

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Efeitos do Número Básico de Reprodução na Dinâmica de Propagação da Dengue em um Modelo de Dois *Patches*

Gabriela Colovati de Almeida¹

Fernando Luiz Pio dos Santos²

Departamento de Bioestatística, Instituto de Biociências, UNESP, Botucatu, SP

1 Introdução

A dengue é uma doença infecciosa que se prolifera por todo um território devido ao contato entre humanos e vetores. Uma grande área pode ser fracionada em regiões menores e bem definidas (*patches*), conectadas pela migração humana. Este trabalho visa investigar como o número básico de reprodução interfere na dinâmica de dois *patches* e os importantes efeitos da mobilidade humana na disseminação da doença.

2 Modelo Matemático

O modelo de transmissão do vírus da dengue considera os compartimentos para humanos suscetíveis (S_{hi}), infectados (I_{hi}) e recuperados (R_{hi}). A população de vetores é dividida em suscetíveis (S_{vi}) e infectados (I_{vi}), sendo que N_{hi} é o tamanho da população humana com $R_{hi} = 1 - S_{hi} - I_{hi}$ e $S_{vi} = 1 - I_{vi}$ para $i = 1, 2$. Neste trabalho, o modelo usado inicialmente por [1, 4] foi ampliado para dois *patches* e é estabelecido por:

$$\begin{cases} S'_{hi}(t) &= \mu_h(1 - S_{hi}) - \frac{b\beta_h\Lambda_i}{\mu_v N_{hi}} I_{vi} S_{hi} + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^2 m_{ij}^S S_{hj} - \left(\sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^2 m_{ji}^S \right) S_{hi} \\ I'_{hi}(t) &= \frac{b\beta_h\Lambda_i}{\mu_v N_{hi}} I_{vi} S_{hi} - (\eta_h + \mu_h) I_{hi} + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^2 \gamma_j m_{ij}^I I_{hj} - \gamma_i \left(\sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^2 m_{ji}^I \right) I_{hi} \\ I'_{vi}(t) &= b\beta_v I_{hi}(1 - I_{vi}) - \mu_v I_{vi} \end{cases} \quad (1)$$

As taxas de mobilidade humana entre os dois *patches* são dadas por $m_{12}^S, m_{21}^S, m_{12}^I$ e m_{21}^I . O parâmetro $\gamma_i \in [0, 1]$ representa a taxa com que as pessoas infectadas se movem de um *patch* para outro (movem-se de forma diferente devido aos sintomas da infecção) [2] e Λ_i é o recrutamento de vetores para $i = 1, 2$. Os parâmetros biológicos são: μ_h e μ_v são

¹gabriela.colovati@gmail.com

²flpio@ibb.unesp.br

as taxas per capita de mortalidade do humano e do vetor, respectivamente; η_h a taxa de recuperação do humano, 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.

3 Número Básico de Reprodução (\mathcal{R}_0)

De acordo com [3] a construção da matriz de próxima geração foi utilizada para estabelecer o \mathcal{R}_0 geral para o sistema (1). Como o ponto de equilíbrio livre da doença existe e o modelo é bem definido, o \mathcal{R}_0 geral é dado por:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{1}{2L}(z_1\mathcal{R}_{02} + z_2\mathcal{R}_{01} + \sqrt{Z}), \quad Z > 0,$$

em que $\mathcal{R}_{0i} = \frac{b^2\beta_h\beta_v\Lambda_i}{\mu_v^2(\eta_h + \mu_h)N_{hi}}$ para $i = 1, 2$; sendo $L = \eta_h + \mu_h + \gamma_1m_{21}^I + \gamma_2m_{12}^I$, $z_1 = \eta_h + \mu_h + \gamma_1m_{21}^I$, $z_2 = \eta_h + \mu_h + \gamma_2m_{12}^I$ e $Z = (z_1\mathcal{R}_{02} - z_2\mathcal{R}_{01})^2 + 4\gamma_1m_{21}^I\gamma_2m_{12}^I\mathcal{R}_{01}\mathcal{R}_{02}$.

4 Conclusão

Os resultados numéricos mostram o impacto da migração humana na dinâmica da doença considerando dois *patches*. O *patch* inicialmente livre da doença passou a ser afetado pela enfermidade. Além disso, se $\mathcal{R}_{01} > 1$ e $\mathcal{R}_{02} < 1$ com $N_{h1} > N_{h2}$ ocorre a propagação da doença, persistindo ao longo do tempo e com maior intensidade se comparado com o cenário de $\mathcal{R}_{01} > 1$ e $\mathcal{R}_{02} < 1$ com $N_{h1} < N_{h2}$, isto devido ao impacto da mobilidade humana entre os *patches* 1 e 2.

Agradecimentos

Agradecemos pelo apoio financeiro da agência de fomento CAPES.

Referências

- [1] N. T. J. Bailey. *The mathematical theory of infectious diseases*, Griffin, London, 1975.
- [2] S. Bowong, Y. Dumont and J. J. Tewa. A patchy model for Chikungunya-like diseases, *Biomath*, volume 2, 2013. DOI: 10.11145/j.biomath.2013.07.237.
- [3] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek and M. G. Roberts. The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models, *Journal of the Royal Society Interface*, 7(47):873-885, 2009. DOI: 10.1098/rsif.2009.0386.
- [4] K. Dietz. Transmission and control of arbovirus diseases, *Proceedings of SIMS Conference on Epidemiology*, pages 104-121, 1974.