

Controle de Arboviroses por Meio do Método Wolbachia: Uma Modelagem Matemática do *Aedes aegypti*

Jônatas R. de L. Eduardo¹

DEELT/CEFET-RJ, Rio de Janeiro, RJ

Roberto C. A. Thomé²

DEMAT/CEFET-RJ, Rio de Janeiro, RJ

Originalmente restrito às florestas da África subsaariana, o *Aedes aegypti* adaptou-se ao ambiente urbano, expandindo significativamente sua distribuição para regiões tropicais e subtropicais. Dessa forma, o mosquito passou a ser um vetor fundamental na transmissão de doenças como dengue, chikungunya, zika e febre amarela, representando, assim, uma ameaça global à saúde pública [3].

Diante desse cenário, as estratégias convencionais de controle, baseadas na redução da população de mosquitos ou na diminuição da transmissibilidade viral, têm-se mostrado insuficientes para conter a propagação e os surtos dessas arboviroses [1]. Com isso, investiga-se a introdução de mosquitos infectados com a bactéria *Wolbachia*, que, embora não esteja presente nativamente no *Aedes aegypti*, inibe a transmissão de vírus como os da dengue, zika e chikungunya, demonstrando um potencial promissor para o controle dessas doenças [2].

Este trabalho teve como objetivo desenvolver e analisar um modelo matemático da dinâmica populacional do mosquito *Aedes aegypti*, incorporando uma intervenção biológica por meio da bactéria *Wolbachia*. Diferentemente dos modelos estudados anteriormente, o presente trabalho foi concebido para capturar detalhadamente as quatro fases do ciclo de vida do mosquito – ovo, larva, pupa e adulto – utilizando compartimentos específicos para cada estágio. Assim, para a população selvagem, utiliza-se a notação $E(t)$ para ovos, $L(t)$ para larvas, $P(t)$ para pupas, $I(t)$ para fêmeas imaturas, $F(t)$ para fêmeas fertilizadas e $M(t)$ para machos adultos. Para a população infectada com *Wolbachia*, as variáveis correspondentes receberam o subscrito w para diferenciá-las. O modelo também incorporou o fenômeno da incompatibilidade citoplasmática (IC), um efeito reprodutivo mediado pela *Wolbachia*, no qual machos infectados cruzando com fêmeas não infectadas resultam em ovos inviáveis. Como as fêmeas infectadas podem gerar descendentes viáveis independentemente do status de infecção do macho, esse mecanismo favorece a disseminação da bactéria na população ao longo das gerações, impactando diretamente a dinâmica populacional tanto da população infectada quanto da selvagem [2].

A modelagem é regida por parâmetros que incluem taxas de mortalidade (μ para mosquitos selvagens e d para os infectados), taxas de transição entre fases (γ para os selvagens e σ para os infectados) e taxas de oviposição (φ para os selvagens e φ_w para os infectados). Além disso, as proporções de fêmeas que atingem a fase adulta (r para os selvagens e r_w para os infectados) e as taxas de acasalamento (β) desempenham papéis essenciais na dinâmica reprodutiva das populações. No presente modelo, as taxas de acasalamento são diferenciadas conforme os pares reprodutivos: β_1 corresponde ao acasalamento entre fêmeas e machos; β_0 refere-se ao acasalamento entre machos infectados e fêmeas não infectadas, combinação que gera incompatibilidade citoplasmática e resulta em ovos inviáveis; β_2 representa o acasalamento entre machos não infectados e fêmeas infectadas; e

¹jonatas.eduardo@aluno.cefet-rj.br

²roberto.thome@cefet-rj.br

β_3 corresponde ao acasalamento entre fêmeas e machos infectados, combinação que gera descendência viável. O modelo também incorpora taxas de liberação (α) que simulam a introdução artificial de indivíduos infectados com *Wolbachia* em diferentes estágios do ciclo de vida e um parâmetro para representar a capacidade do meio ambiente (C).

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{E} = \varphi \left(1 - \frac{E + E_w}{C} \right) F - (\gamma_L + \mu_E) E \\ \dot{E}_w = \alpha_E + \varphi_w \left(1 - \frac{E + E_w}{C} \right) F_w - (\gamma_{L_w} + \mu_{E_w}) E_w \\ \dot{L} = \gamma_L E - (\gamma_P + \mu_L) L \\ \dot{L}_w = \gamma_{L_w} E_w - (\gamma_{P_w} + \mu_{L_w}) L_w \\ \dot{P} = \gamma_P L - (\gamma + \mu_P) P \\ \dot{P}_w = \gamma_{P_w} L_w - (\gamma_w + \mu_{P_w}) P_w \\ \dot{I} = r\gamma P - \frac{\beta_1 M I}{M + M_w} - \frac{\beta_0 M_w I}{M + M_w} - \mu_I I \\ \dot{I}_w = \alpha_I + r_w \gamma_w P_w - \frac{\beta_2 M I_w}{M + M_w} - \frac{\beta_3 M_w I_w}{M + M_w} - \mu_{I_w} I_w \\ \dot{F} = \frac{\beta_1 M I}{M + M_w} - \mu_F F \\ \dot{F}_w = \alpha_F + \frac{\beta_2 M I_w}{M + M_w} + \frac{\beta_3 M_w I_w}{M + M_w} - \mu_{F_w} F_w \\ \dot{M} = (1 - r)\gamma P - \mu_M M \\ \dot{M}_w = \alpha_M + (1 - r_w)\gamma_w P_w - \mu_{M_w} M_w \end{array} \right. \quad (1)$$

Neste trabalho, implementamos computacionalmente o modelo para simulações numéricas, empregando principalmente o método de Runge-Kutta na resolução das equações diferenciais que descrevem a dinâmica populacional do *Aedes aegypti*. As simulações foram conduzidas no MATLAB, explorando diferentes cenários de introdução da bactéria. Além disso, foi realizada uma análise de sensibilidade, variando os parâmetros do modelo para identificar os de maior influência. Também foram calculados os pontos de equilíbrio do sistema para compreender sua evolução a longo prazo. Por fim, os resultados foram comparados com dados da literatura, permitindo avaliar a eficácia do método e contribuir para estratégias de controle mais eficientes.

Referências

- [1] G. Y. Alpízar. “Mathematical modeling of the interaction between wild and Wolbachia-infected *Aedes Aegypti* mosquitoes”. Tese de doutorado. Unicamp, 2020.
- [2] L. E. S. Lopes. “Modelagem matemática da competição entre mosquitos *Aedes aegypti* selvagens e infectados pela bactéria *Wolbachia* sob o efeito da temperatura”. Dissertação de mestrado. USP, 2022.
- [3] J. R. Powell e W. J. Tabachnick. “History of domestication and spread of *Aedes aegypti* - A Review”. Em: **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz** (2013). Aceito. DOI: 10.1590/0074-0276130395.