

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Efeitos da distribuição espacial de infectados em doenças propagadas por vetores

Fernanda M. M. Pereira¹Pedro H. T. Schimit²Programa de Pós-graduação em Informática e Gestão do Conhecimento, PPGI
Universidade Nove de Julho, UNINOVE, São Paulo, SP

A epidemiologia matemática tem sido usada para simular, analisar e prever o comportamento de doenças propagadas por vetores, como a dengue e a febre amarela, pois essas doenças representam um grande problema de saúde pública [1,2]. O objetivo desse trabalho é avaliar a diferença na velocidade de propagação de uma doença com um único sorotipo transmitida pela picada de um vetor, para quatro distribuições iniciais de vetores e indivíduos infectados. Esse é o caso da dengue para uma população que só tem um sorotipo da doença, da febre amarela ou da *chikungunya*. A razão desse estudo é que os focos de vetores espalhados no espaço influenciam na dinâmica de dispersão dessas doenças [2].

O modelo usado neste trabalho, conforme mostrado em [4], baseia-se em Autômato Celular (AC) para representar as populações de humanos e vetores, em duas camadas separadas. O autômato celular simula o contato entre humanos e vetores bem como a transição de estados, resultantes dessa interação, nos indivíduos. Cada célula representa um indivíduo, e uma célula da camada de humanos tem contato com 100 células da camada de vetores, por isso os tamanhos dos reticulados são $200 \times 200 = 40000$ para a camada de humanos e $2000 \times 2000 = 4000000$ para a camada de vetores. Os estados possíveis para os humanos são: S_h , que representa os indivíduos suscetíveis à doença, I_h são os infectados e R_h os recuperados. Para os vetores, consideramos os suscetíveis S_v , infectados I_v e a célula vazia V_v , dado o curto tempo de vida do vetor. A interação entre as camadas do AC ocorre da seguinte maneira: cada vez que um S_h entra em contato com um vetor I_v há uma probabilidade de picada e infecção do humano de $PP = 0,1$, e cada vez que um vetor S_v entra em contato com um humano I_h , a mesma probabilidade de picada e infecção do vetor. O indivíduo S_h pode se curar da doença, indo para R_h com probabilidade $PC = 0,5$, morrer pela doença com probabilidade $PD = 0,1$, e ainda pode morrer por causas naturais com probabilidade $PD = 0,1$, sendo que nesses dois últimos casos nasce um indivíduo S_h no lugar, mantendo a população de humanos constante. Para os vetores, um indivíduo S_v ou I_v morre com probabilidade $PDV = 0,1$ e uma célula V_v se torna S_v com probabilidade $PNN = 0,1$. Os vetores não têm população constante, porém o reticulado é fixo. Cada humano se move 3 vezes dentro de um raio 3 pelo reticulado, de acordo com [4].

¹fernanda.moran@uninove.edu.br²schimit@uni9.pro.br

Cada simulação tem 200 passos de tempo, com as condições iniciais: $S_h(0) = 99,5\%$, $I_h(0) = 0,5\%$, $R_h(0) = 0$, $S_v(0) = 10\%$, $I_v(0) = 0,1\%$, $V_v(0) = 89,9\%$. Humanos e vetores são homogeneamente espalhados pelo reticulado no começo das simulações, exceto os humanos e vetores infectados, que são inicialmente distribuídos da seguinte maneira: a) D1: homogeneamente espalhados; b) D2: concentrados num quadrado centralizado de lado 20; c) D3: concentrados num quadrado centralizado de lado 40; d) D4: concentrados em 1 quadrado de lado 20 em cada um dos 4 quadrantes do reticulado. Para se caracterizar a intensidade da transmissão de uma doença, foi utilizado o parâmetro de R_0 , calculado a partir de equações diferenciais ordinárias segundo [2], [4]. Para $R_0 < 1$, a doença é naturalmente eliminada da população, enquanto que para $R_0 > 1$, tem-se um estado endêmico [2, 4].

As primeiras análises mostram que há um pico nos instantes iniciais para R_{0D1} e R_{0D4} , que são as distribuições mais espalhadas e que tem um maior valor de pico de infectados (0,077 para D1 e 0,038 para D4) do que as outras distribuições (0,005 para D2 e 0,014 para D3). Além disso, R_{0D1} e R_{0D4} chegam antes ao valor de equilíbrio do que R_{0D2} e R_{0D3} , sendo que o valor de equilíbrio é o mesmo para as quatro distribuições quando o sistema atinge seu regime permanente. Espera-se testar outras distribuições de infectados, além de comparar a evolução temporal de outras variáveis do modelo. A separação dos vetores em machos e fêmeas também poderá ser considerada, visto que as fêmeas são as únicas que podem transmitir o vírus aos humanos.

Agradecimentos

P.H.T.S tem suporte para pesquisa da FAPESP (#2017/12671-8) e do CNPq (#303743/2016-6 e #402874/2016-1).

Referências

- [1] B. M. Althouse, J. Lessler, A. A. Sall, M. Diallo, K. M. Hanley, D. M. Watts, D. A. T. Cummings, Synchrony of Sylvatic Dengue Isolations: A Multi-Host, Multi-Vector SIR Model of Dengue Virus Transmission in Senegal. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 6 (11): 1 – 11, 2012.
- [2] G. Chowell, P. Diaz-Duenãs, J. C. Miller, A. Alcazar-Velazco, J. M. Hyman, P. W. Fenimore, e C. Castillo-Chavez, C. Estimation of the reproduction number of dengue fever from spatial epidemic data. *Mathematical Biosciences*, 208(2):571–589, 2007.
- [3] S. Darlington, D. G. McNeil Jr. Yellow Fever Circles Brazil's Huge Cities, *Global Health The New York Times*, 2018. Disponível em <https://www.nytimes.com/2018/03/05/health/brazil-yellow-fever.html>.
- [4] F. M. M. Pereira e P. H. T. Schimit, Dengue fever spreading based on two layers probabilistic cellular automata, *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 499:75–87, 2018.