

Modelagem Matemática e Computacional da Incidência de Dengue em Botucatu-SP

Thomas N. Vilches¹, Cláudia P. Ferreira²
 IBB-UNESP, Botucatu, SP

A dengue é uma arbovirose transmitida pelo mosquito *Aedes aegypti* cujo agente etiológico é o vírus da família *Flaviviridae*. A infecção pode ser causada por quatro diferentes sorotipos de vírus (DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4), e indivíduos recuperados tem imunidade permanente ao vírus homólogo, e temporária ao vírus heterólogo, de maneira que reinfecções são observadas [2]. Todas as faixas etárias são igualmente suscetíveis à doença, porém idosos e pessoas com doenças crônicas, como diabetes e hipertensão arterial, têm maior risco de evoluir para casos graves e complicações que podem levar ao óbito [1].

Em 2024, uma incidência grande da doença foi registrada, porém um importante passo foi dado, pois o Brasil iniciou a vacinação contra a dengue. A estratégia de vacinação foi definida em um esquema vacinal de duas doses para um público alvo crianças de 10 a 14 anos, e a vacina atenuada é composta pelos quatro sorotipos circulantes e deve auxiliar significativamente na redução das infecções no país [4]. Ao final da oitava semana epidemiológica, o ano de 2025 apresentou uma diminuição de casos em comparação com o ano de 2024 (134 mil casos em 2025 contra 198 mil de 2024). Neste trabalho apresentamos um modelo de equações de diferença para simular a transmissão de diferentes sorotipos dengue com foco na cidade de Botucatu. No ano de 2024, mais de 16 mil casos foram contabilizados, sendo este número quase dez vezes maior que a incidência acumulada dos dez anos anteriores.

Assim, utilizou-se o Modelo 1 de equações de diferença que considera, respectivamente, os compartimentos de suscetíveis, expostos a um sorotipo j , infecciosos com sorotipo j , recuperados do sorotipo j , suscetíveis exceto ao sorotipo j , expostos a um sorotipo j por uma infecção secundária (reinfecção), infecciosos com um sorotipo j em uma infecção secundária, e recuperados. O modelo considera que indivíduos se infectam, no máximo, duas vezes por sorotipos heterólogos.

$$\begin{aligned}
 S^{t+1} &= S^t e^{-\sum_i \lambda_i - \mu} + B \\
 E_j^{t+1} &= S^t (1 - e^{-\lambda_j}) + E_j^t e^{-(\eta + \mu)} \\
 I_j^{t+1} &= S^t (1 - e^{-\eta}) + I_j^t e^{-(\gamma + \mu)} \\
 R_j^{t+1} &= I_j^t (1 - e^{-\gamma}) + R_j^t e^{-(\epsilon + \mu)} \\
 S_j^{t+1} &= R_j^t (1 - e^{-\epsilon}) + S_j^t e^{-\xi \sum_{i, i \neq j} \lambda_i - \mu} \\
 E_{j2}^{t+1} &= \sum_{i, i \neq j} S_i^t (1 - e^{-\xi \lambda_j}) + E_{j2}^t e^{-(\eta + \mu)} \\
 I_{j2}^{t+1} &= E_{j2}^t (1 - e^{-\eta}) + I_{j2}^t e^{-(\gamma + \mu)} \\
 R^{t+1} &= \sum_i I_{i2}^t (1 - e^{-\gamma}) + R^t e^{-\mu}
 \end{aligned} \tag{1}$$

¹thomas.vilches@unesp.br

²claudia.pio@unesp.br

As taxas μ , η , ϵ , γ são, respectivamente, as taxas de mortalidade da população, a taxa com que um indivíduo deixa de ser latente e se torna infeccioso, taxa com que indivíduos perdem imunidade cruzada da infecção primária, e a taxa de recuperação. O parâmetro ξ representa a influência da infecção primária na força de infecção da infecção secundária. $\xi < 1$ representa imunidade cruzada, $\xi > 1$ representa um reforço (aumento) na força de infecção, e $\xi = 1$ não tem efeito.

A força de infecção é dada pela Equação 2, que considera um estado de equilíbrio para o vetor de transmissão (estado *quasi-estacionário*). Os parâmetros β_h , β_m e μ_m representam, respectivamente, a taxa de transmissão dos vetores para os humanos, a taxa de transmissão dos humanos para os vetores, e a mortalidade do vetor.

$$\lambda_j = \beta_h \times \frac{\beta_v(I_j + I_{j2})}{\mu_m + \beta_v \sum_i^4 (I_i + I_{i2})} \quad (2)$$

Um algoritmo genético foi utilizado para ajustar os parâmetros β_h , β_v e a condição inicial do número de infecciosos com o primeiro sorotipo, dado que era o sorotipo circulante em 2024 em Botucatu-SP (Figura 1). Por ser um período curto de simulação (seis meses), o recrutamento (B) e mortalidade natural (μ) foram consideradas nulas, por simplicidade. Outros parâmetros, como período de latência de infeccioso, foram retirados de informações do Ministério da Saúde [3]. O modelo será utilizado para simular o espalhamento de nova cepa do vírus em Botucatu-SP no ano de 2025, considerando os parâmetros ajustados.

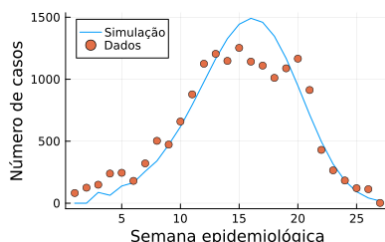


Figura 1: Resultado do ajuste do modelo aos dados de notificações de dengue em 2024 por semana epidemiológica em Botucatu. Fonte: elaborado pelo autor.

Referências

- [1] Ministério da Saúde. **Dengue**. Online. Acessado em 27/05/2023, <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/d/dengue>.
- [2] P. C. G. Nunes, R. P. Daumas, J. C. Sánchez-Arcila, R. M. R. Nogueira, M. A. P. Horta e F. B. Dos Santos. “30 years of fatal dengue cases in Brazil: a review”. Em: **BMC public health** 19.1 (2019), pp. 1–11. DOI: 10.1186/s12889-019-6641-4.
- [3] FUNASA - Fundação Nacional de Saúde. **Guia de vigilância epidemiológica da dengue**. Online. Acessado em 06/05/2025, https://www.funasa.gov.br/site/wp-content/uploads/2010/01/dengue_%20guia_vig_epid.pdf.
- [4] Secretaria Municipal da Saúde - São Paulo. **Estratégia de Vacinação contra a Dengue**. Online. Acessado em 15/02/2025, https://capital.sp.gov.br/web/saude/w/vigilancia_em_saude/vacinacao/363984.