

# CICLO DE CHARLAS SOBRE “PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DE EPIDEMIAS”

ORGANIZA: Centro Científico - Tecnológico (CCT)  
**CONICET Córdoba**

CONICET



Mayo – Junio 2020

▶▶ 2° SESIÓN - JUEVES 04 DE JUNIO 16:00 HS

TÍTULO DE LA SESIÓN:

“Modelos estadísticos de propagación y evolución de epidemias”.  
MODERA: Dr. Walter Robledo (FCE – UNC, UNdeC).

PANELISTAS:

01.

**“Selección de modelos estadísticos en el marco del razonamiento epidemiológico”.**

*Dra. Sonia Muñoz*

*INICSA - FCM, INICSA UNC-CONICET, Córdoba Argentina*

▶ **RESUMEN:** En el campo de la investigación epidemiológica, los modelos estadísticos son una herramienta imprescindible para identificar patrones de ocurrencia y evaluar posibles redes causales que brinden información para la acción en Salud Pública. Los modelos de elección se sustentan en los paradigmas subyacentes al planteamiento del problema de investigación, al concepto de salud, a como se conciben los contextos que la determinan y a las posibilidades tecnológicas existentes.

Ante un evento epidémico nuevo y desconocido, se despliega un sistema de vigilancia intensivo que obliga a la búsqueda de respuestas tanto desde la Epidemiología Descriptiva como de la Analítica. La primera, apoyada en modelos que describan la evolución de estadísticos de carga de la epidemia y la segunda en modelos analíticos que aporten a la identificación de posibles determinantes, para su monitoreo y control.

La definición del evento de salud, los indicadores seleccionados, así como la concepción de la estructura causal, son la base para la representación del sistema en un modelo estadístico cuya estructura responda a las formas de determinación del proceso salud-enfermedad en la población estudiada.

02.

**“Modelos Dinámicos para estimación de Numero Básico de Reproducción ( $R_0$ ) o Impacto de Transmisión de la enfermedad: caso COVID-19”.**

*Dra. María del Pilar Díaz*

*MEA, INICSA - FCM, UNC-CONICET, Córdoba Argentina*

▶▶ **RESUMEN:** En el campo de la investigación epidemiológica, los modelos estadísticos son una herramienta imprescindible para identificar patrones de ocurrencia y evaluar posibles redes causales que brinden información para la acción en Salud Pública. Los modelos de elección se sustentan en los paradigmas subyacentes al planteamiento del problema de investigación, al concepto de salud, a como se conciben los contextos que la determinan y a las posibilidades tecnológicas existentes.

Ante un evento epidémico nuevo y desconocido, se despliega un sistema de vigilancia intensivo que obliga a la búsqueda de respuestas tanto desde la Epidemiología Descriptiva como de la Analítica. La primera, apoyada en modelos que describan la evolución de estadísticos de carga de la epidemia y la segunda en modelos analíticos que aporten a la identificación de posibles determinantes, para su monitoreo y control.


La definición del evento de salud, los indicadores seleccionados, así como la concepción de la estructura causal, son la base para la representación del sistema en un modelo estadístico cuya estructura responda a las formas de determinación del proceso salud-enfermedad en la población estudiada.

**03.**

***“COVID19: Análisis descriptivo y tasas de ocurrencia de la enfermedad”.***

*Vanesa Meinardi, Gillermina Senn, Eloísa Cuestas, José Robledo, Manuel Blasco,  
Sergio Buzzi, Aldana Gonzalez Montoro, Fernando García*

*UNVM-CONICET, Córdoba Argentina*

 **RESUMEN:** En la exposición se detallará el análisis descriptivo llevado a cabo sobre la base de trabajo SISA y la importancia de realizar un análisis de este tipo para promover la estructura intrínseca de los datos. Además se ilustrará el cálculo de tasas de ocurrencia de la enfermedad por departamento y la evolución temporal de éstas. Este trabajo forma parte de la asistencia que realiza la maestría en Estadística Aplicada de la UNC al Gobierno de Córdoba.

