

Resumo

Este artigo propõe um modelo SIR para o Ebola Virus Disease(EVD) usando derivados conformáveis. Descrevemos todas as maneiras possíveis de transmissão da doença, direta e indireta.

Introdução

O Ebola Virus Disease (EVD) , anteriormente conhecido como febre hemorrágica Ébola, é uma doença grave e fatal causada pela infecção com uma das espécies do vírus do Ébola. O Ébola pode provocar doenças humanos e primatas não-humanos (macacos, gorilas e chimpanzés). O Ébola é provocado por um vírus da família Filoviridae, género Ebolavirus. Já foram descobertas cinco espécies do vírus do Ébola. Quatro delas provocam doenças nos humanos: Vírus do Ébola (Zaire ebolavirus); vírus do Sudão (Sudan ebolavirus); vírus da floresta Tai (Tai Forest ebolavirus, anteriormente conhecido por Cote d'Ivoire ebolavirus); e vírus Bundibugyo (Bundibugyo ebolavirus). A quinta espécie, o vírus Reston (Reston ebolavirus), provocou doenças em primatas não-humanos, mas não em humanos. Os vírus Ébola estão presentes em vários países africanos. O Ébola foi descoberto em 1976 perto do rio Ébola no território que pertence actualmente à República Democrática do Congo. Desde então, ocorrem surtos esporádicos em África. Ainda se desconhece o reservatório hospedeiro natural dos vírus Ébola. Contudo, com base em provas e na natureza de vírus semelhantes, os investigadores acreditam que o vírus é veiculado por animais e que os morcegos são os hospedeiros mais prováveis. Quatro das cinco subespécies surgem em animais hospedeiros originários de África.

A partir desse panorama, julgamos pertinente modelar os casos de Ébola causados pela infecção do vírus Ébola. O objetivo do modelo proposto é descrever a dinâmica de incidência da população da África que apresentam Ébola.

Revisão da literatura

Segundo a *mathematical model of Ebola virus disease in Africa* [2] a principal fonte para iniciar a doença foi "animal", em tal maneira que quando um homem caçava por comida, seu contato acontecia com animais infectados (como macacos, chimpanzés e morcegos frugívoros, etc.). A observação mencionada acima permitiu para afirmarmos que o contato indireto pode ser uma das razões para a propagação da doença. Má higiene e sanitária condições são também uma das razões para a propagação do Vírus Ebola na África. Um modelo do tipo SIR (suscetível-infectado-recuperado) para o estudo da propagação do Ebola Virus Disease (EVD) é desenvolvido usando derivados conformáveis. Todas as maneiras possíveis de transmissão da doença é incorporada (direta ou indireta), como práticas funerárias, consumo de carne de caça contaminada e a contaminação ambiental, etc. Descobrimos que a única situação livre de doença é a ausência de fluxo da doença do vírus Ebola do ambiente. Também observamos que, ao adotar algumas estratégias, como o isolamento de infectados indivíduos e enterro cuidadoso de cadáveres, a propagação de EVD pode ser controlada. Estudando o Artigo, percebemos que a persistência e recorrência de EVD na África é devido a :

1. Consumo de carne de caça contaminada.
2. As cerimônias fúnebres.
3. Poluente ambiental.
4. Vômito, leite materno e urina, etc (Transmissão Direta).
5. Objetos como roupas contaminadas etc (transmissão indireta).

Segundo o artigo de *Mathematical model of Ebola transmission dynamics with relapse and reinfection* [1] a epidemia de Ebola ceifou a vida de mais de 11.300 pessoas e infectou mais de 28.500. A doença causou devastação sobre as famílias, comunidades e ao sistema econômico de saúde dos 3 países mais afetados (Guiné, Libéria e Serra Leone).

A recuperação de EVD requer tanto humoral quanto imunidade mediada por células, e há variabilidade na reação imunológica dos indivíduos. Além disso, a variabilidade na imunidade do hospedeiro pode determinar a suscetibilidade do hospedeiro a reinfeção. Entendemos no artigo que a letalidade do caso de EVD variou de 25% a 90% no entanto a média de letalidade foi de 50%, altamente perigoso.

Metodologia

Os modelos matemáticos epidêmicos são de fundamental importância para a análise e compreensão sobre a dinâmica do processo de contágio, nesse caso, de doenças infecciosas, na sociedade. A fim de compreendermos a evolução dos casos de Ébola um modelo matemático compartimental foi usado para estimar o número de casos secundários gerados por um caso índice, na ausência ou presença de medidas de controle.

