

Análises Algébricas e Numéricas para um Modelo de Transmissão de Dois Sorotipos de Dengue

Thomas N. Vilches* **Cláudia P. Ferreira**

Depto Bioestatística, IBB, UNESP,

18618-970, Botucatu, SP

E-mail: thomas_vilches@ibb.unesp.br, pio@ibb.unesp.br,

RESUMO

A dengue é uma doença transmitida através de um vetor, sendo o mosquito *Aedes aegypti* o principal deles. No Brasil já existem os quatro sorotipos, e somos responsáveis por 60% dos casos de Dengue no mundo, e 80% na América do Sul. Sabe-se que existem quatro sorotipos de dengue circulantes e que a infecção por qualquer tipo de sorotipo produz imunidade permanente a este, e apenas temporária aos outros. Portanto, em média seis meses após a primeira infecção o indivíduo pode adquirir um novo sorotipo. A detecção de co-circulação é normalmente feita através do isolamento do vírus, o que é muito difícil. Assim não há informação real sobre a reação cruzada (imunidade cruzada ou super-infecção), tornando um dos objetivos deste trabalho, estudar a influência da infecção primária na infecção secundária ([1]). Para isso propõe-se um modelo teórico que descreve a dinâmica da doença onde se considera a população humana, a população de vetor e dois sorotipos circulantes, e estuda-se através de uma abordagem analítica e numérica quais as condições necessárias para permanência ou desaparecimento de um determinado sorotipo e a coexistência de dois sorotipos. Para tanto foi proposto a divisão da população humana e do vetor nas seguintes classes: sejam S os indivíduos suscetíveis, I_1 os indivíduos infectados pelo primeiro sorotipo do vetor, I_2 os infectados pelo segundo sorotipo do vetor, R_1 os recuperados do primeiro tipo da doença, R_2 os recuperados do segundo tipo da doença, I_{12} os indivíduos que se recuperaram do primeiro sorotipo de vírus e se infectaram com o segundo, I_{21} os indivíduos que se recuperaram do segundo sorotipo de vírus e se infectaram com o primeiro, e R são os indivíduos que se recuperaram dos dois sorotipos do vírus. Na população de vetor V_S , V_{I1} e V_{I2} são os vetores suscetíveis, infectados pelo primeiro sorotipo e infectados pelo segundo sorotipo, respectivamente. O modelo compartimental proposto é apresentado na Figura 1.

*FAPESP processo n°:2013/01552-7, FAPESP TEMÁTICO 2009/15098-0.

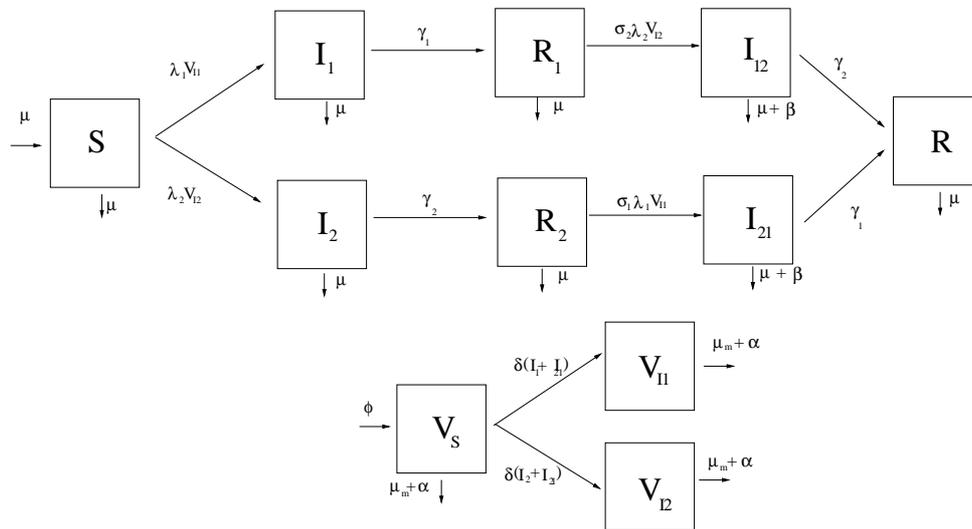


Figura 1: Diagrama de compartimentos para o modelo proposto.

Os indivíduos suscetíveis são infectados a uma taxa λ_1 e λ_2 pelos sorotipos de vírus um e dois, respectivamente; os infectados de cada sorotipo se recuperam a taxas γ_1 e γ_2 , formando assim os compartimentos R_1 e R_2 . Estes podem ser infectados pelo outro sorotipo de vírus, sendo que a primeira infecção pode ou não facilitar a segunda infecção, parâmetro σ . Estes infectados secundários se recuperam às taxas γ_1 e γ_2 , formando assim o compartimento R . O parâmetro β , nas classes I_{12} e I_{21} , corresponde à taxa de mortalidade adicional causada pela doença. Os parâmetros relacionados ao vetor são ϕ que é uma taxa de reposição, δ_1 e δ_2 que são as taxas de infecção dos mosquitos suscetíveis, μ_m que é a mortalidade do vetor e por fim α que é o parâmetro relacionado às tentativas de controle da população de mosquitos, como por exemplo a fiscalização de residências e comércios. Assim, para o modelo, serão apresentados os pontos de equilíbrio e as análises de estabilidade destes com base nos polinômios característicos da Matriz Jacobiana do sistema de equações diferenciais proposto, bem como no número reprodutivo basal do modelo [4]. Ao fim também serão mostradas as séries temporais da dinâmica de transmissão para diferentes casos epidêmicos, levando em conta diferentes conjuntos de parâmetros [3], e os diagramas de bifurcação relativos a coexistência e exclusão dos diferentes sorotipos.

Palavras-chave: Modelagem Matemática, Epidemiologia, Vetor de Transmissão

Referências

- [1] L. Esteva, C. Vargas, Coexistence of different serotypes of dengue virus, *Journal of Mathematical Biology* 46(1): 31-47, 2003.
- [2] G. Chowell, P. Diaz-Duenas, J.C. Miller, A. Alcazar-Velazco, J.M. Hyman, P.W. Fenimore, C. Castillo-Chavez, Estimation of the reproduction number of dengue fever from spatial epidemic data, *Mathematical Biosciences* 208: 571-589, 2007.
- [3] S.T.R. Pinho, C.P. Ferreira, L. Esteva, F.R. Barreto, V.C. Morato e Silva e M.G.L. Teixeira, Modeling the dynamics of dengue real epidemics. *Philosophical Transactions - Royal Society. Mathematical, Physical and Engineering Sciences* 368: 1-15, 2010.
- [4] T.N. Vilches, C.P. Ferreira, "Um modelo para a dengue com influência sazonal", *Tendências em Matemática Aplicada e Computacional* 14(3), 2013.