

Modelos de difusión de enfermedades porcinas

B. Martínez-López, A. Pérez y J. M. Sánchez-Vizcaíno.

*Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria.
Universidad Complutense de Madrid.*

España es el segundo productor de porcino de la Unión Europea, lo que implica que la introducción y difusión potencial de enfermedades que afecten al sector porcino supondría un duro golpe para la economía nacional. El desarrollo de modelos que permitan evaluar el riesgo de introducción y difusión potencial de enfermedades y estimar la eficacia de las medidas de control empleadas en las distintas zonas geográficas y para los diferentes tipos de explotaciones porcinas, sería de gran utilidad en la toma de decisiones.

Los modelos predictivos de difusión no sólo nos permiten simular epidemias potenciales con el objetivo de establecer zonas, granjas o individuos que tendrían un mayor riesgo difusor, sino también evaluar la influencia que, parámetros como el tiempo de detección, la inmovilización o sacrificio de explotaciones, tendrían en la magnitud de la epidemia.

En términos generales, un modelo es una representación conceptual o física de un proceso o fenómeno que nos permite una mejor comprensión de la naturaleza o comportamiento del proceso o fenómeno real que representa. Son muchos los tipos de modelos que se utilizan actualmente con fines predictivos, como por ejemplo los modelos para predecir las fluctuaciones de mercados, los modelos de predicción del tiempo o los modelos de análisis de riesgo de las empresas aseguradoras. En nuestro caso, el proceso de interés es la posible difusión de una enfermedad en las explotaciones productivas de una

o más regiones o zonas del país. En este estudio mostramos algunos ejemplos de modelos que nuestro grupo de investigación está desarrollando con el objetivo de establecer los patrones de difusión potencial de ciertas enfermedades como la Peste Porcina Clásica y la Fiebre Aftosa, que tendrían un gran impacto en el sector porcino en caso de ser introducidas en nuestro país. Estos modelos nos ayudarán a entender cómo se difundiría una enfermedad en la región afectada y cuál sería el resultado de la aplicación de distintas medidas de control. De esta manera, podremos efectuar recomendaciones tendentes a mejorar la eficacia de nuestros planes de control y prevención.

Materiales y métodos

Los modelos desarrollados en este trabajo se conocen como "modelos de transición de estados, espaciales y estocásticos". Decimos que es

Cuadro I. Principales variables consideradas en el modelo de Fiebre Aftosa de Castilla y León.

Sección I. Modelización de la difusión de la enfermedad

1. Movimiento de animales de granja a granja, de granja a ferias y mercados, y de ferias y mercados a granjas:

- Número de movimientos por semana en la granja.
- Distancia recorrida en el movimiento.
- Probabilidad de transmisión en cada movimiento (condicional al estado infeccioso de la granja de origen).

2. Difusión local:

- Probabilidad de transmisión de una granja infectada a otra cercana en función de la distancia y del día de infección de la explotación infectada.

3. Infectividad:

- Tiempo (días) hasta la aparición de signos clínicos (periodo de incubación).
- Tiempo (días) hasta la detección de signos clínicos (periodo de detección).
- Probabilidad de difusión dentro de la granja (% de animales susceptibles que pasan a estar infectados por día).

Sección II. Modelización de las actuaciones y medidas de control ante un brote

1. Sacrificio de animales:

- Día de comienzo del sacrificio (desde la detección).
- Número máximo de granjas capaz de sacrificar por día.

2. Vigilancia en la zona de control, en la zona de vigilancia y en el resto del territorio nacional:

- Día de comienzo de la vigilancia (desde la detección).
- Día de cese de la vigilancia (desde la detección).
- Eficacia de la vigilancia (% de granjas cubiertas por la vigilancia).
- Tiempo transcurrido hasta la primera visita (retraso en visitar la granja).
- Frecuencia de visitas (número de visitas a la semana tras la primera visita).
- Periodo durante el cual la granja es visitada frecuentemente (por ejemplo: un mes).
- Retraso en la detección.
- Probabilidad de detección en cada visita.

