

UNA HISTORIA DE CO-INFECCIÓN, CO-TRANSMISIÓN Y CO-ALIMENTACIÓN: CÓMO CALCULAR UN NÚMERO REPRODUCTIVO DE INVASIÓN UN ANÁLISIS DETERMINISTA

Giulia Belluccini^{1,2}, Bevelynn Williams¹, Qianying Lin², Ethan Romero-Severson², Thomas Leitner², Martín López-García¹, Grant Lythe¹, y Carmen Molina-París^{*2}

¹ School of Mathematics, University of Leeds, Leeds, UK

² Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, New Mexico, USA

La doble infección (o co-infección) de un huésped por varios patógenos es un fenómeno ubicuo en la naturaleza [3]. En esta charla estudiaremos una población de huéspedes, por ejemplo, vertebrados pequeños o grandes, y una población de garrapatas, ambas susceptibles de ser infectadas por dos cepas diferentes de un virus dado. En esta charla, y con relación a un proyecto conjunto UK-EEUU financiado por BBSRC y NIH, para los modelos que se van a desarrollar, tenemos en mente una aplicación al virus de la fiebre hemorrágica de Crimea-Congo (CCHFV). Este virus posee un genoma segmentado y tri-partito.

En primer lugar estudiaremos la dinámica de infección en las poblaciones de vertebrados y garrapatas con una sola cepa del virus. Para ello se considera un modelo determinista (ecuaciones diferenciales ordinarias) que nos permita analizar la importancia de la co-alimentación entre las garrapatas para la transmisión y el establecimiento del virus en dichas poblaciones. En el modelo clasificamos cada una de las poblaciones en individuos susceptibles o infectados. Dado dicho modelo, calculamos entonces el número reproductivo de base (o básico), haciendo uso del método de la matriz de próxima generación [4].

En segundo lugar consideraremos la co-infección por dos cepas distintas (una residente y la otra invasiva). De nuevo, mediante ecuaciones diferenciales ordinarias, modelamos la dinámica de las poblaciones susceptibles, infectadas y co-infectadas, en este caso, restringiendo nuestro estudio a las garrapatas (por hacer el cálculo más sencillo). El modelo nos permite definir y calcular un número reproductivo de la cepa invasiva, o número reproductivo de invasión [2]. Comentaremos entonces ciertos problemas relativos al comportamiento del número reproductivo de invasión para nuestro modelo, y la solución propuesta por Samuel Alizon y Marc Lipsitch [2].

Concluimos con una perspectiva sobre cómo el modelo de co-infección puede ser aplicado al virus de la inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1), nuestros proyectos en curso y nuestros planes de trabajo en un futuro próximo.

En resumen: en esta charla se presenta y analiza un modelo matemático de una infección viral transmitida por vectores, para identificar las distintas contribuciones (debidas a los procesos de co-infección, co-transmisión y co-alimentación) al establecimiento de una cepa viral generada por reordenamiento en una población de garrapatas y de huéspedes.

References

- [1] Allen, L.S. (2010). *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*. Chapman and Hall/CRC, New York.
- [2] Alizon, S. (2013). Co-infection and super-infection models in evolutionary epidemiology. *Interface Focus* 3: 20130031. <https://doi.org/10.1098/rsfs.2013.0031>
- [3] Cox, F.E. (2001). Concomitant infections, parasites and immune responses. *Parasitology* 122: S23–S38. <https://doi.org/10.1017/s003118200001698x>
- [4] Van den Driessche, P. (2017). Reproduction numbers of infectious disease models. *Infectious Disease Modelling* 2(3): 288–303. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2017.06.002>