

Predicción para Uruguay a corto plazo usando tasa de reproducción

Andrés Ferragut

Universidad ORT Uruguay y GACH área datos

1 Modelo de epidemia basado en tasa de reproducción.

1.1 El modelo de Cori et al. 2013

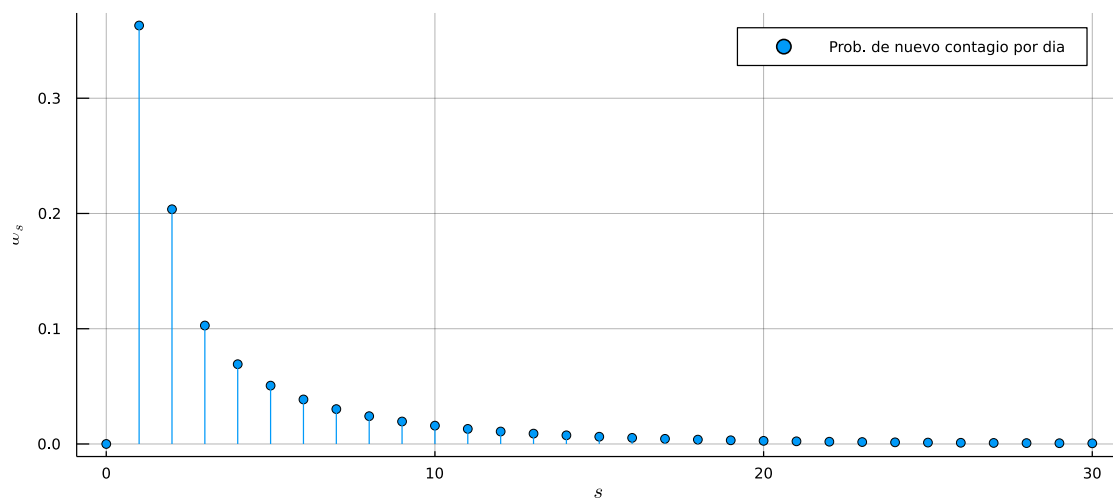
En el artículo [Cori et al. 2013](#) se describe el siguiente modelo para estimar la reproducción de una epidemia en base a datos de incidencia diaria.

Consideremos una población en la que un virus se propaga. Para modelar la contagiosidad del mismo, utilizamos el intervalo serial (Serial Interval) $\{w_s\} s > 0$.

Idea: Si voy a contagiar a alguien, cuán probable es que lo haga el día $s = 1, 2, \dots$. Notar que w_s es una distribución de probabilidad ($\sum_{s=1}^{\infty} w_s = 1$).

Ejemplo: shifted Gamma (Cori et. al)

Cori et al. proponen para el SI una distribución Gamma trasladada y discretizada. Tomando por ejemplo $\mu = 3.95, \sigma = 4.75$ (valores para COVID de [Du et al](#)) tenemos:



El parámetro R y la reproducción del virus.

Supongamos que una persona que se infecta el día t , puede generar nuevas infecciones en días subsiguientes como:

$$N_{t+s}^0 \sim \text{Poisson}(Rw_s),$$

independientes para cada día. Aquí R es un parámetro que mide el crecimiento/decrecimiento de la epidemia, y el superíndice 0 indica que hablamos de un infectado particular.

Se tiene que:

$$R = \sum_s Rw_s = E \left[\sum_s N_{t+s}^0 \right].$$

Es decir R es el número medio de contagios generados por un único infectado (supuesto fijo por ahora).

Evolución del no. de infectados

Si ahora los procesos de contagio de cada infectado son independientes, podemos sumar las v.a. Poisson de generadas por cada uno para obtener una nueva v.a. Poisson. En particular, si hay I_0, I_1, \dots, I_{t-1} infectados nuevos cada día, definimos:

$$\Lambda_t = \sum_{s < t} I_s w_{t-s}.$$

La interpretación de Λ_t es la cantidad media de infectados que generan en t los infectados previamente, si $R = 1$.

La cantidad nueva de infectados en tiempo t es entonces:

$$I_t \sim \text{Poisson}(R\Lambda_t)$$

ya que es la superposición de los procesos de contagio anteriores.

Dinámica de la epidemia para R fijo.

Tenemos entonces completamente definida la dinámica de la epidemia, a partir de un cierto no. de infectados iniciales I_0 . Para construir el proceso (o simularlo) debemos hacer:

Dinámica Dados I_0, \dots, I_{t-1} , construimos:

$$\Lambda_t = \sum_{s < t} I_s w_{t-s}.$$

Luego, sorteamos:

$$I_{t+1} \sim \text{Poisson}(R\Lambda_t)$$

Avanzamos $t \rightarrow t + 1$ y continuamos.

Para un histórico de infectados I_0, \dots, I_t hasta tiempo t y un R fijo, podemos propagar la epidemia a futuro una ventana de tiempo y realizar intervalos de confianza via Monte Carlo.

Estimación de R .

Supongamos que una epidemia sigue la dinámica anterior, y queremos estimar R a partir de las observaciones de I en una ventana $I_{t-\tau+1}, \dots, I_t$. Cori et al. sugieren la siguiente estrategia Bayesiana.

