Modelación de Chagas considerando interacción entre el ciclo silvestre y doméstico

Manuel Adrian Acuña Zegarra[1]
Daniel Olmos Liceaga[1]
Jorge X. Velasco Hernández[2]

[1]Dpto. de Matemáticas, Universidad de Sonora.
[2]Instituto de Matemáticas, UNAM Campus Juriquilla.

07 de Noviembre de 2016

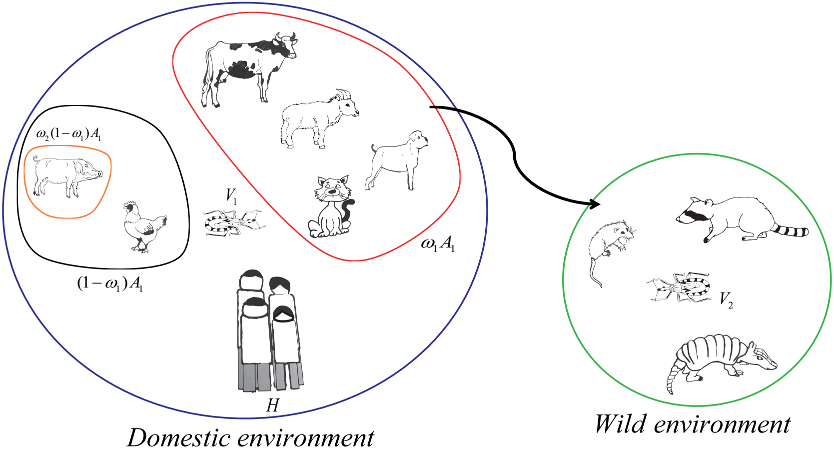


Figure 1: Esquema propuesto para la modelación de la enfermedad de chagas

Antes de llevar acabo el planteamiento del modelo, especificaremos las notaciones que se asignarán a las poblaciones que se utilizarán en el modelo a estudiar.

- En el escenario casa estarán presentes las poblaciones de humanos (H), animales (A_1) y vectores (T_1).
- En el escenario campo estarán presentes las poblaciones de animales (A_2) y vectores (T_2).
- Cada una de las poblaciones tendrán dos estados, susceptibles (X) e infectados (Y).

Hipótesis principales del modelo:

- Entre los animales de casa, se distinguirán dos tipos de animales, los que se pueden mover entre ambos ambientes y quienes se mantienen en casa y son susceptibles a la enfermedad.
- Sólo se considerará tranmisión de la enfermedad a nivel vectorial, es decir, los hospederos (humanos y animales) susceptibles, adquirirán la enfermedad en contacto con un vector infectado.
- Los vectores susceptibles, adquirirán la enfermedad en contacto con un hospedero infectad¿.

Planteamiento:

$$
\begin{aligned}
\dot{X_H} &= \Lambda_H - f_1\left(Y_{T_1}, X_H\right) - \mu_H X_H \\
\dot{Y_H} &= f_1\left(Y_{T_1}, X_H\right) - \mu_H Y_H \\
\dot{Y_{A_1}} &= f_2\left(Y_{T_1}, Y_{T_2}, X_{A_1}\right) - \mu_1 Y_{A_1} \\
\dot{X_{T_1}} &= a_1 T_1 - \theta\left(T_1\right)\frac{X_{T_1}}{T_1} - g_1\left(Y_H, Y_{A_1}, X_{T_1}\right) \\
\dot{Y_{T_1}} &= -\theta\left(T_1\right)\frac{Y_{T_1}}{T_1} + g_1\left(Y_H, Y_{A_1}, X_{T_1}\right) \\
\dot{Y_{A_2}} &= f_3\left(Y_{T_2}, X_{A_2}\right) - \mu_2 Y_{A_2} \\
\dot{X_{T_2}} &= a_2 T_2 - \theta\left(T_2\right)\frac{X_{T_2}}{T_2} - g_2\left(Y_{A_1}, Y_{A_2}, X_{T_2}\right) \\
\dot{Y_{T_2}} &= -\theta\left(T_2\right)\frac{Y_{T_2}}{T_2} + g_2\left(Y_{A_1}, Y_{A_2}, X_{T_2}\right)
\end{aligned}
\tag{1}
$$

