Proceeding Series of the Brazilian Society of Applied and Computational Mathematics, Vol. 5, N. 1, 2017.

Trabalho apresentado no CNMAC, Gramado - RS, 2016.

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Uma discussão sobre incertezas nas estimativas do R_o

Bruna Cassol dos Santos[1]
Instituto de Matemática e Estatística, USP, São Paulo, SP
Joyce da Silva Bevilacqua[2]
Instituto de Matemática e Estatística, USP, São Paulo, SP

1 Introdução

O conhecimento adquirido durante anos sobre as doenças infecciosas vem sendo incorporado aos modelos matemáticos, aprimorando suas contribuições para a população em escala local e global. Destes modelos, emergem limiares que podem ser convertidos em medidas de controle da propagação dessas doenças. O número de reprodutibilidade basal, R_o, é um dos limiares epidemiológicos mais importantes, pois trata-se de um parâmetro relacionado a intensidade de uma infecção. Neste trabalho, o impacto causado pela inserção de duas hipóteses, sobre a população total de humanos, é avaliado no cálculo do R_o. A hipótese A, considera a população total constante ao longo do tempo. A hipótese B, considera que a população total é governada por uma função de crescimento logístico. O modelo base considerado é o modelo SIR com acoplamento da dinâmica do vetor.

2 Discussão e resultados

Sejam N_h e N_v as populações totais de humanos e vetores respectivamente. Seja $\gamma = \lambda - \mu_h$ a taxa de crescimento da população humana, onde λ representa a taxa de nascimentos e μ_h representa a taxa de mortes. Para os vetores, assume-se uma taxa de recrutamento constante A e uma taxa de morte μ_v. Os vetores nunca recuperam-se de uma infecção, enquanto que os humanos recuperam-se a taxa r. Sejam S_h, I_h, R_h, I_v, as densidades das populações de humanos suscetíveis, infectados e recuperados e vetores infectados respectivamente. O número médio de picadas por mosquito, por dia, é dado pelo parâmetro b bem como, β_h e β_v correspondem as probabilidades de transmissão vetor-humano e humano-vetor, respectivamente. Finalmente, o parâmetro K corresponde a capacidade de suporte do ambiente [2, 3].

Descritos os parâmetros, o modelo 1, cuja hipóstese A é considerada, é representado,

[1]brunacs@ime.usp.br
[2]joyce@ime.usp.br

em termos de proporções, pelo sistema de equações diferenciais abaixo

$$
\begin{aligned}
S_h'(t) &= \mu_h(1-S_h) - \beta_h b \frac{A/\mu_v}{N_h} S_h I_v, && S_h(0) = S_{ho} \geq 0,\\
I_h'(t) &= \beta_h b \frac{A/\mu_v}{N_h} S_h I_v - (r+\mu_h) I_h, && I_h(0) = I_{ho} \geq 0,\\
I_v'(t) &= \beta_v b (1-I_v) I_h - \mu_v I_v, && I_v(0) = I_{vo} \geq 0. \qquad (1)
\end{aligned}
$$

O modelo 2, considerando a hipótese B, é representado, em termos das proporções, pelo seguinte sistema de equações diferenciais

$$
\begin{aligned}
S_h'(t) &= \left(\lambda - \frac{\gamma N_h}{K}\right)(1-S_h) - b\beta_h S_h I_v \frac{A/\mu_v}{N_h}, && S_h(0) = S_{ho} \geq 0,\\
I_h'(t) &= b\beta_h S_h I_v \frac{A/\mu_v}{N_h} - \left(\lambda + r - \gamma \frac{N_h}{K}\right) I_h, && I_h(0) = I_{ho} \geq 0,\\
R_h'(t) &= r I_h - \left(\lambda - \gamma \frac{N_h}{K}\right) R_h, && R_h(0) = R_{ho} \geq 0,\\
I_v'(t) &= b\beta_v (1-I_v) I_h - \mu_v I_v, && I_v(0) = I_{vo} \geq 0. \qquad (2)
\end{aligned}
$$

Dadas as equações do modelo, os valores dos parâmetros e das condições iniciais, é possível obter estimativas para o valor de R_o. A metodologia utilizada no cálculo do R_o baseia-se na construção do *Operador de Próxima Geração* proposto por Diekmann et al. [1]. De acordo com esta metodologia a expressão para o R_o associado ao sistema (1) (à esquerda) e ao sistema (2) (à direita) são dados por:

$$
R_{o1} = \frac{b^2 \beta_v \beta_h A/\mu_v}{N_{ho}\mu_v(\mu_h + r)} \qquad R_{o2}(t) = \frac{b^2 \beta_h \beta_v A/\mu_v}{\mu_v N_h(t)\left(\lambda + r - \gamma \frac{N_h(t)}{K}\right)}
$$

onde, N_{ho} corresponde ao tamanho inicial da população total de humanos.

3 Conclusões

Observou-se que, as expressões obtidas para o R_o, dependem exclusivamente, dos parâmetros do modelo e do tamanho total da população humana. No entanto, partindo do pressuposto, que os valores dos parâmetros são os mesmos para os dois modelos, temos que, a expressão do R_o, associada ao sistema (2), possui uma dependência contínua no tempo com relação a variável N_h o que não acontece na expressão do R_o, com relação ao sistema (1), uma vez que, a população humana é considerada constante. Essas estimativas, geradas a partir da imposição de duas hipóteses distintas, nos questionam acerca da elaboração dos modelos matemáticos, seja no intuito de fazer previsões a longo prazo ou, na conversão dessas estimativas como medidas de controle de epidemias.

Referências

[1] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek and M. G. Roberts. The construction of the next generation matrices for compartmental epidemic models, *Journal of the Royal Society Interface*, 2009.

[2] L. Esteva and C. Vargas. Analysis of a dengue disease transmission model, *Mathematical biosciences*, 1998.

[3] G. Li and Z. Jin. Bifurcation analysis in models for a vector-borne diseases with logistic growth, *The Scientific World Journal*, 2014.

