

ESTUDIO DE LA DISPERSIÓN DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS MEDIANTE AUTÓMATAS CELULARES*

Fecha de recepción: 6 agosto 2018
Fecha de aceptación: 8 de octubre de 2018
Páginas: 138-142

Alexander González Castaño**
Kempes Lozada Romero***

Resumen

La enfermedad de Chagas se ha convertido en un problema de salud pública a lo largo de toda América Latina. La razón es el escaso conocimiento de la dinámica humano-vector-reservorio, influenciada por el cambio climático y vías alternas de contagio (transfusional, oral, congénita y probablemente sexual). Por lo tanto, un estudio profundo de ésta dinámica proporcionaría información relevante para formular propuestas encaminadas a un control definitivo de vectores y reservorios. Para este cometido, el estudio de dicha dinámica mediante Sistemas de Ecuaciones Diferenciales Parciales no ha entregado una propuesta plausible que cumpla cabalmente con este objetivo; por la misma complejidad de la dinámica. Es por eso que se propone a la comunidad científica la técnica de simulación Autómatas Celulares que es capaz de incorporar en forma sencilla los pormenores de la dinámica y promete dar luces definitivas para su entendimiento.

Palabras clave: Enfermedad de Chagas, Ecuaciones Diferenciales, Autómatas Celulares, Dispersión.

* Artículo corto.

** Universidad Internacional de la Rioja.
Correo electrónico: alexander.gonzalez@estudiante.unir.net

*** Fundación Universitaria Monserrate.
Correo electrónico: aklozada@unimionserate.edu.co

STUDY OF THE DISPERSION OF THE CHAGAS DISEASE THROUGH CELLULAR AUTOMATA

Abstract

Chagas disease has become a public health problem throughout Latin America. The reason is the scarce knowledge of the human-vector-reservoir dynamics, influenced by climate change and alternate routes of contagion (transfusional, oral, congenital and probably sexual). Therefore, a thorough study of this dynamic would provide relevant information to formulate proposals aimed at a definitive control of vectors and reservoirs. For this purpose, the study of this dynamics by Systems of Partial Differential Equations has not delivered a plausible proposal that fully complies with this objective, due to the same complexity of the dynamics. That is why Cellular Automata simulation technique is proposed to the scientific community, which is able to incorporate in a simple way the details of the dynamics and promises to give definitive lights for its understanding.

Key words: Chagas Disease, Differential Equations, Cellular Automata, Dispersion.

ESTUDO DA DISPERSÃO DA DOENÇA DE CHAGAS MEDIANTE AUTÓMATAS CELULARES

Resumo

A doença de Chagas tornou-se um problema de saúde pública ao longo de toda América Latina. A razão é o escasso conhecimento da dinâmica humano-vetor-incubador reservatório, influenciada pela mudança climática e vias alternadas de contágio (transfusional, oral, congênita e provavelmente sexual). Portanto, um estudo profundo de esta dinâmica proporcionaria informação relevante para formular propostas encaminhadas a um controle definitivo de vetores e incubadores. Para este fim, o estudo de dita dinâmica mediante Sistemas de Equações Diferenciais Parciais não tem entregado uma proposta plausível que cumpra cabalmente com este objetivo, pela mesma complexidade da dinâmica. É por isso que se propõe à comunidade científica a técnica de simulação Autômatas Celulares que é capaz de incorporar em forma simples os pormenores da dinâmica e promete dar luzes definitivas para seu entendimento.

Palavras-chave: Doença de Chagas, Equações Diferenciais, Autômatas Celulares, Dispersão.

INTRODUCCIÓN

La Enfermedad de Chagas (ECh) es un problema de salud pública a lo largo de toda América Latina. La razón está relacionada con tres aspectos: el primero, la dinámica de interacción humano-vector-reservorio (HVR); el segundo, las vías alternas de contagio y el tercero, el cambio climático. Los tres, en conjunto, determinan un panorama complejo que complica la implementación de medidas de control. Un conocimiento más profundo de esta dinámica posibilitaría la aplicación de dichas medidas con miras a su erradicación. El modelamiento matemático mediante Ecuaciones Diferenciales (ED) ha sido aplicado para avanzar con dicho conocimiento; sin embargo, la complejidad envuelta en la transmisión ha dado origen a sistemas de Ecuaciones Diferenciales Parciales no lineales, que ofrecen soluciones limitadas a la dispersión de la enfermedad (Boggio, 2000; Inaba, Sekine, 2004; Lambert & Kolibras, 2008; Coffield *et al.*, 2013). Es por eso que se introduce una técnica de modelamiento computacional que simula sistemas tan complejos como la dinámica HVR, teniendo presente el panorama general. Esta técnica de simulación son los Autómatas Celulares (AC). Adicionalmente, puesto que la dinámica HVR es similar a la de otras enfermedades, dicha técnica puede ser aplicada a las enfermedades tropicales en general.