donde,

$$\begin{aligned}
\theta\left(T_i\right) &= T_i\left(e_i + \frac{r_i}{K_i}T_i\right)\\
f_1\left(Y_{T_1}, X_H\right) &= \left(z_1\pi_h\right)\left(\frac{Y_{T_1}}{H}\right)X_H\\
f_3\left(Y_{T_2}, X_{A_2}\right) &= \left(\frac{\left(\tilde{z}_2\pi_h\right)Y_{T_2}}{\left(1-\eta_1\right)\omega_1 A_1 + A_2}\right)X_{A_2}
\end{aligned}$$

$$
\begin{aligned}
f_2\left(Y_{T_1}, Y_{T_2}, X_{A_1}\right) &= \left(\frac{\left(\tilde{z}_2\pi_h\right)\left(1-\omega_1\right)\omega_2 X_{A_1} + \left(\tilde{z}_1\pi_h\right)\eta_1\omega_1 X_{A_1}}{\left(1-\omega_1\right)A_1 + \eta_1\omega_1 A_1}\right) Y_{T_1} \\
&\quad + \left(\tilde{z}_1\pi_h\right)\left(\frac{\left(1-\eta_1\right)\omega_1 X_{A_1}}{\left(1-\eta_1\right)\omega_1 A_1 + A_2}\right) Y_{T_2} \\
g_2\left(Y_{A_1}, Y_{A_2}, X_{T_2}\right) &= \left(\frac{\left(\tilde{z}_1\tilde{\pi}_V\right)\left(1-\eta_1\right)\omega_1 Y_{A_1} + \left(\tilde{z}_2\tilde{\pi}_V\right) Y_{A_2}}{\left(1-\eta_1\right)\omega_1 A_1 + A_2}\right) X_{T_2}
\end{aligned}
$$

$$g_1\left(Y_H, Y_{A_1}, X_{T_1}\right) = \left[\left(\frac{z_1\pi_V}{H}\right) Y_H + \left(\frac{\left(\tilde{z}_2\tilde{\pi}_V\right)\left(1-\omega_1\right) + \left(\tilde{z}_1\tilde{\pi}_V\right)\eta_1\omega_1}{\left(1-\omega_1\right)A_1 + \eta_1\omega_1 A_1}\right) Y_{A_1}\right] X_{T_1}$$

Por otro lado, la población total de humanos es

$$\dot{H} = \Lambda_H - \mu_H H$$

Definimos $H_0 = \Lambda_H/\mu_H$. Si $t \to \infty$, entonces $H(t) \to H_0$. Esto nos permite hacer $X_H = H_0 - Y_H$, haciendo la ecuación para X_H en el sistema (1) redundante.

Por lo anterior y luego de adimensionalizar y normalizar el sistema (1), podemos escribir éste como sigue:

$$
\begin{aligned}
I_H' &= \alpha_1 I_{V_1}\left(1 - I_H\right) - \tilde{\mu}_H I_H \\
I_{A_1}' &= \left(\tilde{\alpha}_1 I_{V_1} + \tilde{\alpha}_2 I_{V_2}\right)\left(1 - I_{A_1}\right) - \tilde{\mu}_1 I_{A_1} \\
I_{V_1}' &= \left(\sigma_H I_H + \sigma_1 I_{A_1}\right)\left(V_1 - I_{V_1}\right) - \left(\tilde{e}_1 + V_1\right) I_{V_1} \\
V_1' &= V_1\left(1 - V_1\right) \\
I_{A_2}' &= \alpha_2 I_{V_2}\left(1 - I_{A_2}\right) - \tilde{\mu}_2 I_{A_2} \\
I_{V_2}' &= \left(\tilde{\sigma}_1 I_{A_1} + \tilde{\sigma}_2 I_{A_2}\right)\left(V_2 - I_{V_2}\right) - \left(\tilde{e}_2 + rV_2\right) I_{V_2} \\
V_2' &= rV_2\left(1 - V_2\right)
\end{aligned}
\tag{2}
$$

