

Sistema de Alerta Temprana contra Epidemias en Venezuela

Early Warning System against Epidemics in Venezuela

Raúl Isea, *Investigador, IDEA*

Resumen—Hasta la fecha no se ha podido erradicar todas las enfermedades que afectan a los seres humanos. Por esa razón, es necesario desarrollar herramientas tecnológicas que nos permitan monitorear cualquier brote que puede conllevar a una pandemia. El objetivo del presente trabajo es diseñar un Sistema de Alerta Temprana contra Epidemias (SATE) en Venezuela que permita monitorear posibles brotes epidémicos en dengue, malaria, zika y H1N1 empleando un sistema de información geográfica. Para ello, se calcula el *Número de Reproducción Básica* (R_0) el cual determina cuándo ocurre un brote epidémico. Los resultados indican que no hubo una epidemia de dengue ni de zika en el país para dicho período de tiempo. Sin embargo, Venezuela padece de una epidemia de malaria, así como Brasil y Colombia.

Palabras claves— Dengue, H1N1, Malaria, Sistema de Información Geográfica, Zika.

Abstract—To date, it is not possible to eradicate all disease, for this reason, the goal is to create an early warning system against epidemics in Venezuela (SATE) that allows monitoring of possible outbreaks of dengue, malaria, zika and H1N1 with geographic information system technology. To do this, the Basic Reproduction Number (R_0) is used to determine when an outbreak occurs or not. The results indicate that there is no an epidemic of dengue or zika in Venezuela. However, malaria has become an epidemic in Venezuela as well as Brazil and Colombia.

Index Terms— Dengue, Geographic Information System, H1N1, Malaria, Zika.

I. INTRODUCCION

ACTUALMENTE existen en el mundo sistemas de alerta contra la propagación de algunas enfermedades como, por ejemplo, la Red Mundial de Alerta y Respuesta ante Brotes Epidémicos (GOARN), organizada por la Organización Mundial de la Salud (OMS), que es un mecanismo de colaboración entre diversas instituciones y redes con el fin de identificar y confirmar brotes epidémicos para proceder a contenerlos rápidamente [1].

Por su parte, Los Centros de Control de Enfermedades (CDC), situado en Atlanta (EE. UU), implementó una

Trabajo enviado al II Congreso Venezolano de Tecnología Espacial en el mes de Julio de 2017

R. Isea es personal de investigación en la Fundación Instituto de Estudios Avanzados – IDEA, Hoyo de la Puerta, Baruta, Venezuela (e-mail: raul.isea@gmail.com; risea@idea.gob.ve).

Herramienta de Evaluación de Riesgo de Influenza (IRAT) con el fin de analizar y evaluar los datos para determinar si existen virus preandémicos que circulan en animales, pero no en los seres humanos [2]. Sin embargo, IRAT no es idónea para la predicción de una pandemia de gripe, ya que solo maneja el escenario de detección y medición del impacto en la salud pública por dicha aparición (entendiendo por aparición el riesgo de un nuevo virus de la influenza).

TABLA I
FASES DE ALERTA DEFINIDAS POR LA OMS PARA EVITAR UNA PANDEMIA DE GRIPE

Fase	Descripción
1	El virus de la gripe circula entre animales y no hay infección en humanos.
2	El virus de la influenza está presente en animales y podría infectar a algunos humanos.
3	Pequeños grupos de personas se convierten en infectados, aunque probablemente no se transformará en una pandemia. Además, la transmisión de persona a persona no ha sido corroborada.
4	Se confirma que el virus es transmitido entre las personas y, por lo tanto, es capaz de causar un brote local en la comunidad.
5	El virus se propaga entre humanos en al menos dos países contiguos en la misma región de la OMS y, por lo tanto, es probable que pueda convertirse en una pandemia.
6	La pandemia ocurre cuando el virus se encuentra en dos o más regiones del mundo.

Después de realizar una búsqueda exhaustiva en la literatura científica, no se logró encontrar un sistema de alerta en tiempo real dedicado a la prevención de un brote de enfermedades transmitidas por vectores como dengue, malaria y zika. En el caso de la H1N1 la OMS definió un protocolo que consta de seis fases para el monitoreo y vigilancia por una posible pandemia de gripe como se resume en la Tabla I. Las fases pueden servir de guía para definir cualquier sistema de alerta contra otro tipo de enfermedad epidémica.

Por esa razón, el objetivo del presente trabajo consiste en diseñar un Sistema de Alerta Temprana contra Epidemias (SATE) que permita registrar y generar alertas en tiempo real en los distintos organismos e instituciones competentes para contrarrestar cualquier posible brote epidémico en nuestro país.