3. Trazabilidad del movimiento de animales de granja a granja, de granja a ferias y mercados, y de ferias y mercados a granjas:

- Día de comienzo de la trazabilidad (desde la detección).
- Probabilidad de que un movimiento no sea trazado (escape al control).

4. Restricción de movimientos en la zona de control, en la zona de vigilancia y en el resto del territorio nacional:

- Día de comienzo de la restricción (desde la detección).
- Día de cese de la restricción (desde la detección).
- Porcentaje de movimientos restringidos (para cada tipo de movimiento y en cada zona).

un modelo de “transición de estados” porque cada unidad epidemiológica de estudio (la granja), se encuentra en uno de los estados definidos dentro del modelo y va cambiando de estado a medida que evoluciona la epidemia. Concretamente, en los modelos desarrollados de Fiebre Aftosa y Peste Porcina Clásica, una granja puede encontrarse en uno de los cinco estados siguientes: susceptible, infectada subclínica, infectada clínica, detectada y despoblada

(Figura 1). Se denomina modelo “espacial” porque incorpora información específica acerca de la localización espacial de cada granja (coordenadas); y es “estocástico” porque las variables introducidas en el modelo se definen mediante distribuciones probabilísticas, no mediante un único valor, lo cual permite incorporar la variabilidad e incertidumbre de cada variable y obtener así resultados más ajustados a la realidad.



Figura 1. Estados considerados en el modelo de Fiebre Aftosa y Peste Porcina Clásica, y variables que influyen en la transición de un estado a otro.

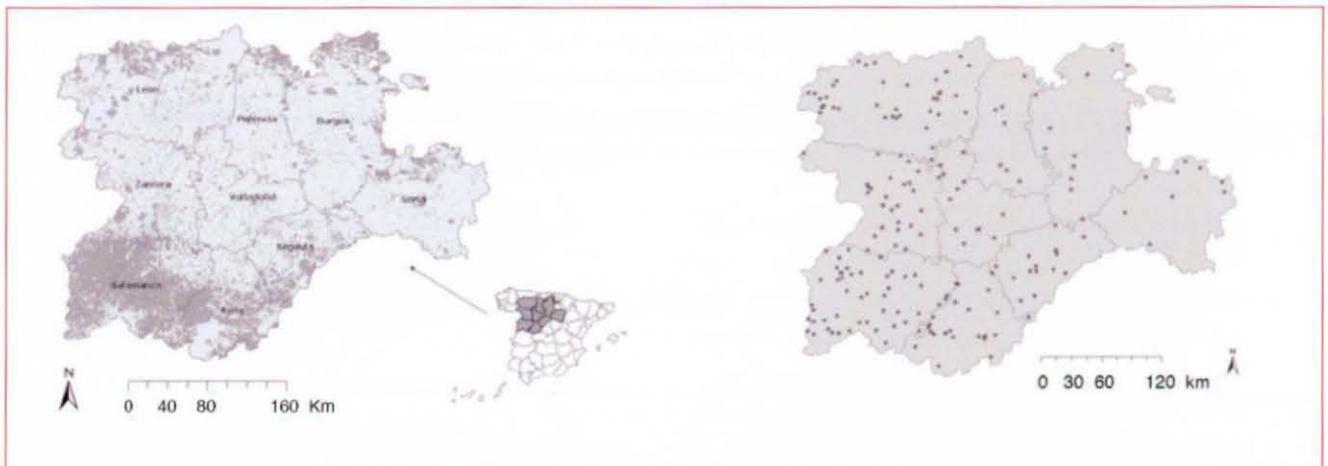


Figura 2. Distribución de granjas incluidas en el modelo de Fiebre Aftosa en Castilla y León. Se incluyen las granjas de porcino, bovino, ovino y caprino registradas hasta 2005.

Figura 3. Localización de las 200 granjas elegidas al azar para iniciar la epidemia y evaluar la difusión de Fiebre Aftosa.