Siendo,

$$
\Omega = \{(I_H, I_{A_1}, I_{V_1}, V_1, I_{A_2}, I_{V_2}, V_2) :\ 0 \leq I_H, I_{A_i}, V_i \leq 1;\ 0 \leq I_{V_i} \leq V_i\}
$$

la región sobre la cual se hará el respectivo estudio y es invariante positivo.

Puntos de equilibrio

Observamos que el sistema (2) tiene siete puntos de equilibrio en la región Ω, de los cuales cuatro siempre existen

$$
\begin{aligned}
E_{00} &= (0,0,0,0,0,0,0)\\
E_{10} &= (0,0,0,1,0,0,0)\\
E_{01} &= (0,0,0,0,0,0,1)\\
E_{11} &= (0,0,0,1,0,0,1)
\end{aligned}
$$

los otros tres, están sujetos a condiciones sobre el número reproductivo asociado a cada ambiente y al del modelo general.

Dinámica total del sistema:

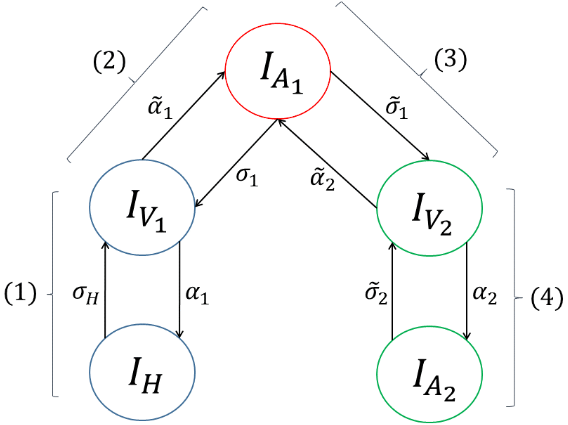
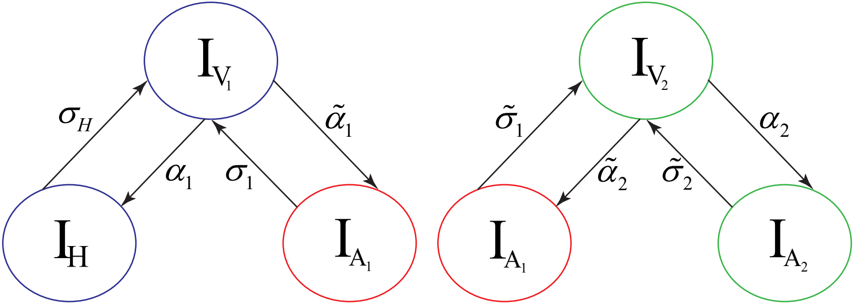


Figure 2: Principales ciclos de infección dados en el sistema (2).

Dinámica aislada de cada uno de los ambientes



(a) Ambiente doméstico (b) Ambiente silvestre

Número reproductivo

Para encontrar el número reproductivo asociado a cada uno de los ambientes y al del modelo general, se procedió a tráves del método de la matriz de la siguiente generación. Con esto se obtuvo lo siguiente:

$$\mathcal{R}_1 = \sqrt{\frac{\sigma_H \alpha_1}{\delta_1 \tilde{\mu}_H} + \frac{\sigma_1 \tilde{\alpha}_1}{\delta_1 \tilde{\mu}_1}} \quad , \quad \mathcal{R}_2 = \sqrt{\frac{\tilde{\sigma}_1 \tilde{\alpha}_2}{\delta_2 \tilde{\mu}_1} + \frac{\tilde{\sigma}_2 \alpha_2}{\delta_2 \tilde{\mu}_2}}$$

donde $\mathcal{R}_i$ es el número reproductivo asociado al ambiente i.