II. SISTEMA DE ALERTA TEMPRANA CONTRA EPIDEMIAS (SATE)

SATE se ha concebido bajo la filosofía de software libre y código abierto donde se implementa un sistema de información geográfica para visualizar en tiempo real cualquier brote que pueda causar una epidemia en el país. Su principal ventaja es que podrá ser ejecutado desde cualquier computador independiente de su sistema operativo. Por esa razón, todos los cálculos están siendo desarrollados con ayuda del lenguaje de programación R que está especialmente diseñado para análisis estadísticos, y cuya licencia es GNU. Si bien es cierto que SATE emplea un modelo simplificado del proceso de difusión de una epidemia y actualizado su formalismo matemático en 2014 [3], ya que se ha avanzado en un modelo más realista capaz de predecir epidemias transmitidas por vectores tales como dengue [4], así como de un análisis conjunto de las tres enfermedades transmitidas por el mismo vector, trabajo pionero en la literatura científica [5].

A. Metodología

El esquema de funcionamiento de SATE se resume en tres etapas que permiten visualizar y hacer cálculos espaciales en formato digital. En primer lugar, se debe efectuar un preprocesamiento de la información obtenida gracias a los boletines epidemiológicos y los portales de salud pública como la Organización Panamericana de la Salud (OPS) y la OMS, así como los suministrados por los respectivos institutos de salud pública. De modo que la entrada de datos es por la vía manual, y tiene como objetivo la unificación y consolidación de la información en un solo formato para que sea analizada mediante una serie de scripts (es decir, un conjunto de instrucciones) desarrolladas en el lenguaje de programación R.

La ventaja de trabajar con R es que ya existe una gama de librerías que permiten conducir cálculos estadísticos y ver los datos en un sistema de información geográfica, donde se emplean pocas líneas de comandos gracias a una serie de librerías previamente definidas, tales como RGDAL, RGEOS, GGMAP, TMAP y DPLYR, por citar algunos ejemplos.

La segunda etapa es el análisis que se realiza de los datos, el cual debe hacerse en tiempo real para poder determinar aquellas regiones donde se están registrando incidentes que puedan desembocar en una epidemia. En esa etapa está pautado el ajuste de los datos con modelos matemáticos que actualmente se están mejorando y validando en la literatura científica.

La última etapa es la visualización de los resultados, lo cual se realiza gracias a la implementación de un sistema de información geográfica (esta etapa aún no se ha podido establecer en forma automática), así como indicar los valores obtenidos de R_0 e ir mostrando el índice de incidencia para futuros análisis epidemiológicos.

B. R_0 y el Código de Colores

SATE se basa en el cálculo de R_0 ("Número de Reproducción Básico") y en la presentación de los resultados en un formato de colores para su fácil identificación. Recordemos que R_0 representa un umbral de casos nuevos que se generan por una enfermedad en una determinada fracción de tiempo, siempre y cuando se empleen modelos matemáticos para su evaluación. Ese valor es posible derivarlo a partir de modelos matemáticos como se observa en la literatura científica [6], caracterizados por el hecho de que si $R_0 < 1$, los brotes tienden a desaparecer en el tiempo mientras que, si su valor es superior a uno, implica un brote epidémico. Mientras mayor sea el valor de R_0 , más probabilidad habrá de que dicho brote sea más agresivo en el tiempo.

Matemáticamente es muy difícil generar una única definición de R_0 para las enfermedades porque en la mayoría de los casos, el R_0 se determina sin la presencia del intermediario (un vector), pero esa condición no es limitante gracias al trabajo publicado por Isea al presentar el modelo matemático más completo en dengue publicado hasta la fecha [4].

Asimismo, Isea y Lonngren [7] propusieron un código de colores para poder distinguir si está ocurriendo una epidemia de H1N1 o no. Sin embargo, esa definición se puede aplicar a cualquier enfermedad para que sea sencilla su identificación visual. De hecho, se contempla la posibilidad de que en la interfaz web notifique sí se están registrando o no nuevos brotes para su fácil identificación, es decir, comienza a titilar en la interfaz gráfica una región en particular, mientras que, si el color es constante en el tiempo, quiere decir que no hay casos nuevos en dicha zona. Por otra parte, si una región de la interfaz carece de algún color, significa que no existe información actualizada y, por ende, se debe solicitar a los órganos competentes para mantener actualizado SATE.

Existen tres niveles de alerta:

* **Verde**: indica que existe un número insignificante de casos de una enfermedad, tal que el valor de R_0 oscila entre 0 y 0.5. El mejor escenario sería que todas las regiones deberían estar siempre en color verde, es decir, sin brotes epidémicos.