Modelos similares se han utilizado recientemente en países como Francia (Durand y Mahul, 2000), Inglaterra (Morris *et al*, 2001; Green *et al*, 2006), Corea del Sur (Yoon *et al*, 2006), Estados Unidos (Bates *et al*, 2003; Carpenter *et al*, 2004), Australia (Garner y Lack, 1995) y Nueva Zelanda (Sanson, 2005).

Sin duda, este tipo de modelos nos ofrecen una visión más realista de lo que realmente puede ocurrir en una epidemia, pudiendo incluso estimar, por ejemplo, como cambia la magnitud de la epidemia para los distintos tiempos de detección, empleando diferentes estrategias de sacrificio y vacunación. Sin embargo, se trata de modelos de formulación compleja, que requieren no sólo de avanzados conocimientos matemáticos y epidemiológicos, sino también de una gran calidad de datos, incluyendo, por ejemplo, las coordenadas de las granjas, tamaño, tipo y características productivas de las explotaciones, frecuencia, número y destinos de movimientos de animales y de personal entre

las granjas, y estimaciones de la eficacia esperada al aplicar las medidas de control.

Un ejemplo de los modelos en los que estamos trabajando es el modelo de Fiebre Aftosa adaptado a la Comunidad Autónoma de Castilla y León, comunidad que dispone de datos de gran calidad disponibles para la investigación. En este modelo se incorporaron no sólo las variables necesarias para simular la difusión de un brote de Fiebre Aftosa en Castilla y León, sino también aquellas variables que definen las medidas de contingencia de la epidemia, con lo cual podemos evaluar la influencia de distintas alternativas de control en la magnitud y duración de la epidemia. Las principales variables consideradas en el modelo de Fiebre Aftosa se citan esquemáticamente en el **Cuadro I**.

Todas estas variables fueron descritas para cada tipo de granja de todas las especies susceptibles a la Fiebre Aftosa (porcino, bovino, ovino y caprino) y considerando los datos reales proporcionados por la Comunidad de Castilla y

