

# Modelagem Matemática da Propagação da Chikungunya

Néder Soares Felipe<sup>1</sup>, Graciele P. Silveira<sup>2</sup>

PPGECE, UFSCar, Sorocaba, SP

A doença Chikungunya (CHIKV), uma afecção viral veiculada pela picada de mosquitos fêmeas infectadas pertencentes ao gênero *Aedes*, tem suscitado inquietações devido aos crescentes índices de incidência. Seus sintomas, que abarcam febre elevada, cefaleia retro ocular, fadiga prolongada, dores articulares agudas e edemas nas articulações, remontam à sua denominação que significa “aqueles que se dobram” e alude à postura dos pacientes na primeira epidemia documentada, na Tanzânia entre 1952 e 1953. Esta patologia acomete um vasto contingente populacional, especialmente em zonas tropicais e subtropicais. No Brasil, os últimos dados epidemiológicos delineiam um panorama preocupante, consignando um total de 111.280 casos presumíveis da doença até 28 de março de 2024, segundo os relatórios emitidos pelo Ministério da Saúde [3]. A par disso, o registro de 42 óbitos confirmados e 71 em fase de averiguação ressalta a severidade deste agravo.

A CHIKV representa um desafio significativo para as autoridades de saúde e a comunidade em geral. Análises recentes sugerem subnotificação dos casos, especialmente devido à semelhança de sintomas com a dengue, indicando que os números reais podem ser muito maiores. A ausência de uma vacina disponível destaca a importância de estudos adicionais para uma melhor compreensão da doença e para a adoção de estratégias eficazes de controle.

A modelagem matemática pode beneficiar essa necessidade [2], uma vez que é eficiente para abordar problemas epidemiológicos, oferecendo ferramentas poderosas para analisar, interpretar e prever a propagação de doenças. A construção de modelos permite simular cenários complexos, considerando fatores como taxas de transmissão, características da população, padrões de contato e eficácia de intervenções de saúde. Esses modelos possibilitam explorar diferentes estratégias de controle, avaliar o impacto de medidas preventivas, antecipar a evolução de epidemias e, ao integrar dados empíricos com métodos matemáticos, é possível obter estimativas mais precisas sobre a carga da doença, identificar grupos de risco e direcionar recursos de forma mais eficiente.

O modelo SIR é comumente utilizado em epidemiologia; este divide a população em três compartimentos distintos: Suscetíveis (S), Infectados (I) e Recuperados ou Removidos (R) [1]. Essa abordagem viabiliza uma análise detalhada da propagação da doença ao longo do tempo, considerando as interações dinâmicas entre os indivíduos e os estágios da infecção. Ao acoplar o modelo SIR a um modelo populacional do mosquito vetor da doença, torna-se exequível compreender não apenas a dinâmica de transmissão da doença entre os seres humanos, mas também o papel crucial do vetor na disseminação do vírus, oferecendo uma perspectiva abrangente para avaliar estratégias de controle e prevenção da CHIKV, simular cenários epidemiológicos e orientar medidas de saúde pública de forma mais eficaz.

O resultado do acoplamento de ambos os modelos é dado por:  $S$  - Pessoas suscetíveis à doença,  $I$  - Pessoas Infectadas,  $R$  - Pessoas Recuperadas ou removidas,  $A$  - Mosquitos na fase aquática,  $L$  - Fêmeas na fase alada,  $C$  - Fêmeas adultas contaminadas com o vírus;  $\phi$  - Oviposição,  $\psi$  - Capacidade de suporte do meio,  $\theta$  - Taxa de transmissão da doença (mosquito para pessoa),  $\varepsilon$  - Taxa de transmissão da doença (pessoa para mosquito),  $\lambda$  - Taxa de recuperação da doença

---

<sup>1</sup>nedersoaresfelipe@gmail.com

<sup>2</sup>graciele@ufscar.br

(tornando-se imune),  $\gamma$  - Taxa de passagem da fase aquática para a fase alada,  $\mu$  - Taxas de mortalidade,  $\alpha$  - Controle mecânico. Assim:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\theta SC \\ \frac{dI}{dt} = \theta SC - (\lambda + \mu_I)I \\ \frac{dR}{dt} = \lambda I + \mu_I I \\ \frac{dA}{dt} = \phi \left(1 - \frac{A}{\psi}\right) (L + C) - (\gamma + \mu_A + \alpha_A)A \\ \frac{dL}{dt} = \gamma A - \varepsilon LI - (\mu_L + \alpha_L)L \\ \frac{dC}{dt} = \varepsilon LI - (\mu_C + \alpha_C)C \end{cases} \quad (1)$$

Implementações computacionais em linguagem Python estão sendo executadas e a Figura 1 mostra uma curva obtida para a população humana de intectados, levando-se em conta os dados no Ministério da Saúde, que são computados considerando semanas epidemiológicas.

Uma pesquisa acadêmica, bem como uma análise criteriosa de dados governamentais, estão em andamento para determinar os parâmetros que caracterizam a situação atual no Brasil, visando retratar com precisão a propagação da doença na presente conjuntura. Após a devida calibração, o enfoque principal estará na aplicação do modelo para projetar os efeitos das estratégias de controle mecânico, em diferentes estágios do ciclo de vida do mosquito. Essas projeções permitirão sugerir direcionamentos de recursos para controlar a disseminação do vetor, constituindo-se numa abordagem alternativa, que pode auxiliar na mitigação do impacto da doença na comunidade local.



Figura 1: Resultados gerados pelo modelo para CHIKV. Fonte: O Autor.

## Referências

- [1] N. Bacaer e et al. **Matemática e Epidemias**. 1a. ed. Paris: Cassini, 2021. ISBN: 979-10-396-2030-7.
- [2] R. C. Bassanezi. **Ensino-Aprendizagem com Modelagem Matemática**. 3a. ed. Campinas: Contexto, 2002. ISBN: 85-7244-207-3.
- [3] Brasil. **Painel de Monitoramento das Arboviroses**. Online. Acessado em 28/03/2024, <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/c/chikungunya>.