* **Amarillo**: corresponde a un valor de R_0 entre 0.5 y 0.99, indicativo de que existen una serie de casos frecuentes en una región que deben ir monitoreándose porque eventualmente se podría generar un brote epidémico.

* **Rojo**: corresponde a un valor de R_0 superior a uno, que representa de por sí una epidemia.

A continuación, se ofrecen algunos de los resultados que se pueden obtener a través de SATE, en esta fase inicial fue un proceso manual, lo cual se espera que en un futuro próximo pueda realizarse en forma automática a través de un servidor web debidamente instalado con software libre y los niveles de seguridad requeridos para su funcionamiento.

III. RESULTADOS

A continuación, se muestran algunos resultados obtenidos con los datos en zika, dengue, malaria y H1N1. En el caso de dengue y zika, SATE no detectó ningún foco epidémico ocurrido en nuestro país, en vista de que presenta un valor de R_0 inferior a uno. En la Fig. 1 se observa el registro anual de casos de dengue en Venezuela, así como de los países fronterizos Colombia y Brasil desde 2003 hasta 2015. Para poder hacer una comparación entre esos países, fue necesario definir un “índice de incidencia” que es simplemente el número total de casos anuales de dengue dividido entre el número total de la población estimada para dicho año. De esa manera, estamos intentando unificar los datos para facilitar su comparación directa. Como se observa en la Fig. 1, Venezuela registró un pequeño incremento en 2010, pero no generó un foco epidémico ($R_0 < 1$), mientras que Brasil está revelando un continuo incremento en el número de casos de dengue desde 2008 hasta 2015; situación muy distinta para Colombia en la que se evidencia un salto epidémico ocurrido en el año 2008.

Ese comportamiento es muy similar en el caso del zika, pero esta vez se muestra el número de casos en vez del índice de incidencia para ilustrar que también es posible mostrar los resultados de esta otra forma (véase la Fig. 2).

Sin embargo, ocurre todo lo contrario para el caso de la malaria. Como se muestra en la Fig. 3, el número de casos de esta enfermedad disminuye en los tres países desde 2003 hasta 2013, pero en Venezuela comienza un brote con carácter epidémico.

No se puede analizar este brote de forma aislada (Fig. 4), sino que se deben estudiar las regiones vecinas para comprender el alcance del mismo, y cómo se aprecian en la Fig. 5 y Fig. 6, es decir, los brotes epidémicos acontecidos en Colombia y Brasil. De modo que también es necesario monitorear los países fronterizos para poder diseñar campañas preventivas entre todos los países hermanos e impedir una posible pandemia.

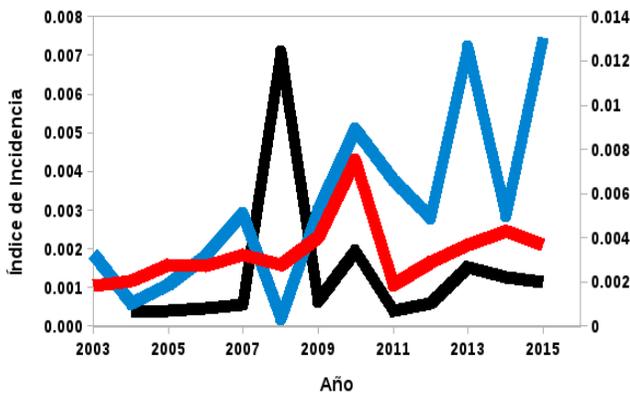


Fig. 1. Casos de dengue en Venezuela (color rojo) y Brasil (azul). En el eje secundario se representan los casos ocurridos en Colombia (color negro).

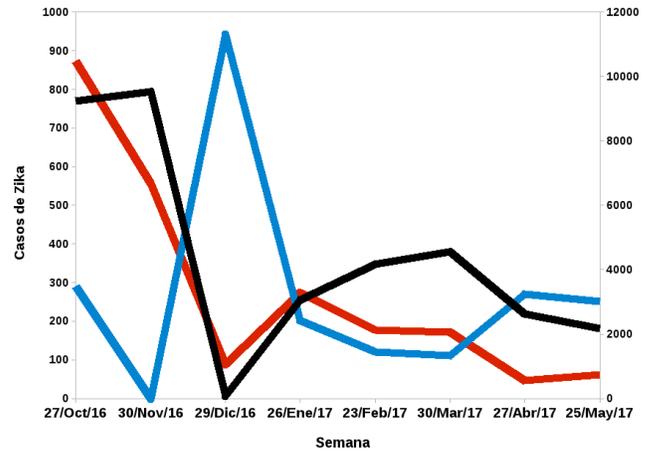


Fig. 2. Casos de zika en Venezuela (rojo) y Colombia (negro), mientras que el eje secundario se registraron los casos ocurridos en Brasil (azul).

