

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Análise da Dinâmica e Estabilidade do HIV

Micaeli M. Theodoro¹

Licenciatura em Matemática, UNESP, Bauru, SP

Rubens de Figueiredo Camargo²

Departamento de Matemática, UNESP, Bauru, SP

Tiago de Carvalho³

Departamento de Matemática, UNESP, Bauru, SP

O HIV (*Human Immunodeficiency Virus*) é um retrovírus e possui em seu envoltório espículas que encaixam como chave na fechadura em uma célula hospedeira, nesse caso, essa célula é chamada T-CD4 presente no sistema imunológico, na qual é responsável pela ativação das células B, que produzem os anticorpos e das células T-CD8, cuja principal função é a destruição de células infectadas. Ou seja, o HIV ataca uma das principais partículas que auxiliam na defesa de nosso corpo, além disso, ao se fixar na parede celular da T-CD4, o vírus injeta seu genoma viral no citoplasma e por meio da enzima transcriptase reversa, ele se reproduz dentro da célula hospedeira, após isso ocorre a morte celular liberando novos vírus na corrente sanguínea [1].

O que motivou os estudos de sistemas dinâmicos envolvendo a temática, foi o fato do vírus ser um causador da epidemia mundial AIDS, para a qual, até o momento, não temos uma efetiva cura, além disso, o portador do vírus será, em alguns casos, um transmissor em potencial da doença.

Foram estudados modelos tanto da interação do vírus com células do sistema imunológico, como o estudo populacional na relação de pessoas infectadas e suscetíveis.

Iremos apresentar apenas o primeiro caso no modelo proposto por [2].

Em todos os modelos apresentados na monografia em [2] temos presente três populações: a das células T-CD4 não infectadas, a das células T-CD4 infectadas e a de vírus livres. Essas três populações serão representadas, respectivamente, pelas variáveis T , T^* e V .

O modelo proposto é dado por:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dT}{dt} = s + pT - d_T T - kVT \\ \frac{dT^*}{dt} = kVT - \delta T^* \\ \frac{dV}{dt} = N\delta T^* - cV. \end{array} \right. \quad (1)$$

¹micaelitheodoro@gmail.com

²rubens@fc.unesp.br

³tcarvalho@fc.unesp.br

Utilizando o software Mathematica e os parâmetros contidos em [2], com os valores $c = 2,4; \delta = 0,24; d_t = 0,02; k = 2,4 \times 10^5; N = 1000; p = 0,03; s = 10$. Os pontos de equilíbrio são $P_0 = (-1000, 0, 0)$, o qual iremos desconsiderar, pois não existem populações negativas, e $P_* = (100, 45.8333, 4583.33)$ em que iremos analisar. Analisando a jacobiana no ponto P_* obtemos os autovalores: $\lambda_1 = -2,64938$, $\lambda_2 = -0,0453096 + 0,147858i$ e $\lambda_3 = -0,0453096 - 0,147858i$.

Como todos autovalores têm parte real negativa o ponto é localmente assintoticamente estável nesse caso.

Os autoespaços gerados são uma reta por λ_1 e um plano contendo um foco estável por λ_2 e λ_3 .

Tomando o autovetor $v_0 = (0,000941404, -0,00103909, 0,999999)$ associado ao autovalor puramente real, $v_1 = (-0,0105609, 0,0196192, 1,99967)$ e $v_2 = (0,0285519, 0,00123195, 0)$ associados aos autovalores complexos, supomos que o retrato de fase nas proximidades do ponto de equilíbrio seja como na Figura (1).

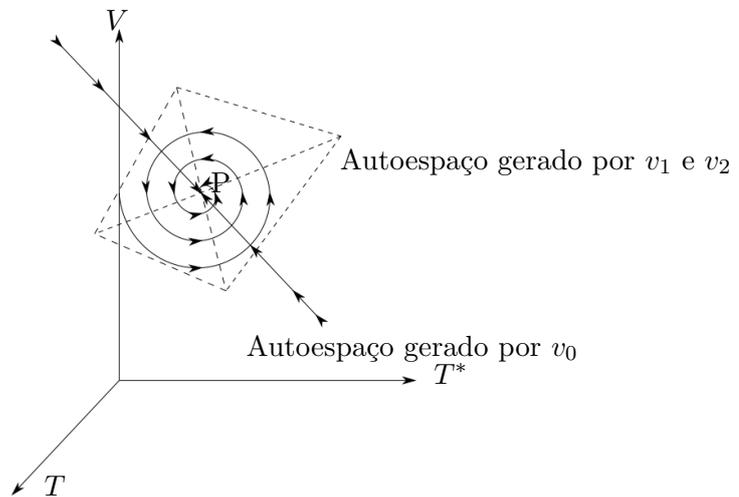


Figura 1: Possível retrato de fase do sistema (1)

Referências

- [1] G.I. Poli e H.M. Yang. Modelo Matemático aplicado para Imunologia de HIV. *TEMA*, 7:327-335, 2006.
- [2] L.B. Silva, Estudo dos pontos de equilíbrio em modelos determinísticos da dinâmica do HIV. Monografia, USP, 2005.