mientras que el asociado al sistema (2) es

$$\mathcal{R}_0 = \sqrt{\left(\frac{\mathcal{R}_1^2 + \mathcal{R}_2^2}{2}\right) + \sqrt{\left(\frac{\mathcal{R}_1^2 - \mathcal{R}_2^2}{2}\right)^2 + \mathcal{R}_{V_1 A_1}^2 \mathcal{R}_{A_1 V_2}^2}}$$

Lema 1

a) *El punto de equilibrio E_{20} existe y es único si y sólo si $\mathcal{R}_1 > 1$.*

b) *El punto de equilibrio E_{02} existe y es único si y sólo si $\mathcal{R}_2 > 1$.*

donde,

$$\begin{aligned} E_{20} &= \left(\frac{\alpha_1 I_{V_1}^*}{\alpha_1 I_{V_1}^* + \tilde{\mu}_H}, \frac{\tilde{\alpha}_1 I_{V_1}^*}{\tilde{\alpha}_1 I_{V_1}^* + \tilde{\mu}_1}, I_{V_1}^*, 1, 0, 0, 0 \right) \\ E_{02} &= \left(0, \frac{\tilde{\alpha}_2 I_{V_2}^*}{\tilde{\alpha}_2 I_{V_2}^* + \tilde{\mu}_1}, 0, 0, \frac{\alpha_2 I_{V_2}^*}{\alpha_2 I_{V_2}^* + \tilde{\mu}_2}, I_{V_2}^*, 1 \right) \end{aligned}$$

Lema 2

a) *Sea* $\mathcal{R}_i < 1$ *para* $i = 1, 2$. *Si* $\mathcal{R}_{V_1 A_1} \mathcal{R}_{A_1 V_2} > 1/2$, *entonces* $\mathcal{R}_0 > 1$.

b) *Si* $\mathcal{R}_i > 1 > \mathcal{R}_j$ *para* $i, j = 1, 2$ *y* $i \neq j$, *entonces* $\mathcal{R}_0 > 1$.

c) *Si* $\mathcal{R}_i > 1$ *para ambos* i, *entonces* $\mathcal{R}_0 > 1$.

Teorema 1

El sistema (2) tiene un único punto de equilibrio (E_{22}) en Ω si y sólo si $\mathcal{R}_0 > 1$.

donde,

$$E_{22} = \left(I_H^*, I_{A_1}^*, I_{V_1}^*, 1, I_{A_2}^*, I_{V_2}^*, 1\right)$$

Teorema 2

Para el sistema (2),

a) *Si* $\mathcal{R}_0 < 1$, *entonces existen cuatro puntos de equilibrio en* Ω.

b) *Sea* $\mathcal{R}_i < 1$ *for* $i = 1, 2$. *Si* $\mathcal{R}_{V_1 A_1} \mathcal{R}_{A_1 V_2} > 1/2$, *entonces existen cinco puntos de equilibrio en* Ω.

c) *Si* $\mathcal{R}_i > 1 > \mathcal{R}_j$ *para* $i, j = 1, 2$ *y* $i \neq j$, *entonces existen seis puntos de equilibrio en* Ω.

d) *Si* $\mathcal{R}_i > 1$ *para ambos* i, *entonces existen siete puntos de equilibrio en* Ω.