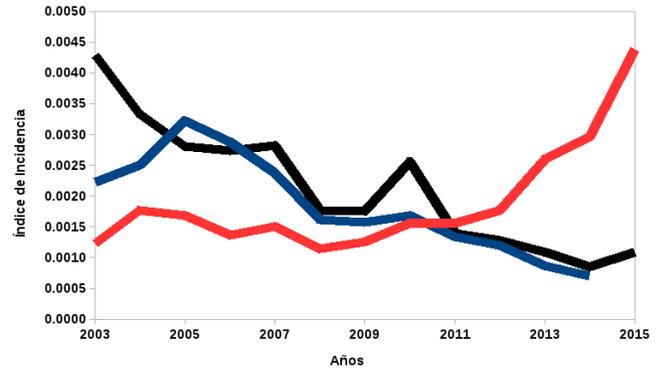


Fig. 3. Casos de malaria en Venezuela (rojo), Brasil (azul) y Colombia (negro) desde 2003 hasta 2015.

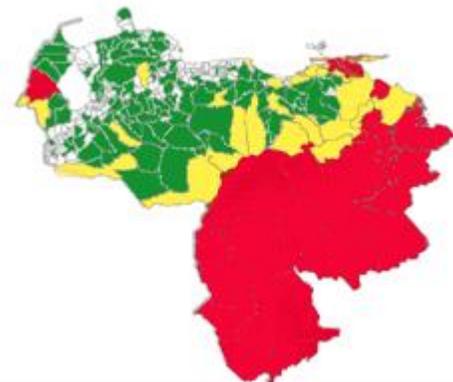


Fig. 4. Casos de malaria en Venezuela presentado con el esquema de colores definido en SATE (ver texto para detalles).

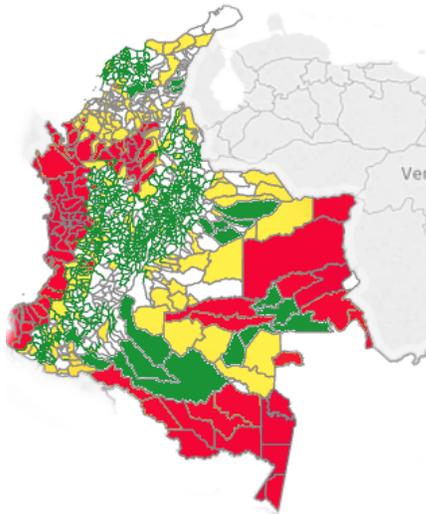


Fig. 5. Esquema de la figura resultante de los casos de malaria en Colombia hasta 2016.

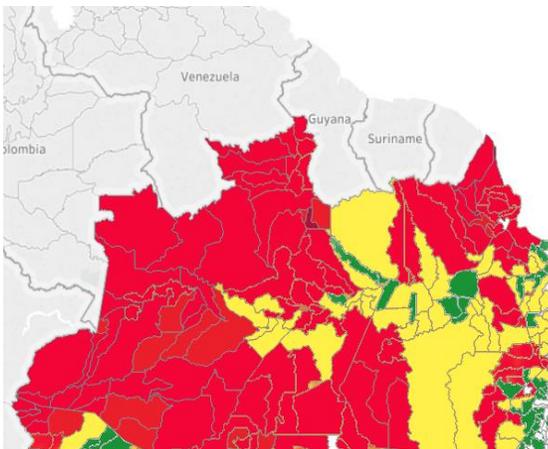


Fig. 6. Esquema de la figura resultante de los casos de malaria en Brasil hasta 2016.

Para finalizar, se muestran los resultados de los casos de H1N1 acontecidos durante el año 2016. Cada semana, SATE determina el valor de R_0 según el procedimiento descrito en [7]. En la Fig. 7, se aprecia que en Brasil ocurre un episodio epidémico que abarca desde la semana 4 hasta la 30, donde se obtiene un valor de R_0 de 2.89 ± 0.20 ; mientras que Colombia presentó un valor máximo de R_0 de 1.05 ± 0.11 . En vista de que el valor máximo del error colocaría a Colombia por debajo de uno, entonces se descarta un episodio epidémico para ese año. Sin embargo, para Venezuela se obtiene un valor de R_0 de 0.73 ± 0.63 .

