

## MODELAGEM MATEMÁTICA DA FEBRE AMARELA: UM MODELO COM INTERAÇÃO ENTRE OS CICLOS URBANO-SILVESTRE

LISANDRA PITOL<sup>1</sup>; LUCIANA ROSSATO PIOVESAN<sup>2</sup>; DANIELA BUSKE<sup>3</sup>; ALEXANDRE SACCO DE ATHAYDE<sup>4</sup>; FERNANDA TUMELERO<sup>5</sup>; GLÊNIO AGUIAR GONÇALVES<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas – lisandrapitol@gmail.com

<sup>2</sup> Universidade Federal de Pelotas – lurpiovesan@gmail.com

<sup>3</sup> Universidade Federal de Pelotas – danielabuske@gmail.com

<sup>4</sup> Universidade Federal de Pelotas – alexandre.athayde.ufpel@gmail.com

<sup>5</sup> Universidade Federal de Pelotas – fernanda.tumelero@yahoo.com.br

<sup>6</sup> Universidade Federal de Pelotas – gleniogoncalves@yahoo.com.br

### 1. INTRODUÇÃO

Desde a antiguidade a população humana foi marcada pelo surgimento de doenças em diferentes épocas, sendo que muitas delas foram responsáveis por diminuir drasticamente o número de indivíduos, como foi o caso da peste negra e da varíola, por exemplo. Porém o ser humano nunca ficou inerte perante estes acontecimentos e sempre buscou conhecer as causas, criar medidas de controle e até mesmo a cura e erradicação destas doenças. A ciência que se ocupa em estudar as doenças infecciosas é chamada de epidemiologia, palavra que tem sua origem dos termos gregos: *ept* (sobre), *demo* (povo) e *logos* (estudo) (MARTCHEVA, 2015). Trata-se, portanto, do estudo sobre as populações, e normalmente leva em conta métodos quantitativos para estudar as doenças que atingem a sociedade, utilizando-se deste conhecimento como base para a adoção de medidas e de programas de prevenção e controle (BONITA; BEAGLEHOLE; KJELLSTRÖM, 2008).

Diante deste cenário, a matemática torna-se uma aliada no estudo da propagação de doenças, através da formulação de modelos matemáticos capazes de descrever o comportamento destas patologias na população. Assim, o presente trabalho tem como objetivo estudar e avaliar um modelo epidemiológico desenvolvido por ESTEVA; VARGAS; YANG (2019) para a doença da Febre Amarela (FA), para uma posterior adaptação do mesmo.

A FA é uma doença hemorrágica transmitida por vetores, neste caso os mosquitos, sendo os principais o *Aedes aegypti*, o *Haemagogus* e o *Sabethes*. Participam dos ciclos de transmissão da doença os macacos (ciclo silvestre) e os humanos (ciclo urbano). Atualmente, a doença está restrita ao ciclo silvestre e o ser humano acaba tornando-se hospedeiro acidental ao contrair a doença. Normalmente, a doença se desenvolve de forma leve, porém, de acordo com a OPAS/OMS (s.d.), cerca de 15% a 25% desenvolvem uma forma mais grave. Vale ressaltar que não há um medicamento específico para tratar a FA, há apenas a vacinação como medida de prevenção.

### 2. METODOLOGIA

Nesta sessão será feita uma revisão de um modelo matemático com migração proposto por ESTEVA; VARGAS; YANG (2019), a fim de conhecê-lo e avaliar suas potencialidades. No modelo, as populações nos quais o vírus da FA circula foram separadas em três diferentes ciclos: Ciclo epidêmico florestal, onde o vírus circula exclusivamente entre macacos e mosquitos *Haemagogus*; Ciclo epidêmico entre

humanos na região de floresta, onde ocorre a propagação da FA entre os mosquitos *Haemagogus* e os humanos migrantes (aqui, entende-se por humano migrante todo aquele indivíduo que por algum motivo, precisa se deslocar das cidades para a área de mata, onde permanece por algum tempo, até retornar); e Ciclo urbano, que retrata uma possível epidemia de Febre Amarela Urbana sustentada pelos humanos migrantes, que regressaram da região de mata, com possibilidade de infecção de mosquitos *Aedes aegypti*.