- Asignemos a R una distribución a priori $\text{Gamma}(a_0, b_0)$ (en la biblioteca usan $a = 1, b = 5$)
- Construyamos la distribución a posteriori de R , $p(R \mid I_1, \dots, I_t)$ usando la dinámica anterior.
- Al ser la distribución Gamma conjugada de la Poisson, la distribución a posteriori de R es nuevamente Gamma de parámetros:

$$\hat{a} = a_0 + \sum_{s=t-\tau+1}^t I_s, \quad \hat{b} = \frac{1}{\frac{1}{b_0} + \sum_{s=t-\tau+1}^t \Lambda_s}.$$

En particular podemos estimar R a partir de la media de la Gamma:

$$\hat{R} = \hat{a}\hat{b} = \frac{a_0 + \sum_{s=t-\tau+1}^t I_s}{\frac{1}{b_0} + \sum_{s=t-\tau+1}^t \Lambda_s}.$$

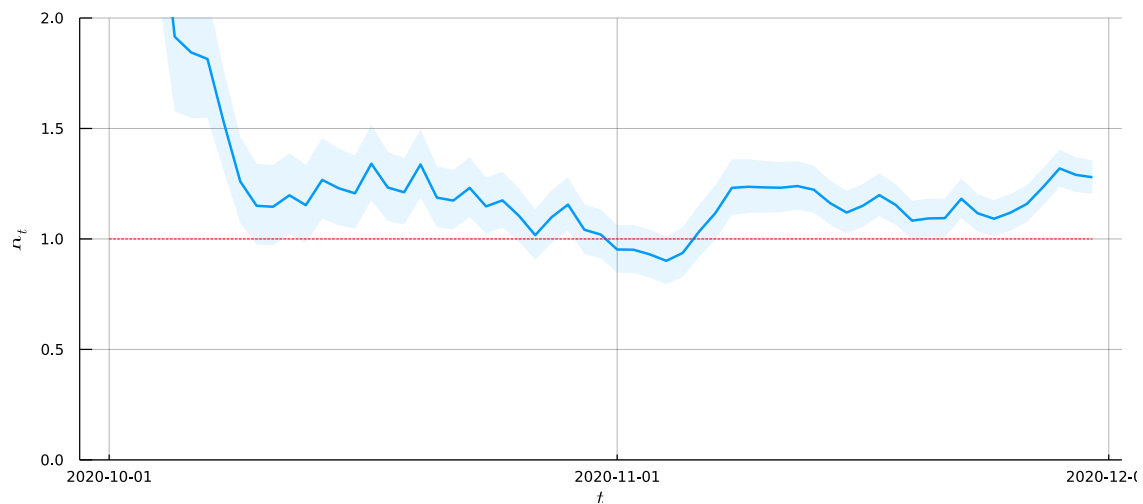
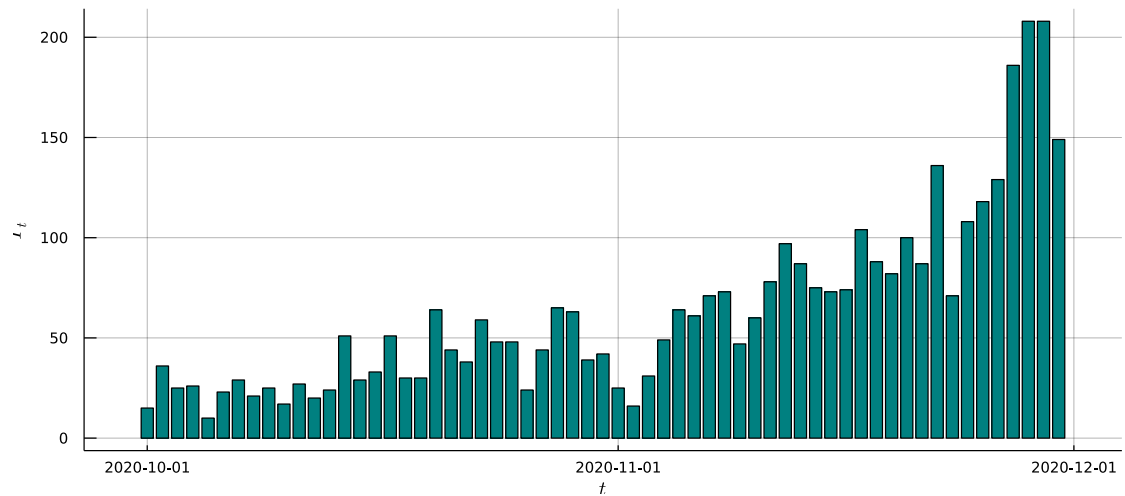
El estimador tiene sentido, a menos del pequeño sesgo introducido por la distribución a priori, se trata del cociente de casos totales observados en una ventana, sobre lo que uno esperaría observar en promedio en dicha ventana si $R = 1$.

Estimación de R variante en el tiempo

En la práctica, R varía en el tiempo debido al cambio de las condiciones en la población (e.g. medidas no farmacológicas). Se propone entonces:

- Asumir R fijo en la última ventana observada $\{t - \tau + 1, \dots, t\}$.
- Usar la técnica anterior para estimar \hat{R}_t , el valor instantáneo actual de la tasa de reproducción.

Apliquemos esta técnica al caso de Uruguay.



2 Proyección a corto plazo

Para realizar una proyección a corto plazo de la incidencia, proponemos propagar siguiendo la dinámica ya descrita.

Nota: Como el valor de R_t es algo ruidoso, tomaremos el R_t promedio en una ventana (ej: 3 días) como el R futuro de la epidemia, y simulamos en base a ello.

Realizando $n = 10000$ repeticiones de la simulación se construyen intervalos de confianza de la incidencia diaria para los próximos $T = 30$ días por ejemplo.

$R_{\text{efectivo}} = 1.2103342201082585$

Resultados

