

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Análise do Modelo Matemático Espaço Discreto de Propagação da Dengue

Gabriela Colovati de Almeida¹

Departamento de Bioestatística, UNESP, Botucatu, SP

Fernando Luiz Pio dos Santos²

Departamento de Bioestatística, UNESP, Botucatu, SP

1 Introdução

Um dos graves problemas de saúde pública mundial, ocorrendo principalmente em territórios tropicais e subtropicais, é a proliferação da Dengue. Como os seres humanos são os hospedeiros da doença, consideramos aqui a mobilidade humana como um fator de extrema importância na propagação dessa enfermidade. Uma abordagem clássica compartimental para a análise da propagação de doenças infecciosas foi estudada inicialmente por [2]. Dessa forma, para examinar a dinâmica da Dengue, estendemos esta metodologia clássica para ser aplicado na situação onde temos a existência de espaços discretos bem definidos (*patches*). Nesta abordagem são consideradas as interações entre as populações de humanos e mosquitos [1], e ainda, a circulação da doença Dengue para um único sorotipo. Foram realizadas simulações numéricas do modelo considerando dois *patches*. O objetivo será efetuar a análise matemática do modelo para o caso particular de dois *patches* e realizar simulações numéricas no modelo estendido para um número arbitrário de *patches* com o intuito de compreender a persistência da doença.

2 Modelo Matemático

As variáveis de estado do modelo no tempo t são: S_h , I_h , R_h , representando respectivamente a densidade de humanos susceptíveis, infectados e recuperados, e ainda, S_v e I_v representando a densidade de vetores (mosquitos) susceptíveis e infectados. Os parâmetros biológicos do modelo são: μ_h é a taxa per capita de mortalidade humana, μ_v a taxa per capita de mortalidade do vetor, γ a taxa de recuperação de humanos, b é a proporção da picada que efetivamente transmite a infecção; β_h e β_v são as probabilidades de transmissão da doença na interação vetor-humano e humano-vetor, respectivamente. Assim, o modelo proposto é dado pelo seguinte sistema (1), considerando dois *patches*:

¹gabriela_cda@ibb.unesp.br

²flpio@ibb.unesp.br

$$\left\{ \begin{array}{l} S'_{h1} = \mu_h(N_{h1} - S_{h1}) - \frac{1}{N_{h1}}\beta_h b I_{v1} S_{h1} + K_{21} S_{h2} - K_{12} S_{h1} \\ I'_{h1} = \frac{1}{N_{h1}}\beta_h b I_{v1} S_{h1} - (\mu_h + \gamma) I_{h1} + K_{21} I_{h2} - K_{12} I_{h1} \\ R'_{h1} = \gamma I_{h1} - \mu_h R_{h1} + K_{21} R_{h2} - K_{12} R_{h1} \\ S'_{v1} = \Lambda_1 - \frac{1}{N_{h1}}\beta_v b I_{h1} S_{v1} - \mu_v S_{v1} \\ I'_{v1} = \frac{1}{N_{h1}}\beta_v b I_{h1} S_{v1} - \mu_v I_{v1} \\ S'_{h2} = \mu_h(N_{h2} - S_{h2}) - \frac{1}{N_{h2}}\beta_h b I_{v2} S_{h2} + K_{12} S_{h1} - K_{21} S_{h2} \\ I'_{h2} = \frac{1}{N_{h2}}\beta_h b I_{v2} S_{h2} - (\mu_h + \gamma) I_{h2} + K_{12} I_{h1} - K_{21} I_{h2} \\ R'_{h2} = \gamma I_{h2} - \mu_h R_{h2} + K_{12} R_{h1} - K_{21} R_{h2} \\ S'_{v2} = \Lambda_2 - \frac{1}{N_{h2}}\beta_v b I_{h2} S_{v2} - \mu_v S_{v2} \\ I'_{v2} = \frac{1}{N_{h2}}\beta_v b I_{h2} S_{v2} - \mu_v I_{v2} \end{array} \right. \quad (1)$$

sendo $N_{h_j} = S_{h_j} + I_{h_j} + R_{h_j}$ e $\Lambda_j > 0$ a densidade total de humanos e a proporção de vetores susceptíveis, respectivamente, para os *patches* $j = 1, 2$. As taxas de movimentação humana entre estes dois *patches* são dadas por K_{12} e K_{21} .

3 Conclusões

Para verificar a dinâmica populacional do modelo proposto, simulações numéricas foram realizadas para o caso de dois *patches*, sendo um com condições iniciais para a enfermidade (população de humanos infectados) e o outro livre da doença (somente população de humanos e mosquitos susceptíveis). Os resultados numéricos obtidos neste caso mostram desde já os efeitos da mobilidade humana esperados para o desenvolvimento da Dengue no *patch* que estava livre inicialmente da doença. Esta importante verificação possibilitará efetuar a análise matemática do modelo e estendê-lo para o número arbitrário de *patches* com a dinâmica correta em Dengue.

Agradecimentos

Agradecemos pelo apoio financeiro da agência de fomento CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior).

Referências

- [1] M. Andraud, N. Hens, C. Marais and P. Beutels. Dynamic epidemiological models for dengue transmission: a systematic review of structural approaches, *PLoS ONE*, volume 7(11), e49085, 2012. DOI:10.1371/journal.pone.0049085.
- [2] W. O. Kermack and A. G. McKendrick. A contributions to the mathematical theory of epidemics, *Proceedings of the Royal Society of London, Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, volume 115, issue 772, pages 700-721, 1927. DOI: 10.1098/rspa.1927.0118.