DESARROLLO

La Enfermedad de Chagas

La ECh es endémica de Centro y SurAmérica, está presente a lo largo de dieciocho países (OMS, 2003). Un estimado de 17 millones de personas están infectadas por el *Trypanosoma Cruzi* (T_C), el agente causante de la enfermedad y 100 millones más bajo riesgo de infección (OMS, 2003). Estudios muestran que condiciones de pobreza están ligadas a su aparición y diseminación (Boggio, 2000), teniendo por lo tanto mayor impacto en las regiones rurales y tropicales, más vulnerables de América Latina (OMS, 2003).

La fase crónica de la ECh tiene una duración variable alrededor de quince años. En este periodo los infectados pueden desarrollar apoplejía (Sarmiento *et al.*, 2004) e inflamaciones importantes en sus intestinos y corazón, siendo esta última la causa de más alta mortalidad (Inaba & Sekine, 2004).

Las vías alternas de dispersión que tienen alta incidencia en zonas no endémicas, son la vía congénita (Quimiote, 2013), transfusional (Alkmim *et al.*, 2013;) y probablemente sexual (Sarmiento *et al.*, 2003; Sarmiento, Prieto & Hernández, 2007; Bice & Zeledón, 1970; Scoza, Herrera & Urbaneta, 1996; Dias, 1979; Chimelly & Scaravillo, 1997; Mice, Urdaneta, 2001).

Adicionalmente, el incremento en la dispersión ha sido ligado al cambio climático y deforestación. Estos factores pueden extender la distribución geográfica de vectores en forma alarmante en los próximos años, por los incrementos en la temperatura que han sido predichos (Lambert & Kolibras, 2008; OMS, 2003) y por su influencia en los cambios de hábitos alimenticios y reproductivos (Añes, 1984; Zaleta, 2008).

Enfermedad de Chagas y modelamiento de su dispersión

Existen modelamientos sencillos sobre su dispersión, usando Ecuaciones Diferenciales Ordinarias (Boggio, 2000; Lambert & Kolibras, 2008) y otros que usan Sistemas de Ecuaciones Diferenciales Parciales no Lineales [1, 8, 91]. Aunque dan luz sobre algún aspecto de la problemática, no arrojan resultados definitivos para tomar medidas apropiadas de control. La razón de su corto alcance es la complejidad de la dinámica HVR.

Autómata Celular y Simulación de la ECh

El AC permite implementar, al mismo tiempo y en forma sencilla, todos los parámetros relevantes de la dinámica HVR, así como sus relaciones con el cambio climático y otras vías de dispersión. Adicionalmente permiten incluir

interacciones de carácter local y geográfico, factores que son muy difíciles de implementar en un modelo de Ecuaciones Diferenciales (Oquendo & Muñoz, 2008).

Desde que fueron formulados por Von Neuman (1948), surgen, como una forma de describir comportamientos complejos a partir de descripciones simples, razón por la cual se ha visto en ellos un sistema ideal para modelar fenómenos naturales (Hernández & Torres, 1994). Desde entonces, la misma idea de AC ha sido explotada en diversos escenarios para estudiar sistemas cada vez más complejos y sus aplicaciones han sido muy exitosas (Chopard & Droz, 1999; Provensal, Simone, Lamfri, Scavuzzo & Polop, s.f).

AC llamados gases de red, cumplen en el límite continuo a través de la expansión de Chapman-Enskog (Xiaovi & Luo, 1997), ecuaciones diferenciales de difusión y de Navier-Stokes, lo que posibilita multitud de aplicaciones en procesos de reacción-difusión (dispersión). Esta es la razón de peso por la cual es más apropiado usar un AC, en vez de estudiar la dinámica HVR, mediante Sistemas de Ecuaciones Diferenciales Parciales (no lineales).

Nuestro AC consiste básicamente de una malla rectangular para discretizar el espacio de la zona geográfica de estudio, un estado para cada componente de esta malla (célula), una vecindad de cada célula y un conjunto de reglas de evolución que permiten obtener el estado del autómata en el siguiente paso de tiempo a partir del estado actual del mismo (función de transición). Dicha función de transición está íntimamente ligada con los parámetros de la dinámica HVR. Algunos de estos parámetros son de carácter probabilístico (AC estocástico) (Musso, 2008).

CONCLUSIÓN

Para una región determinada, al implementar en un AC: se tiene en cuenta, los parámetros de la dinámica HVR (función de transición), es

decir: a) Las reglas de interacción entre vectores, humanos y reservorios, b) las vías alternas de transmisión y c) características del incremento en la temperatura.