Estabilidad de puntos de equilibrio:

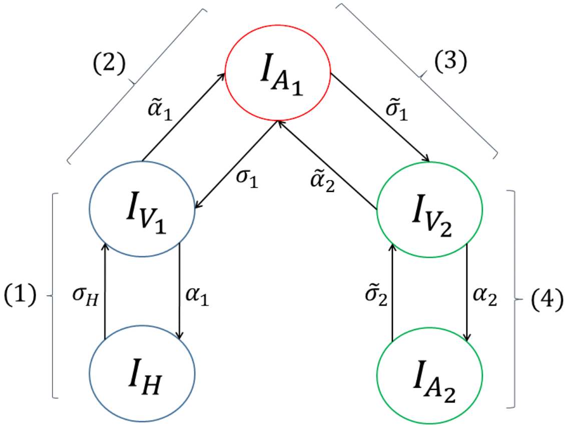


Figure 3: Principales ciclos de infección dados en el sistema (2).

Humanos - Animales domésticos:

$$\begin{aligned} I_H' &= \alpha_1 I_{V_1}\left(1 - I_H\right) - \tilde{\mu}_H I_H \\ I_{V_1}' &= \sigma_H I_H \left(V_1 - I_{V_1}\right) - \left(\tilde{e}_1 + V_1\right) I_{V_1} \\ V_1' &= V_1\left(1 - V_1\right) \end{aligned} \tag{3}$$

Sea,

$$\Gamma^1 \quad = \quad \{(I_H, I_{V_1}, V_1) : \; 0 \leq I_H, V_1 \leq 1; \; ; \; 0 \leq I_{V_1} \leq V_1\}$$

donde Γ^1 es invariante positivo.

El sistema (3) tiene tres puntos de equilibrio, donde $D^1_{000} = (0, 0, 0)$ y $D^1_{001} = (0, 0, 1)$ siempre existen, mientras que el equilibrio endémico

$$D^1 = \left(\frac{\delta_1(\mathcal{R}^2_{HV_1} - 1)}{\delta_1(\mathcal{R}^2_{HV_1} - 1) + \delta_1 + \sigma_H}, \frac{\delta_1 \tilde{\mu}_H(\mathcal{R}^2_{HV_1} - 1)}{\alpha_1(\sigma_H + \delta_1)}, 1 \right)$$

existirá siempre que $\mathcal{R}_{HV_1} > 1$, donde

$$\mathcal{R}_{HV_1} = \sqrt{\frac{\sigma_H \alpha_1}{\delta_1 \tilde{\mu}_H}}$$

Teorema 3

1. *Si* $\mathcal{R}_{HV_1} < 1$, *entonces el punto de equilibrio* D^1_{001} *es globalmente asintóticamente estable en* $\Gamma^1 - \{V_1 = 0\}$.
2. *Si* $\mathcal{R}_{HV_1} > 1$, *entonces el equilibrio* D^1 *es globalmente asintóticamente estable en* Γ^1 *sin el plano* $\{V_1 = 0\}$ *y el eje* V_1.

El estudio de la dinámica de los otros subsistemas es análogo al estudiado.

Si $\mathcal{R}_0 < 1$, por el teorema 2 se sabe que el sistema (2) tiene cuatro puntos de equilibrio, donde E_{00}, E_{10} y E_{01} son puntos sillas, mientras que E_{11} es localmente asintóticamente estable en Ω.

Teorema 4

El punto de equilibrio libre de enfermedad, E_{11}, es globalmente asintóticamente estable en Ω sin los hiperplanos $V_1 = 0$, $V_2 = 0$ y los ejes V_1, V_2, siempre que $\mathcal{R}_0 < 1$

Simulaciones

En esta sección analizaremos, principalmente, los efectos del tiempo de residencia de los animales domésticos en la propagación de la enfermedad.

Para las simulaciones, consideramos como objeto de estudio una comunidad rural (100 viviendas aprox.), para esto asumimos que hay en promedio siete animales y cinco humanos por vivienda, mientras que la población total de animales silvestres será igual a 800.

Table 1: Parameters values for the numerical simulations of system (2). Time units are in days.