**04.**

**“COVID-19 en Córdoba: Estimación y visualización del riesgo de enfermedad según área”.**

*Mónica Balzarini, Córdoba M., Giannini Kurina*

*FCA y MEA, UNC y UFYMA, INTA-CONICET, Córdoba Argentina*

▶ **RESUMEN:** La rápida dispersión del novel coronavirus SARS-COV-2 ha instalado una pandemia global. La prevención de su transmisión es una prioridad. Aun cuando la cuantificación precisa de rutas de transmisión debiera realizarse con estudios prospectivos minuciosos, la emergencia actual demanda el análisis de los datos que van emergiendo, aunque los conteos de infestados sean imperfectos. En este trabajo, mostramos cómo un modelo estadístico espacial puede ser usado para obtener estimaciones de riesgo de enfermedad desde datos de casos confirmados para COVID-19 por unidad de área. Ajustamos modelos Bayesianos jerárquicos para derivar riesgo de infección a partir del conteo de casos por área (fracción censal para la Provincia y radio censal para Ciudad Capital). Los resultados de la modelación son usados para construir, cada siete días, mapas interactivos que facilitan la visualización y comunicación de patrones espaciales de riesgos de enfermedad que son suministrados al COE de la Provincia.

05.

*“Mapa interactivo del riesgo de COVID-19 en la Provincia de Córdoba”.*  
*Mariano Córdoba*


*FCA y MEA, UNC y UFYMA, INTA-CONICET, Córdoba Argentina*

06.

***“Impacto en la población del COVID19 en los aspectos sociales, ambientales y económicos. Su Influencia en la estimación del comportamiento de propagación bajo un modelo de conectividad vial”.***

*Dra. Teresa Reyna*

*FCFyN, UNC, Córdoba Argentina*

 **RESUMEN:** Es de indudable importancia que el problema del COVID-19 requiere de la colaboración de toda la sociedad, desde sus diversas capacidades, para ayudar a transitar esta etapa que implica un gran desafío. La escala de expansión que ha mostrado el virus y la gravedad con que está afectando a diversos países del mundo, a los países de la región y a nuestro país en su diversidad obligan a replantear su análisis y considerar que se trata de una crisis sanitaria, económica, social y política mundial.

El COVID-19 podría afectar la economía mundial con impactos directos sobre la producción, pero también puede generar efectos indirectos, tales como, trastornos en la cadena de suministro y en los consumos, restricciones en diversos sistemas productivos, etc. Todo ello produce alteraciones finales de muy diversas índoles.

Las decisiones de las autoridades de generar aislamiento están vinculadas a reducir la velocidad de propagación del virus. En este sentido se advierte que las decisiones que se irán tomando buscarán flexibilizar las medidas y permitir la incorporación de un número cada vez mayor de actividades productivas, controlando las variables que podrían volver a generar el aumento de casos que pudieren hacer colapsar al sistema sanitario. Para ello es recomendable generar herramientas que permitan predecir el comportamiento de la propagación de una enfermedad transmisible que permitan establecer y simular estrategias de respuesta y control.

Pronosticar es una tarea que se relaciona estrechamente con la estimación utilizando modelos estadísticos. Antes de pronosticar una variable de interés, es imprescindible contar con un modelo que describa el comportamiento dinámico de la misma mediante una caracterización estadística que contemple la aleatoriedad propia del fenómeno. Se trata de estimar los parámetros del proceso generador de los datos y utilizar luego el modelo estimado para realizar proyecciones con niveles de confianza determinados.

Establecer metodologías que permitan considerar las características ambientales y socioeconómicas locales de cada zona o región de Argentina y la influencia de la conectividad en función de densidad, centros sanitarios, complejidad de centros sanitarios, entre otros, a fin de establecer y simular estrategias de prevención y control de su expansión que permitan delinear políticas públicas de respuesta y emergencia.

Los modelos multivariados son herramientas que permiten, como su nombre lo indica, analizar escenarios considerando diversas variables y respuestas para tomar decisiones de flexibilidad, conectividad y nuevas restricciones o variación en las medidas tomadas. Es necesario comprender que estamos en una situación que requiere de continuas adaptaciones. No hay una única solución para todos, hay distintas soluciones para distintos lugares con distintas características. Las variables sanitarias, poblaciones, sociales, económicas, psicológicas, etarias, etc.



07.

