

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Estudo da resposta humoral contra o *Trypanosoma brucei* utilizando análise qualitativa via funções majorantes

Elisa Oliveira de Souza¹

Departamento de Engenharia de Controle e Automação, CEFET/RJ, Rio de Janeiro, RJ

Alessandro Rosa Lopes Zachi²

Departamento de Engenharia de Controle e Automação, CEFET/RJ, Rio de Janeiro, RJ

Roberto Carlos Antunes Thomé³

Departamento de Matemática, CEFET/RJ, Rio de Janeiro, RJ

RESUMO

A Tripanossomíase Humana Africana (HAT) ou Doença do Sono é causada pelo protozoário *Trypanosoma brucei*, o qual tem tropismo pelo tecido do sistema nervoso central e não possui uma forma intracelular. Foi estudado o modelo matemático em (1) que descreve a ação da resposta imunológica humana na infecção contra um tripanossoma [1]. Esse modelo simplificado é apresentado por meio de um sistema de equações diferenciais ordinárias não lineares que descrevem o crescimento das populações de células hospedeiras H (recursos), do parasita T , dos linfócitos ou células B , e de células B ativadas B_a . Neste trabalho, somente a ação da resposta humoral é estudada e apenas as células B e as células B diferenciadas em plasmócitos são consideradas, além de uma taxa adicional de mortalidade dessas células por apoptose (μ_B^d) a fim de conter os parasitas. Nesse caso, presume-se que os parasitas presentes na corrente sanguínea encontrem recursos H produzidos a uma taxa constante λ_H , e degradando naturalmente a uma taxa per capita μ_H . O parâmetro α representa a capacidade do *T. brucei* de encontrar e consumir nutrientes a fim de crescer e se multiplicar por divisão mitótica.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dH}{dt} = \lambda_H - \mu_H H - \alpha HT \\ \frac{dT}{dt} = \tau \alpha HT - \mu_T T - \epsilon T B_a \\ \frac{dB}{dt} = \lambda_B - \mu_B B - \gamma_B BT \\ \frac{dB_a}{dt} = \gamma_B BT - (\mu_B + \mu_B^d) B_a + \delta_B B_a T \end{array} \right. \quad (1)$$

¹eos1326@gmail.com

²alessandro.zachi@cefet-rj.br

³roberto.thome@cefet-rj.br

No modelo (1), as constantes μ_H , μ_T e μ_B representam as taxas de mortalidade associadas às variáveis H , T e B , respectivamente. A constante ϵ representa a taxa da resposta humoral, γ_B é a taxa de ativação de células B , δ_B é taxa de proliferação das células B plasmáticas, λ_H é a taxa de reprodução de células hospedeiras, λ_B é a taxa de reprodução de células B e τ é o número médio de descendentes gerados por divisão, sendo $\tau \leq 2$.

As soluções analíticas das equações diferenciais em (1) não são triviais de serem obtidas tendo em vista as não linearidades do modelo. A ideia central deste trabalho é associar à cada equação dinâmica do modelo, uma equação diferencial linear cuja solução é uma função majorante para a sua trajetória real. Desta forma, pretende-se mostrar que uma vez calculadas as soluções analíticas das funções majorantes, é possível analisar de maneira qualitativa o comportamento das trajetórias de estado não lineares originais (resposta humoral) e seus respectivos pontos de equilíbrio. Para verificar o desempenho da estratégia de análise proposta, serão realizadas simulações computacionais do modelo não linear (1) e das funções majorantes calculadas no programa Simulink/MATLAB. Na Figura 1, tem-se uma ilustração do sistema de equações implementadas no Simulink.

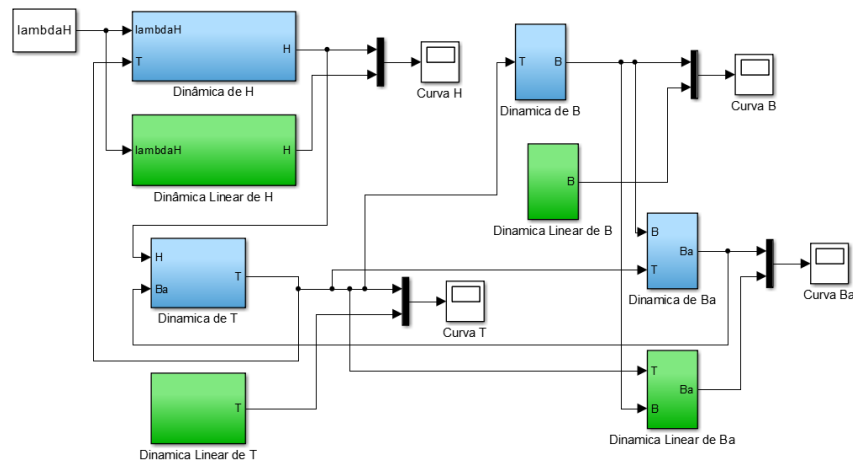


Figura 1: Diagrama da simulação computacional no Simulink.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao CEFET/RJ, ao CNPq e a FAPERJ pelo apoio financeiro que tornou possível a realização deste trabalho.

Referências

- [1] H. M. Yang, A mathematical model to assess the immune response against *Trypanosoma cruzi* infection. *Journal of Biological Systems*, v. 23, p. 131-163, (2015).