Em cada ciclo as populações de humanos e macacos foram divididas em três compartimentos distintos, suscetíveis ( $s$ ), infectados ( $i$ ) e recuperados ( $z$ ). Já as populações de mosquitos, foram divididas em suscetíveis ( $M$ ) e infectados ( $y$ ), uma vez que não há tempo hábil para que um mosquito se recupere da doença devido ao seu curto período de vida. Além disso, as populações totais de humanos e de macacos são denotadas por  $N$  e as de mosquitos por  $V$ . Para diferenciar as populações em cada ciclo, foram usados caracteres subscritos. Dessa maneira, os índices  $w$ ,  $m$  e  $u$  serão usados para indicar o ciclo florestal, ciclo epidêmico entre humanos na região de mata e ciclo urbano, respectivamente. Além disso, o caractere subscrito  $h$  indicará o total de humanos, sendo portanto, a soma dos que residem na área urbana, com os que precisam se deslocar para a região de mata.

A dinâmica da FA presente na interação entre cada um dos ciclos epidêmicos, pode ser descrita através de um sistema de equações diferenciais ordinárias. Assim, o conjunto de equações que modela o ciclo epidêmico florestal é:

$$\begin{aligned} s'_w &= \mu_w - \beta_w s_w y_w - \mu_w s_w \\ i'_w &= \beta_w s_w y_w - \gamma_w i_w - \mu_w i_w \\ z'_w &= 1 - s_w - i_w \end{aligned} \quad (1)$$

$$y'_w = \alpha_w (1 - y_w) i_w + \alpha_m (1 - y_w) i_m - v_w y_w$$

O ciclo epidêmico entre humanos na região de floresta é dado por:

$$\begin{aligned} s'_m &= \delta s_u - \beta_m s_m y_w - \epsilon s_m - \mu_u s_m \\ i'_m &= \beta_m s_m y_w - \gamma_u i_m - \epsilon i_m - \mu_u i_m \\ z'_m &= 1 - s_m - i_m - N_u/N_h \end{aligned} \quad (2)$$

E o ciclo urbano, por sua vez, é dado pelas seguintes equações:

$$\begin{aligned} s'_u &= \mu_u - \beta_u s_u y_u - \mu_u s_u - \delta s_u + \epsilon s_m \\ i'_u &= \beta_u s_u y_u - \gamma_u i_u - \mu_u i_u + \epsilon i_m \\ z'_u &= 1 - s_u - i_u - N_m/N_h \\ y'_u &= \alpha_u (1 - y_u) i_u - v_u y_u \end{aligned} \quad (3)$$

Vale ressaltar que os conjuntos de equações acima encontram-se normalizados, ou seja,  $N = 1$ . Ainda, tem-se que:  $N_w = s_w + i_w + z_w$ ,  $N_m = s_m + i_m + z_m$ ,  $N_u = s_u + i_u + z_u$ ,  $N_h = N_m + N_u$ ,  $V_w = M_w + y_w$  e  $V_u = M_u + y_u$ . E os coeficientes de infecção  $\alpha$  e  $\beta$  são dados por:

$$\begin{aligned} \beta_w &= b_w \bar{\beta}_w \frac{V_w}{N_w + N_m} & \alpha_w &= b_w \bar{\alpha}_w \frac{N_w}{N_w + N_m} \\ \beta_m &= b_w \bar{\beta}_m \frac{V_w}{N_w + N_m} & \alpha_m &= b_w \bar{\alpha}_m \frac{N_h}{N_w + N_m} \\ \beta_u &= b_u \bar{\beta}_u \frac{V_u}{N_u - N_m} & \alpha_u &= b_u \bar{\alpha}_u \frac{N_h}{N_u - N_m} \end{aligned} \quad (4)$$