Así pues, se han establecido las condiciones iniciales de la dinámica con relación: a) distribución geográfica de vectores, reservorios y humanos; infectados y no infectados, y b) la edad, el género y el tiempo de infección.

Se caracterizaría en forma apropiada dicha dinámica, sin necesidad de resolver un sistema de Ecuaciones Diferenciales Parciales; permitiendo adicionalmente mostrar, en función del tiempo, tanto la cantidad de infectados (humanos, vectores y reservorios), así como su distribución espacial sobre el mapa físico.

Con conocimiento de la dinámica de la propagación de la enfermedad podríamos establecer, con buena precisión, medidas preventivas de vigilancia y fumigación para el control de vectores y reservorios en las zonas bajo estudio. Se conocería además el cómo, cuándo y dónde deben ser aplicadas estas medidas. Además, quedaría implementado un AC susceptible de ser utilizado en otras latitudes y para estudiar otras enfermedades. Son más de 100 millones de personas en dieciocho países de América Latina que se beneficiarían con esta aplicación.

REFERENCIAS

- Añes, Est, J. S. (1984). Studies on *Trypanosoma rangeli* Tejera, 190 II. Its effect on feeding behavior of triatomina ebugs. *Acta Tropica*, 41, 93-95.
- Alkmin. (2013). *Trypanosoma cruzi* experimental congenital transmission associated with TcV and TcI subpatent maternal parasitemia.
- Bice, D., & Zeledón, R. (1970). Comparison of infectivity of strains of *Trypanosoma macruzi* (Chagas, 1909). *J Parasitol*, 56, 663-670.
- Boggio, G. (2000). *Modelo de regresión logística aplicado a un estudio sobre enfermedad de Chagas*. Rio de Janeiro: Universidade Federal do Rio de Janeiro.
- Chopard, B., & Droz, M. (1999). *Cellular Automata Modeling of Physical System*. Cambridge University Cambridge.
- Chimelli, L., & Scaravilli, F. (1997). Trypanosomiasis. *Brain Pathol*, 7, 599-611.

- Coffieldet. (2013). Mathematical models for neglected tropical diseases: essential tools for control and elimination. USA: Elsevier.
- Spagnuolo. (2007). Congenital Trypanosomacruzi infection in a non-endemic area. Case report: *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 101, 1161 – 1162.
- Dias, J. C. P. (1979). Mecanismos de transmissão. En Z. Brener & Z. Andrade (eds), *Trypanosomacruzi e Doença de Chagas, Guanabara Koogan*, (pp. 152-174). Rio de Janeiro.
- Hernández, G., & Torres, L. (1994). Autómatas celulares estocásticos. *Lecturas Matemáticas*, 15, 167-191.
- Inaba, H., & Sekine, H. (2004). A mathematical model for Chagas disease with infection-age-dependent infectivity. *Mathematical Biosciences*, 190(1), 39-69. doi:10.1016/j.mbs.2004.02.004
- Lambert, R. C., Kolibras, K. N., et al. (2008). The potential for emergence of Chagas disease in the United States. *Geospatial Health*, 2(2).
- Mice. (2001). *Experimental Transmission of Trypanosoma cruzi Through the Genitalia of Albino*. Universidade Federal do Rio de Janeiro: UFRJ.
- Musso, V. (2008). *Desarrollo de Software para la Simulación Espacio-Temporal de la Dinámica Poblacional de Roedores Transmisores de la Fiebre Hemorrágica*. Recuperado de <http://rdu.unc.edu.ar/bitstream/handle/11086/11/14319.pdf?sequence=1>
- OMS. (2003). *Cambio Climático y salud humana. -Riesgos y respuestas. Resumen*. Ginebra-Suiza.
- Oquendo, W. F., & Muñoz, J. D. (2008). Simulación de la Propagación de una Epidemia Utilizando un Autómata Celular de Difusión Bidimensional. *Revista Colombiana de Física*, 40(2).
- Sarmiento. (2004). Trypanosoma Cruzi-associated cerebrovascular disease: a case-control study in eastern Colombia. *Journal of Neurological Sciences*, 217, 61-64.
- Scorza, C., Herrera, L., & Urdaneta-Morales, S. (1996). Trypanosomacruzi: histopathology in mice infected with strains isolated from *Didelphimarsupialis* from the valley of Caracas (Venezuela). *Acta Cient Venez*, 47, 244-247.
- Xiaoyi, H., & Li-Shi, Luo. (1997). Theory of the lattice Boltzmann method: From the Boltzmann equation to the lattice Boltzmann equation. *Phys. Rev. E*, 56, 6811-6817.