Parameters	Value	Source
μ_H	0.000039139	This study
μ_1	0.00045662	This study
μ_2	0.0011	This study
z_1	0.04	[2]
$\tilde{z}_1$	0.1	[2]
$\tilde{z}_2$	0.11	This study
$\tilde{\pi}_h$	0.0009	[1]
π_h	0.0009	[2]
π_V	0.03	[1]
$\tilde{\pi}_V$	0.49	[1]
a_1	0.7714	[3]
a_2	0.7	This study
e_1	0.0067	[3]
e_2	0.007	This study

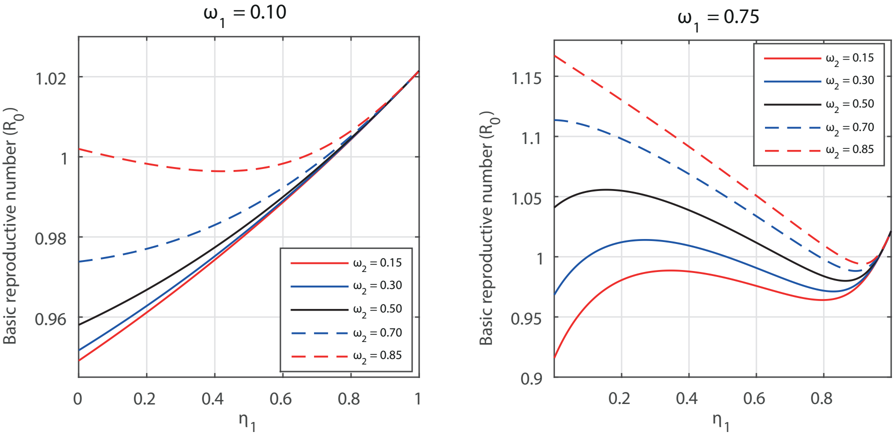


Figure 4: Número reproductivo básico como función de η_1 y distintos pares de ω_1 y ω_2.

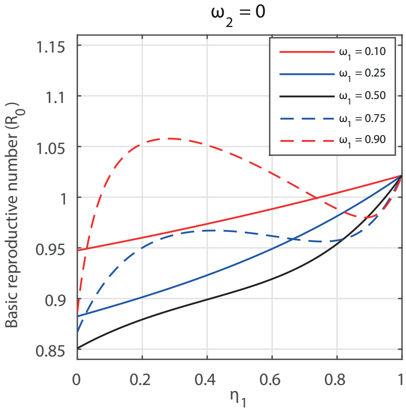


Figure 5: Comportamiento del número reproductivo básico al tener todos los animales que se quedan en casa inmunes a la enfermedad.

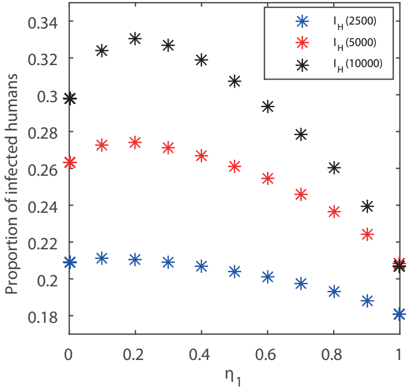


Figure 6: Evolución de la proporción de humanos infectados al variar η_1, luego de fijar $\omega_1 = 0.80$ y $\omega_2 = 0.30$.

[1] Cohen, J. E., and Gürtler, R. E. Modeling household transmission of American trypanosomiasis. *Science 293*, 5530 (jul 2001), 694–698.

[2] Cruz-Pacheco, G., Esteva, L., and Vargas, C. Control measures for Chagas disease. *Math. Biosci. 237*, 1-2 (2012), 49–60.

[3] Rabinovich, J. E. Vital Statistics of Triatominae (Hemiptera : Reduviidae) Under Laboratory Conditions. *J. Med. Entomol. 9*, 4 (1972), 351–370.