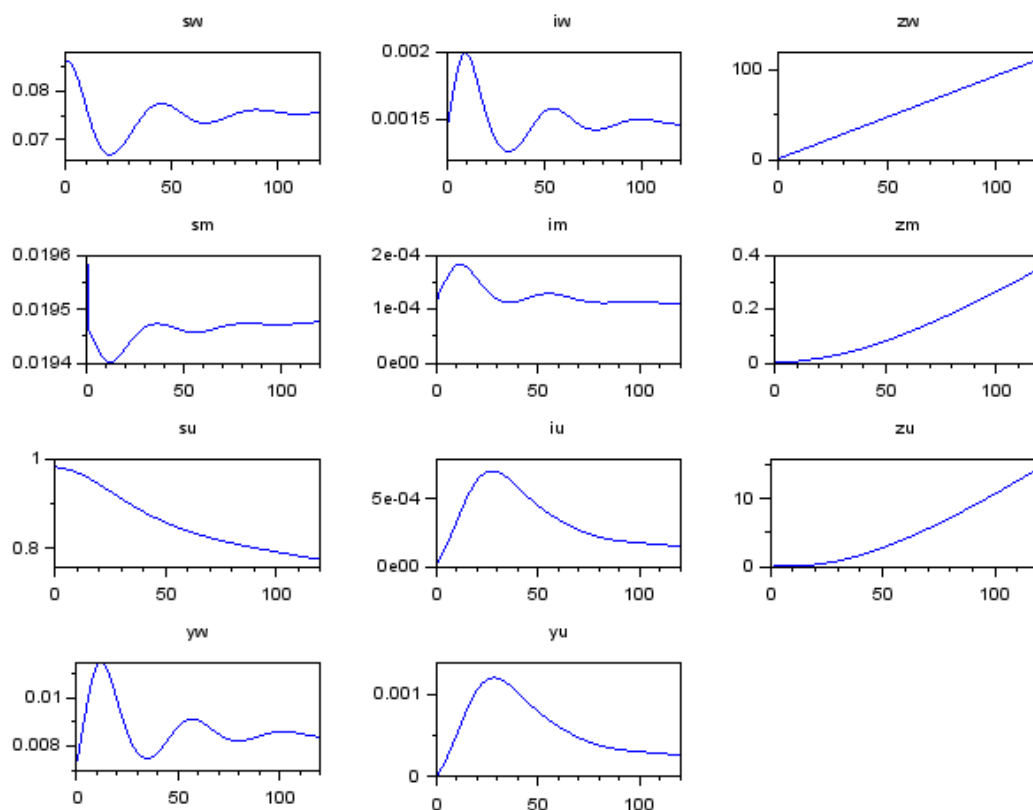
Os parâmetros utilizados acima para descrever a dinâmica da FA são:  $\mu$  (taxa de mortalidade das populações),  $v$  (taxa de mortalidade dos mosquitos),  $\gamma$  (taxa de recuperação das populações),  $b$  (taxa de picada dos mosquitos),  $\delta$  (porcentagem de humanos que se deslocam para a floresta),  $\epsilon$  (porcentagem de humanos que retornam para a cidade),  $\bar{\beta}$  (coeficiente de transmissão dos mosquitos para os suscetíveis),  $\bar{\alpha}$  (coeficiente de transmissão das populações infectadas para os mosquitos).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Através do estudo das variáveis do modelo, foram calculados o ponto de equilíbrio livre da doença (que é caracterizado pela ausência da circulação da doença nas populações) e os números de reprodução básico para cada ciclo (estes são responsáveis por medir a intensidade da propagação da doença).

