

Estudo do modelo SIR com imunidade cruzada

Dérek B. Prates* **Caio Luiz T. F. Jardim** **Letícia A. F. Ferreira**

Instituto de Ciência, Engenharia e Tecnologia, ICET, UFVJM,
39301-000, Teófilo Otoni, MG

E-mail: derekbomfim@hotmail.com, caiodt4@hotmail.com, lettyali@hotmail.com,

Jaqueline M. da Silva

Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri- Instituto de Ciência, Engenharia e Tecnologia, ICET, UFVJM,
39301-000, Campus Mucuri, Teófilo Otoni, MG

E-mail: jaqueline.silva@ufvjm.edu.br.

RESUMO

A modelagem matemática é uma ferramenta fundamental para análise, interpretação e descrição de fenômenos que acontecem na natureza. O estudo das epidemias, por exemplo, é feito através de modelos compartimentais, muitas vezes baseados em equações diferenciais, onde há uma análise dos aspectos epidemiológicos que facilitam a compreensão da dinâmica de epidemias em populações. Doenças como a Peste Bubônica, Gripe Espanhola e Malária, com altas taxas de mortalidade e morbidade, dizimaram populações, limitando o crescimento demográfico e tornando-se um enorme problema de saúde pública.

O modelo SIR é uma das várias ferramentas matemáticas para a análise quantitativa e qualitativa das epidemias. Ele foi proposto por Kermack e McKendrick, em 1927, e sugere a divisão de uma população em três classes: suscetíveis, infectados e recuperados. Tal modelo é baseado em um sistema de equações diferenciais que representam a variação temporal destas classes.

Neste trabalho tal modelo será utilizado em uma população variante no tempo onde há co-circulação de duas epidemias com variantes hipotéticos. Será abordada também a chamada imunidade cruzada, que é a possibilidade de um organismo, já infectado com uma das variantes, adquirir certa resistência a outra. Admitindo, por simplicidade, que não há contaminação simultânea das duas variantes por um indivíduo, as equações que descrevem o modelo SIR (Castillo-Chavez, 1989) nesta situação são:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dX}{dt} = -[\beta_1(Y_1 + V_1) + \beta_2(Y_2 + V_2)]X + \mu - \mu X \\ \frac{dY_i}{dt} = \beta_i(Y_i + V_i)X - (\gamma_i + \mu)Y_i \\ \frac{dZ_i}{dt} = \gamma_i Y_i - (\sigma_j \beta_j (Y_j + V_j) + \mu)Z_i \\ \frac{dV_i}{dt} = \sigma_i \beta_i (Y_i + V_i)Z_j - (\gamma_i + \mu)V_i \\ \frac{dW}{dt} = \gamma_1 V_1 + \gamma_2 V_2 - \mu W \end{array} \right. \quad (1)$$

Cada equação representa uma fração de classe da população, e denotando as epidemias como sendo causadas pelas variantes 1 ou 2, têm-se que $X(t)$ representa os suscetíveis a ambas as doenças; $Y(t)$ representa os infectados pela variante i e ainda suscetíveis é variante j ; $Z(t)$ representa os recuperados

*bolsista de Iniciação Científica PIBIC/CNPq

pela variante i ; $V(t)$ representa os infectados pela variante i ; mas que já foram infectados pela j ; e $W(t)$, que denota os recuperados de ambas as doenças. Presume-se inicialmente uma população de $N = 102$ indivíduos que varia no decorrer de 30 semanas. Para a obtenção dos dados utilizou-se o método numérico de Runge-Kutta implementado por um algoritmo computacional baseado na linguagem C/C++. Os gráficos foram obtidos fazendo uso da plataforma Origim. O sistema de equações apresenta quatro pontos de equilíbrio: o trivial não-endêmico, $P_1 = (1, 0, 0, 0, 0, 0, 0)$; $P_2 = (\frac{1}{R_1}, \frac{\mu}{\gamma_1 - \mu}(1 - \frac{1}{R_1}), \frac{\gamma_1}{\gamma_1 + \mu}(1 - \frac{1}{R_1}), 0, 0, 0, 0)$, relativo ao domínio endêmico da variante 1; $P_3 = (\frac{1}{R_2}, 0, 0, \frac{\mu}{\gamma_2 - \mu}(1 - \frac{1}{R_2}), \frac{\gamma_2}{\gamma_2 + \mu}(1 - \frac{1}{R_2}), 0, 0)$, seu simétrico relativo a variante 2; e P_4 . Os detalhes (como condições de existência) e o último ponto foram omitidos e podem ser encontrados em (Dietz, 1975). Foram utilizados os valores $\beta_1 = 0,8$; $\beta_2 = 0,9$; $\sigma_1 = 0,9$; $\sigma_2 = 0,4$; $\mu = 0,00004$; $\gamma_1 = 0,33$; $\gamma_2 = 0,33$ (Castillo-Chavez, 1989), para a obtenção dos seguintes resultados:

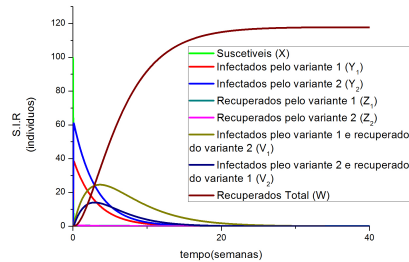


Figura 1: Variação SIR para os dois subtipos ao longo do tempo.



Figura 2: Variação do subtipo 1 e 2 ao longo do tempo

Nas Figuras 1, 2 e 3 observa-se que a população de indivíduos suscetíveis $X(t)$ tem um comportamento de decaimento exponencial tendendo a zero ao longo do tempo, a população de indivíduos infectados, por somente um subtipo viral $Y_i(t)$, apresentam comportamento parabólico atingindo um número máximo de $c_1 = 38,50$ e $c_2 = 62,80$ para a variante viral 1 e 2, respectivamente, os indivíduos recuperados total apresentam um crescimento exponencial ao longo do tempo. O comportamento das classes de indivíduos que já foram infectados por um variante viral $V_i(t)$ apresentam um comportamento similar ao da população de indivíduos que foram infectados pela primeira vez. Observa-se porém, que devido a imunidade cruzada μ adquirida por estes indivíduos o número máximo de indivíduos infectados $s_1 = 24,45$ e $s_2 = 14,07$ para o subtipo viral 1 e 2, respectivamente, é menor em comparação ao do primeiro contato. As classes de indivíduos recuperados por somente um variante $Z_i(t)$ apresentam crescimento mínimo devido as altas taxas de contágio β . O modelo SIR apresenta-se como uma boa alternativa para o estudo epidemiológico por representar bem diversos aspectos da epidemia apresentando resultados biologicamente aceitáveis.

Palavras-chave: SIR, imunidade cruzada, epidemia.

Referências

- [1] C, Castillo-Chavez., H, W. Hethcote., V, Andreasen., S, A. Levin., W, M. Liu. (1989), Epidemiological models with age structure, proportionate mixing, and cross-immunity, J. Math. Bioi. (1989) 27: 233-258, USA.
- [2] Dietz, K.: Transmission and control of arbovirus diseases. In: Cooke, K. L. (ed.) Epidemiology, pp. 104-121. Philadelphia: Society for Industrial and Applied Mathematics (1975)