Formulação do modelo

Iremos modelar a doença do vírus Ebola por um modelo compartimental.

Dito isso, iremos introduzir primeiro os nossos parâmetros com suas descrições do modelo que iremos apresentar.

| Variável | Descrição |
|------------------|--|
| (t) | População de indivíduos suscetíveis |
| $E(t)$ | População de indivíduos expostos |
| I_E | População de indivíduos sintomáticos no estágio inicial de infecção por EBOV |
| I_L | População de indivíduos sintomáticos no estágio final da infecção por EBOV |
| $R_1(t), R_2(t)$ | População de indivíduos recuperados e imunes |
| $D(t)$ | População de indivíduos falecidos por Ebola |

 Modelo matemático da disseminação do vírus Ebola na África

| Parâmetros | Descrição |
|------------|---|
| β | Taxa de contato (transmissão) efetiva |
| Π | Taxa de recrutamento |
| μ | Taxa de mortalidade natural |
| τ | Parâmetros de modificação para infecciosidade |
| ρ | Taxa de reativação de infecção |
| σ | Taxa de progressão de indivíduos sintomáticos |
| α | Taxa de progressão de indivíduos com sintomas iniciais |
| ξ | Taxa de progressão de indivíduos recuperados para a classe imune |
| h | Fração de indivíduos sintomáticos que se recuperaram |
| ϵ | Parâmetros de modificação de reinfecção |
| γ | Taxa de recuperação de indivíduos sintomáticos |
| δ | Taxa de cremação / sepultamento de indivíduos falecidos com Ebola |

Iniciando o modelo.

A nossa população total , $N_H(t)$ no tempo t é dividida em subpopulações mutuamente exclusivas de indivíduos que são suscetíveis($S(t)$), expostos ($E(t)$), indivíduos sintomático no estágio inicial de infecção por EVD ($I_E(t)$), indivíduos sintomático no estágio final da infecção por EVD ($I_L(t)$), se recuperaram e indivíduos imunes ($R_1(t)$, $R_2(t)$) e indivíduos falecidos infectados com Ebola ($D(t)$). De modo a

$$N(t) = S(t) + E(t) + I_E(t) + I_L(t) + R_1(t) + R_2(t) + D(t)$$

$$S(t) = \Pi - \lambda(I_E, I_L, R_1, D)S(t) - \mu S(t)$$

$$E(t) = \lambda(I_E, I_L, D)S(t) + \epsilon\lambda(I_E, I_L, R_1, D)R_1(t) - (\sigma + \mu)E(t),$$

$$I_E(t) = \sigma E(t) - (\alpha + \mu)I_E(t) + \rho R(t),$$

$$I_L(t) = \alpha I_E(t) - (\gamma + \mu)I_L(t),$$

$$R_1(t) = h\gamma I_L(t) - (\rho + \xi + \mu)R_1(t) - \epsilon\lambda(I_E, I_L, R_1, D)R_1(t),$$

$$R_2(t) = \xi R_1(t) - \mu R_2(t),$$

$$D(t) = (1 - h)\gamma I_L(t) - \delta D(t),$$

Onde , $\lambda(I_E, I_L, R_1, D) = \frac{(I_E + I_L + \tau_1 R_1 + \tau_2 D)}{S + E + I_E + I_L + R_1 + R_2 + D}$ é a taxa de infecção da doença.

Modelo matemático da disseminação do vírus Ebola na África

Pode-se vê que incluímos duas classes recuperadas(R_1 e R_2) e assumimos que os indivíduos na classe $R_1(t)$ podem sofrer reinfecção. Além disso, presumimos que esses indivíduos sejam capazes de transmitir o vírus, uma vez que os vírus podem persistir após a recuperação em partes do corpo e podem se espalhar através do sexo ou outros contatos com o sêmen. Já os da classe $R_2(t)$ experimentam imunidade vitalícia.

Referências

- [1] F.B. Augusto (2016) *Mathematical model of Ebola transmission dynamics with relapse and reinfection.*
- [2] Aqsa Nazir , Naveed Ahmed , Umar Khan, Syed Tauseef Mohyud-Din , Kottakaran Sooppy Nisar (2020) *mathematical model of Ebola virus disease in Africa*
- [3] Revista Ciencia Inovação - FAM - V.5, N.1 - JUN - (2020) *principais métodos de diagnóstico e tratamento da doença causada pelo vírus Ebola*
- [4] Camila Soares de Souza (2017) *previsão de surto epidêmico de Ebola abordagens probabilísticas e determinísticas*