidas a estos suelen ser altamente efectivas para el control de las enfermedades. La brucelosis bovina es una enfermedad bajo control oficial en Argentina y se transmite principalmente por el traslado de vacas infectadas. Sin embargo, no se conoce el estado sanitario de todos los establecimientos ganaderos [2]. Por ello nuestro objetivo fue utilizar el análisis de redes en combinación con datos de diagnósticos de laboratorio para identificar aquellos establecimientos con estado desconocido a la Brucelosis y que a su vez poseen un papel clave en la diseminación de la enfermedad para optimizar así la vigilancia de esta zoonosis en la Rep. Argentina.

### Métodos y herramientas

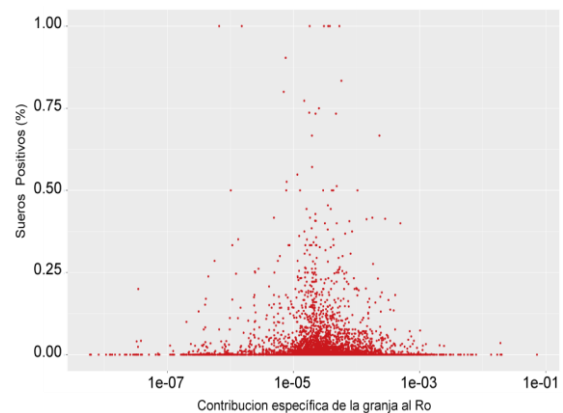
La generación de las bases de datos que alimentaron nuestro análisis requirió compaginar fuentes oficiales como los documentos de traslado de animales (DT-e) emitidos electrónicamente durante 2018 y datos acumulados desde el 2014 a 2018 de diagnósticos serológicos de *Brucella sp.* producidos por el laboratorio del Servicio Nacional de Sanidad Animal y Calidad Agroalimentaria (SENASA). El desafío de identificar los establecimientos más riesgosos fue resuelto mediante el análisis de redes a través del paquete **igraph** de R [3]. Este nos permitió construir, manejar y operar sobre un grafo dirigido y ponderado por el número de animales reproductores trasladados (contacto) entre establecimientos (nodos). A partir del cómputo para cada nodo de una propiedad de centralidad básica, el grado, calculamos una tasa relacionada con la diseminación de enfermedades a nivel de la red, el Número Reproductivo Básico ( $R_0$ ) [4]. Luego, los establecimientos se ordenaron de modo descendente de acuerdo al grado y se calcularon sucesivos  $R_0$  iterativamente para toda la red, eliminando de a un establecimiento, comenzando por aquellos con los grados más altos. De este modo, para cada iteración, se calculó la contribución relativa al  $R_0$  de la red completa de cada establecimiento. Aquellos establecimientos involucrados en la reducción del  $R_0$  en un 90% se identificaron como “súper-diseminadores”. Dentro de estos últimos, se identificaron los establecimientos con resultados serológicos positivos, negativos y sin estado definido a la *Brucella sp.*

### Resultados

Con este método se pudo identificar que casi el 12% (16.731) del total de establecimientos (139.914) son de alto riesgo (Figura 1), lo que indica que relativamente pocos nodos tienen un papel clave en la propagación de la enfermedad. Luego de relacionar estos resultados con los diagnósticos de laboratorio pudimos observar que el 69,3% (11.593) de estos establecimientos no poseen diagnóstico, el 3,5% (579) poseen diagnóstico positivo (Figura 2) y el 27,2% (4.559) son negativos. En conjunto con el paquete **ggplot2** [5], se obtuvo la visualización de todos estos resultados.



**Figura 1:** Impacto de la eliminación selectiva de los establecimientos en el valor  $R_0$  (red reducida / red completa) basado en el grado total ponderado.



**Figura 2:** Relación entre la contribución de cada establecimiento al  $R_0$  (eje X) y la proporción de sueros positivos a *Brucella* sp. (eje Y).

## Conclusiones y perspectivas a futuro

Con los resultados de esta metodología pudimos comprobar que el análisis de redes es de suma utilidad para resolver problemáticas relacionadas a la diseminación de enfermedades. En combinación con diagnósticos de laboratorios se convierte en una herramienta potente para priorizar y direccionar acciones de control y vigilancia en el marco de una gran población de establecimientos ganaderos, pero con bajos recursos económicos que restringen las posibilidades de muestreo y los análisis de laboratorio como ocurre en Latinoamérica. En un futuro planeamos generalizar este análisis en el plano temporal a fin de visualizar los cambios en la red a lo largo de varios años y mejorar la precisión de los análisis de transmisión de enfermedades.

## Bibliografía:

- [1] Keeling, M.J., & K.T.D. Eames. (2005). Networks and epidemic models. J. R. Soc. Interface 2, 295–307. DOI:[10.1098/rsif.2005.0051](https://doi.org/10.1098/rsif.2005.0051)
- [2] <http://www.senasa.gob.ar/normativas/resolucion-67-2019-senasa-servicio-nacional-de-sanidad-y-calidad-agroalimentaria>
- [3] Csardi, G. & T. Nepusz. (2006). The igraph software package for complex network research. Int. J. Complex Syst. 1695, 1–9.
- [4] Woolhouse M.E.J., D. J. Shaw, L. Matthews, W.-C. Liu, D. J. Mellor & M. R. Thomas. (2005). Epidemiological implications of the contact network structure for cattle farms and the 20–80 rule. Biol. Lett. 1, 350–352. doi: [10.1098/rsbl.2005.0331](https://doi.org/10.1098/rsbl.2005.0331)
- [5] Wickham H (2016). ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer Verlag New York. ISBN 978-3-319-24277-4, <https://ggplot2.tidyverse.org>.