Também foram estudados três casos distintos: quando a FA está circulando somente na região de mata, quando a FA está circulando apenas na área urbana e quando a FA está presente em ambas as regiões. Para delimitar o problema de estudo, considerou-se que inicialmente a população da área urbana encontrava-se livre da FA e que havia circulação da doença somente na região de mata. Assim, através da implementação e da resolução do sistema de equações (1), (2) e (3) via método de Runge-Kutta (ordem 4) no software *Scilab*, foi possível obter gráficos que ilustram o comportamento da doença nestas condições.

Figura 1: Gráficos do comportamento das populações que participam do ciclo da FA



Fonte: autoral

Ao analisar os gráficos, é possível constatar que o comportamento apresentado em cada uma das imagens condiz com a realidade. Os compartimentos dos indivíduos (humanos e macacos) suscetíveis iniciam em seu ponto máximo e, em seguida, ocorre um decaimento, ao contrário do que ocorre nos compartimentos de infectados, onde há um aumento no número logo no início do período de tempo. Isto ocorre pois os indivíduos suscetíveis e, portanto, saudáveis, acabam contraindo a FA e assim passam a fazer parte do compartimento dos infectados. Uma vez no compartimento dos infectados, ao se recuperarem, eles passam a integrar

o grupo dos recuperados, o que explica a diminuição seguida pela estabilidade nos compartimentos de infectados e o aumento contínuo nos compartimentos de recuperados.

Quanto aos mosquitos infectados, é possível constatar que ocorre um comportamento semelhante àquele observado nas demais populações infectadas. Inicialmente ocorre uma elevação no número desses mosquitos e, com o passar do tempo, este número tende a se estabilizar. Isto ocorre pois há uma quantidade elevada de mosquitos capazes de transmitir o vírus, havendo um consequente aumento no número de infectados, sejam eles macacos ou humanos. Quando boa parte dos possíveis hospedeiros da doença já foram infectados, as populações de mosquitos tendem a estabilizar.

#### 4. CONCLUSÕES

Ao se ter um modelo matemático consistente, além de compreender como a doença se espalha em determinada população, também é possível ter indicadores de como ela irá se comportar com o passar do tempo, através da análise de diferentes cenários (em alguns casos, hipotéticos). Dessa forma, é possível criar condições de se adotar medidas de prevenção e contenção antecipadamente, como a vacinação, evitando agravamentos e descontrole da doença, por exemplo.

Diante do exposto, foi possível estudar o modelo matemático que descreve a dinâmica da propagação da FA em diferentes ciclos de transmissão e avaliar suas inconsistências e potencialidades. Constatou-se que os resultados obtidos mediante a simulação numérica condizem com aqueles apresentados na literatura, assim como com o comportamento esperado pelas populações durante uma epidemia. A medida de prevenção dada pela vacinação não foi considerada neste modelo, mas ela pode ser considerada na dinâmica do problema, o que possibilitaria avaliar os impactos de uma população vacinada em contato com o vírus da FA. Este estudo será feito posteriormente.

Dessa forma, estudar modelos matemáticos que descrevem esta doença torna-se bastante importante, uma vez que através das simulações computacionais, é possível estudar o comportamento e o curso que um possível surto de Febre Amarela pode tomar.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BONITA, R.; BEAGLEHOLE, R.; KJELLSTRÖM, T. **Epidemiología básica**: Segunda edición. Washington, D.C: Organización Panamericana de la Salud, 2008. Tradução para o espanhol da reimpressão corrigida da segunda edição em inglês, 2008.

ESTEVA, L.; VARGAS, C.; YANG, H. M. A model for yellow fever with migration. **Computational and Mathematical Methods**, v.1, n.6, p.13, 2019.

MARTCHEVA, M. **An Introduction to Mathematical Epidemiology**. New York: Springer New York, 2015.

Organização Pan-americana da Saúde (OPAS/OMS). **Febre amarela**. Acessado em 04 ago. 2022. Online. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/node/40>.