

**Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics**

---

# Modelos Epidemiológicos para a *Yersinia pestis* e Aplicação no Surto de Peste de Madagascar

Marina Lima<sup>1</sup>

Departamento de Matemática Aplicada, IMECC, UNICAMP, Campinas, SP, Brasil

Daniel Cardoso<sup>2</sup>

Instituto de Física, IF, UFBA, Salvador, BA, Brasil

Guilherme Contesini<sup>3</sup>

Departamento de Física, FFCLRP, USP, Ribeirão Preto, SP, Brasil

Fernanda Costa<sup>4</sup>

Departamento de Doenças Tropicais, IB, UNICAMP, Campinas, SP, Brasil

Egydio Pacheco Neto<sup>5</sup>

Departamento de Ciências Biomédicas, ICB, USP, São Paulo, SP, Brasil

## 1 Introdução

Desde agosto de 2018, autoridades de saúde de Madagascar informaram 105 casos de peste humana, dos quais 91 casos foram identificados como peste bubônica e 14 como pneumônica [3]. A peste é uma doença infecciosa, causada pela bactéria *Yersinia pestis*, encontrada em roedores, principalmente ratos. As pulgas servem, tipicamente, como o vetor de transmissão da peste. As três maiores pandemias causadas pela peste datam do século VI, no Mediterrâneo (Peste Justiniana); século XIV, na Europa (Peste Negra), que durou mais de 300 anos; e século XIX, na China [4]. Existem três tipos de peste: bubônica, septicêmica e pneumônica, as quais diferem entre si pela forma de transmissão e pela severidade com que ataca o ser humano.

Na literatura, encontramos diversos modelos que descrevem a dinâmica de transmissão da peste de uma forma totalmente dependente da população de ratos, os quais são hospedeiros das pulgas que, por sua vez, são vetores da *Y. pestis*. Entretanto, esse tipo de modelagem não é capaz de explicar como ocorreram surtos de pestes em cidades com temperaturas baixas, as quais possuem uma população reduzida de ratos [2].

Dessa forma, propusemos um modelo em que, além da transmissão da peste utilizando o rato como hospedeiro e a pulga como vetor, considera também a transmissão entre

---

<sup>1</sup>marina@ime.unicamp.br

<sup>2</sup>danielcpjorge98@gmail.com

<sup>3</sup>gcontesini@usp.br

<sup>4</sup>fernandalpcosta@gmail.com

<sup>5</sup>egydio.neto@usp.br

humanos (via aérea) e o caso em que a pulga pica o humano (transmissão direta humano-pulga). Então, para os humanos, o modelo é SEIR (Suscetível - Exposto - Infectado - Resistente), para as pulgas é SI (Suscetível - Infectado) e para os Ratos é SIR (Suscetível - Infectado - Resistente), cuja dinâmica é apresentada na Figura 1, em que os parâmetros são relacionados com as taxas de crescimento dos indivíduos e com a dinâmica epidemiológica.

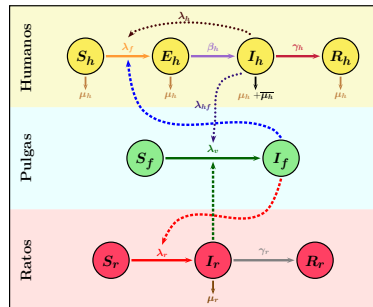


Figura 1: Esquema do modelo proposto para a transmissão da peste.

## 2 Conclusões

Fizemos simulações com um modelo sem a transmissão humano-humano e pulga-humano e comparamos os resultados obtidos com os do modelo construído a partir do esquema da Figura 1, o qual considera todos os tipos de transmissão. Como parâmetros de simulação, utilizamos os dados de [1] e [2]. O modelo proposto neste trabalho é eficaz para explicar os casos de peste em regiões de clima frio, o que não ocorre quando utilizamos o modelo sem a transmissão humano-humano e pulga-humano. Embora Madagascar seja uma região de clima quente, o nosso modelo ajusta os dados de forma satisfatória e pode ser utilizado como ferramenta para o estudo da doença em diversas regiões, independentemente das condições climáticas das mesmas.

## Referências

- [1] K. R. Dean, Modeling plague transmission in Medieval European cities, Thesis for the degree of Master of Science, University of Oslo, 2015.
- [2] K. R. Dean, F. Krauer, L. Walloe, O. C. Lingjaerde, B. Bramanti, N. C. Stenseth and B. V. Schmid. Human ectoparasites and spread of plague in Europe during the Second Pandemic, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115:1304–1309, 2018.
- [3] PRO/AH/EDR Plague - Madagascar - ProMED-mail, [promed@promedmail.org](mailto:promed@promedmail.org). Acesso em 13 de março de 2019.
- [4] N. C. Stenseth, B. B. Atshabar, M. Begon, S. R. Belmain and E. Bertherat. Plague: past, present, and future, *PLoS medicine*, 5:9–13, 2008.