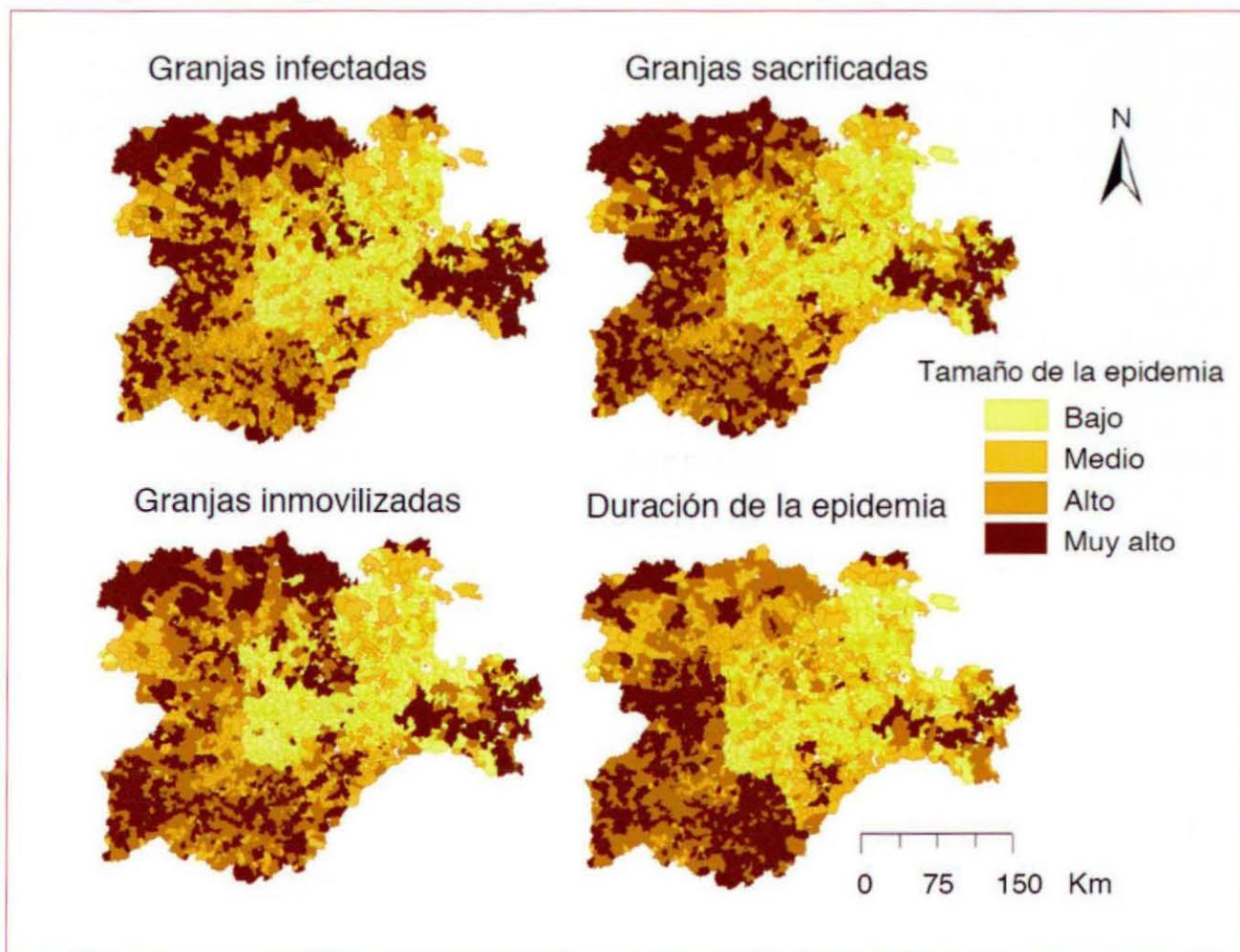


Figura 4. Distribución del nivel de riesgo (bajo, medio, alto, muy alto) simulado por municipio en Castilla y León, de acuerdo con el tamaño de la epidemia, expresada como número de granjas infectadas, granjas despobladas, granjas inmovilizadas y duración de la epidemia.

León (incluyendo localización, tamaño de explotación y movimientos de cada granja). Las granjas consideradas en el modelo se muestran en la **Figura 2**.

Utilizando este modelo se simularon 200 epidemias de Fiebre Aftosa, repartidas por granjas escogidas al azar por todo el territorio de Castilla y León para ver la influencia que la localización inicial y el tipo de granja infectada tenía en la magnitud de la epidemia (**Figura 3**).

Resultados

Como resultado se obtuvieron los escenarios (según el tipo de explotación, número de movimientos y demás características epidemiológi-

cas de cada municipio) que determinaban mayor o menor difusión de la enfermedad en el territorio castellano-leonés (**Figura 4**).

Discusión y conclusiones

Este tipo de modelos permiten evaluar la difusión potencial que tendría una enfermedad en función del tipo de granja introducida, su localización, sus características demográficas y productivas, así como la influencia de las distintas medidas de control empleadas para su control. Por ello, este tipo de modelos epidemiológicos de difusión cada vez se emplean más como herramientas para la planificación de los planes de contingencia y para la toma de decisiones du-

rante una epidemia. Sin embargo, existen ciertas limitaciones, y sin duda la principal es la falta de datos de calidad. La fiabilidad del modelo resultante es proporcional a la calidad de datos introducidos para su alimentación. Si no se dispone de bases de datos actualizadas con registros fiables de las coordenadas geográficas, el número de animales en la granja, los movimientos entre explotaciones, etc., el modelo puede llegar a sobre o subestimar la difusión potencial de la epidemia, y por lo tanto, no será un elemento fiable para la toma de decisiones. Otra limitación importante es el elevado tiempo computacional para "correr" las simulaciones del modelo. En el ejemplo de Fiebre Aftosa en Castilla y León, donde se incluyeron más de 70.000 granjas, se tardó más de 600 horas en correr el modelo para todos los escenarios. Esto es un limitante importante si se pretende utilizar este tipo de modelos para la toma de decisiones durante una epidemia, donde necesitamos respuestas en cuestión de pocas horas. Estas limitaciones se pueden solucionar si el modelo se retroalimentase automáticamente con las bases de datos disponibles (ej: conectado al REGA o a Simoporc) de forma que no se tenga que introducir manualmente los registros de granjas, movimientos y otros datos que ya están digitalizados. Del mismo modo, se pueden emplear códigos mejorados para optimizar el proceso y acelerar la computación de resultados en el modelo.