IV. CONCLUSIONES

El presente trabajo destaca la necesidad de implementar un Sistema de Alerta Temprana contra Epidemias, denominado SATE, para monitorear y analizar cada uno de los episodios sanitarios acontecidos en el país que puedan convertirse en

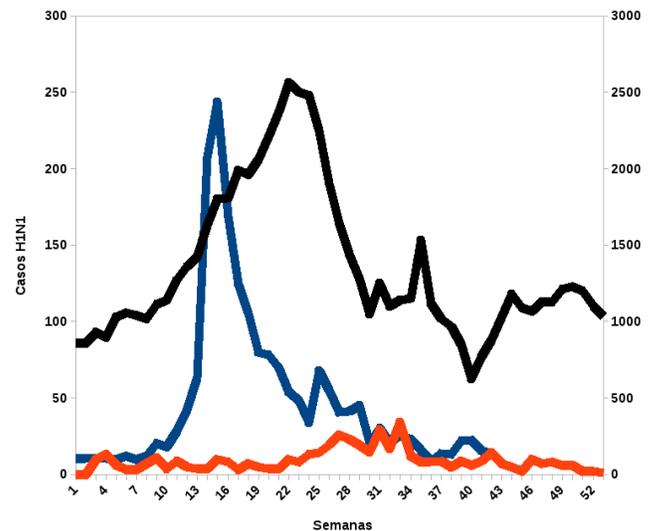


Fig. 7 Casos semanales de H1N1 acontecidos en 2016 en Venezuela (rojo) y Brasil (azul). El eje secundario se indican los casos ocurridos en Colombia (negro).

una epidemia. A modo de ejemplo, se presentaron los resultados obtenidos en dengue y zika donde no hay brote epidémico en los periodos analizados. Sin embargo, sí se observa en malaria, también en forma significativa en Brasil y Colombia. Sin embargo, SATE es incapaz de indicar en qué país comenzó dicho brote, pero es urgente diseñar posibles estrategias conjuntas entre los tres países que ayuden a contrarrestar dicha epidemia.

Una vez que este sistema se encuentre operativo, será imprescindible que se integre a las redes de vigilancia mundial y se articule con los institutos de salud pública en nuestro país para canalizar las alertas tempranas de posibles epidemias que pueden acontecer en Venezuela.

REFERENCIAS

- [1] WHO, "Global outbreak alert and response network (GOARN)", 2017. [Online]. Disponible en <https://goo.gl/pM3S4P> [Consultado 17 de agosto de 2017].
- [2] CDC, "Influenza Risk Assessment Tool (IRAT)", 2017. [Online]. Disponible en <https://goo.gl/27Pzo6> (Consultado 17 de agosto de 2017).
- [3] R. Isea y K. E. Lonngren, "On the mathematical interpretation of epidemics by Kermack and McKendrick", *General Mathematics Notes (GMN)*, vol. 19, no. 2, pp. 83-87, 2013.
- [4] R. Isea, "Analysis of an SEIR-SEI four-strain epidemic dengue model with primary and secondary Infections", *Revista Electrónica Conocimiento Libre y Licenciamiento (CLIC)*, vol. 7, no. 5, pp. 3-7, 2014.
- [5] R. Isea y K. E. Lonngren, "A Preliminary Mathematical Model for the Dynamic Transmission of Dengue, Chikungunya and Zika", *American Journal of Modern Physics and Application*, vol. 3, no. 2, pp. 11-15, 2016.
- [6] J. A. P. Heesterbeek y K. Dietz, "The concept of R_0 in epidemic theory", *Statistica Neerlandica*, vol. 50, no. 1, pp. 89-110, 1996.
- [7] R. Isea y K. E. Lonngren, "Proposal For An Early Warning System Against An AH1N1 Influenza Pandemic In America", *Advanced Research Journal of Engineering and Manufacturing Technology*, vol. 1, no. 2, pp. 65-71, 2017.



Raúl Isea Obtiene en título de Licenciado en Física en 1993 en la Universidad Central de Venezuela. Gracias a la Beca Mutis de la Agencia Española de Cooperación Internacional (AECI) de España. Realiza el Doctorado en Química en la Universidad Complutense de

Madrid (1996). Su postdoctorado lo realiza tanto en el Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas – IVIC, como en Rice University (EUA).

Actualmente trabaja en la Fundación Instituto de Estudios Avanzado – IDEA. Su línea de investigación está enmarcada en Bioinformática / Biología computacional en el diseño de nuevas vacunas. En paralelo, está desarrollando modelos matemáticos para estudiar el proceso de difusión de brotes epidémicos.