**“Aproximaciones Multivariadas para estudios de asociación importados vs. comunitarios de COVID-19”.**

*Cecilia Bruno*

*FCA y MEA, UNC y UFYMA, INTA-CONICET, Córdoba Argentina*

▶ **RESUMEN:** El análisis de correspondencia (AC) es una técnica multivariada exploratoria que permite representar gráficamente filas y columnas de una tabla de contingencia para explorar las asociaciones entre variables categorizadas. El AC puede ser interpretado como una técnica complementaria y a veces suplementaria del uso de modelos log-lineales para el estudio analítico de las relaciones contenidas en tablas de contingencia. Cuando el AC es realizado sobre tablas multidimensionales se denomina Análisis de Correspondencia Múltiple (ACM) y utiliza tablas “BURT” que contienen los niveles o modalidades de cada variable categorizada tanto en las filas como en las columnas de la tabla, por tanto contienen todas las clasificaciones cruzadas a dos vías de las variables originales. Para cada punto fila se calcula la proporción respecto al total general de la tabla, lo mismo para cada punto columna. El AC determina a través de la descomposición por valor singular de la matriz de desviaciones chi-cuadrado de proporciones filas y columnas bajo la hipótesis de independencia entre filas y columnas, un subespacio óptimo para la representación de los perfiles filas y columnas ponderados por sus respectivos pesos. El primer eje principal se asocia a la contribución más alta sobre el estadístico chi-cuadrado de la tabla de contingencia. La inercia es utilizada para cuantificar la contribución del chi-cuadrado sobre el total de la tabla. La proporción de la inercia total explicada por cada eje es usada como criterio de selección del número de ejes necesarios para la representación. Los resultados pueden ser representados en un biplot. El ACM fue aplicado sobre información de una región de la República Argentina sobre pacientes sospechosos de portar COVID-19 en los primeros 45 días de la pandemia. El objetivo fue estudiar la asociación entre casos importados y comunitarios en los distintos periodos de la pandemia.

08.

**“Cociente de chances como medida de asociación para el análisis de la situación de Covid-19 en la Provincia de Córdoba”.**

*María Laura Nores*

*FAMAF y MEA-UNC, Córdoba Argentina*

▶▶ RESUMEN: En esta exposición se comentará sobre uno de los abordajes metodológicos que se están realizando para el análisis de la base de casos de Covid-19 proporcionada por el Ministerio de Salud de la Provincia de Córdoba.

Se definirá el cociente de chances (odds ratio, OR) como medida de asociación entre variables categóricas. En particular, se ilustrará su uso a partir de los casos confirmados de Covid-19 y los casos descartados. Actualmente, se están reportando los cocientes de chances de confirmación en la Provincia de Córdoba comparando categorías teniendo en cuenta sexo, grupo etario y clasificación epidemiológica, estimando OR con sus correspondientes intervalos de confianza mediante la aplicación de modelos logit. Los cálculos se actualizan aproximadamente cada una semana, considerando el período total informado y también dividiendo por meses, ya que la situación epidemiológica va cambiando con el transcurso del tiempo.


Se comentará además sobre la potencial aplicación de los cocientes de chances considerando otras respuestas binarias, restringiéndose a los casos confirmados de Covid-19, para evaluar posibles asociaciones.

09.

## **“Descifrando el repertorio inmunogénico de proteínas virales”.**

*Elmer A. Fernández*

*CIDIE UCC-CONICET, Córdoba Argentina*

 **RESUMEN:** Los brotes infecciosos actuales como la pandemia del SARS-CoV-2, el resurgimiento del ébola en el Congo y la propagación del virus del dengue y el virus del Zika están produciendo pérdidas significativas de vidas humanas y crisis económica. Por lo tanto, existe una necesidad urgente de desarrollar estrategias de vacunación eficientes para alcanzar la inmunidad a dichos patógenos. En este sentido, la identificación de epítomos potenciales que pueden actuar como antígenos se vuelve crucial para tal propósito. El primer paso hacia es encontrar péptidos candidatos que se unan a las familias de proteínas de los complejos mayor de histocompatibilidad I y II (CMH I y CMH II). Aquí, presentamos una Interfaz de Aplicación de programas (API) en lenguaje R para la aplicación de modelos de redes neuronales (, netMHCpan y netMHCIpan) que predicen el enlace entre el péptido y la hendidura con el CMH. Esta API facilita su uso en entornos multinúcleo locales mejorando su performance, permitiendo su aplicación a través de R, proporcionar métodos versátiles para el análisis de resultados, visualización, manipulación de datos y compartir resultados. Utilizado para la exploración de diferentes proteínas del SARS-Cov2, se proporciona el repertorio de posibles péptidos candidatos con potencial antigénico.