Mejoras futuras al modelo incluirían la incorporación de datos de movimientos de camiones, personas y otros fómites entre explotaciones, como potenciales agentes difusores; el desarrollo de un sistema de "alimentación automática" del modelo con los datos actualizados del REGA o Simoporc; y la inclusión en el modelo de otras regiones geográficas de España.

Muchas veces la introducción de enfermedades es inevitable, sin embargo, con este tipo de modelos epidemiológicos de difusión podemos evaluar qué ocurriría si la enfermedad fuese introducida, y así planear estrategias de preven-

“
Estos modelos
nos ayudarán a
entender cómo se
difundiría una
enfermedad en la
región afectada y
cúal sería el resultado
de la aplicación de
distintas medidas
de control

”

ción y control ajustadas a cada realidad geográfica y productiva. Sin duda, es una herramienta de gran utilidad para el desarrollo de programas preventivos y de contingencia que nos permitan minimizar las consecuencias de brotes potenciales.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido posible gracias a la provisión de datos de la Dirección General de Producción Agropecuaria. Muy especialmente queríamos agradecer a Olga Mínguez y a todo su equipo, a Lucio Carbajo y a Raquel Mínguez por su estimable ayuda y colaboración.

Este estudio fue en parte financiado por el Ministerio de Educación y Ciencia, el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, y por el Convenio de colaboración entre la Universidad Complutense de Madrid y la Junta de Castilla y León.

Bibliografía

- Bates, T.W., Thurmond, M.C., Carpenter, T.E., 2003. Description of an epidemic simulation model for use in evaluating strategies to control an outbreak of foot-and-mouth disease. *AJVR*, vol 64, No.2, 195-204
- Carpenter, T., Thurmond, C., Bates, T. 2004. A simulation model of intrapremise transmission of foot and mouth disease with reference to disease spread before and after clinical diagnosis. *J. Vet. Diagn. Invest.* 16: 11-16.
- Durand, B., Mahul, O., 2000. An extended state-transition model for foot-and-mouth disease epidemics in France. *Prev. Vet. Med.* 47, 121-139.
- Garner, M.G. and Lack, M.B., 1995. An evaluation of alternate control strategies for foot-and-mouth-disease in Australia: a regional approach. *Prev. Vet. Med.* 23, 9-32.
- Green, D.M., Kiss, I.Z., Kao, R.R. 2006. Modelling the initial spread of foot-and-mouth disease through animal movements. *Proc. R.Soc. B* 273, 2729-2735.
- Morris, R.S., Wilesmith, J.W., Stern, M.W., Sanson, R.L., Stevenson, M.A., 2001. Predictive spatial modelling of alternative control strategies for the foot-and-mouth disease epidemic in Great Britain, 2001. *The Veterinary Record* 149, 137-144.
- Sanson, R.L., Stevenson, M.A., Mackereth, G.F., Moles-Benfell, N., 2006. The development of an InterSpread Plus parameter set to simulate the spread of FMD in New Zealand. *Proceedings of the 11th International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics.*
- Yoon, H., Wee, S.H., Stevenson, M.A., O'Leary, B.D., Morris, R.S., Hwang, I.J., Park, C.K., Stern, M.W., 2006. Simulation analyses to evaluate alternative control strategies for the 2002 foot-and-mouth disease outbreak in the Republic of Korea. *Prev Vet Med.* 74, 212-225.