



“Modelo Matemático de Superpropagación del Virus Sincitial”

Leydi Melissa Méndez Meneses
coautores: Alejandro Peregrino Pérez
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco
Divión Academica de Ciencias Básicas

ba . png

Introducción

El virus sincitial respiratorio (RSV) (un virus de ARN monocatenario) es un virus respiratorio común que causa enfermedades como infecciones de vías respiratorias, pulmones y oído medio. Esta enfermedad es muy contagiosa y se ha reconocido como una de las principales causas de infecciones agudas de las vías respiratorias inferiores en todo el mundo.

En este cartel se presenta un análisis cualitativo de un modelo para la transmisión del VSR en una población humana constante en la que existen individuos infectados superpropagadores (que infectan a muchas personas durante un solo encuentro).Este se basa en el modelo epidémico SIR (susceptible-infectadorecuperado) agregándole un compartimento formado por individuos expuestos E, así como dos clases de individuos infectados I_r e I_s para crear el modelo SEI_rI_sR, para describir la dinámica de transmisión de esta enfermedad.

Presentación del Modelo

Se propone un modelo dividido en 5 clases: Susceptibles (*S*), Expuestos (*E*), Infeccioso sintomático (*I*), infeccioso asintomático(*A*), Hospitalizados (*H*), Recuperados (*R*) y Fallecidos (*F*).

El modelo se representa mediante el siguiente sistema de ecuaciones ordinarias.

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= bN - \beta S(t)I(t) - \mu S(t) \\ \frac{dE(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \left(\frac{1}{\eta}\right)pE(t) - \left(\frac{1}{\eta}\right)(1-p)E(t) - \mu E(t) \\ \frac{dI_r(t)}{dt} &= \left(\frac{1}{\eta}\right)pE(t) - r_1I_r(t) - \mu I_r(t) \\ \frac{dI_s(t)}{dt} &= \left(\frac{1}{\eta}\right)(1-p)E(t) - r_2I_s(t) - \mu I_s(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= r_1I_r(t) + r_2I_s(t) - \mu R(t) \end{aligned}$$

(1)

Con las premisas siguientes:
b es la tasa de natalidad de la población.
N es el tamaño de la población de estudio.
μ es la tasa de mortalidad de la población.
β es la tasa de transmisión del virus entre humanos.
η es el tiempo de incubación del virus.
p es la probabilidad de que un nuevo caso sea un humano normal infectado.
(1 − p) es la probabilidad de que un nuevo caso sea un humano infectado con superpropagación.
*r*₁ es la tasa de recuperación de infectados normales.
*r*₂ es la tasa de recuperación de humanos infectados con superpropagación.

puntos de equilibrio

puntos de equilibrio libre de la enfermedad

$$\zeta_1^* = (S^*(t), E^{*(t)}, I_r^*(t), I_s^*(t), R^*(t)) \in \psi$$
$$\zeta_1^* = (\frac{bN}{\eta}, 0, 0, 0, 0)$$

(2)

Puntos de Equilibrio Endémicos

$$\begin{aligned} S^*(t) &= (1 + \mu\eta)AC \\ E^{*(t)} &= \eta(-\mu CA + B) \\ I_r^*(t) &= \frac{p(-B + \mu AC)}{R_1 + \mu} \\ I_s^*(t) &= \frac{B(-1 + p)(-1 + \mu AC)}{R_2 + \mu} \\ R^*(t) &= \frac{(-B + \mu AC)(-(-1 + p)r_2\mu + r_1(r_2 + p\mu))}{\mu C} \end{aligned}$$

(3)

donde

$$A = \frac{1}{\beta(r_1 - pr_1 + pr_2 + \mu)}, B = \frac{bN}{1 + \eta}, C = (r_1 + \mu)(r_2 + \mu)$$

Número Reproductivo Básico

Para calcular el número reproductivo básico *R*₀, se hara uso de la matriz de proxima generacion,dada en Van den Driessche. Entonces el modelo se representa como.

$$x' = \mathcal{F}(x, y) - \mathcal{V}(x, y),$$

donde, *ℱ*(*x*) es la matriz de nuevos infecciosos y *ℳ*(*x*) es la matriz de transferencias entre los compartimentos en las ecuaciones infecciosas. Haciendo esto, tenemos;

$$\mathcal{F}(x) = \begin{bmatrix} 0 \\ \beta S(t) - I(t) \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

(4)

y

$$\mathcal{V}(x) = \begin{bmatrix} -bN + \beta S(t)I(t) + \mu S(t) \\ (\frac{1}{\eta})pE(t) + (\frac{1}{\eta})(1-p)E(t) + \mu E(t) \\ -(\frac{1}{\eta})pE(t) + r_1I_r(t) + \mu I_r(t) \\ -(\frac{1}{\eta})E(t) + (\frac{1}{\eta})pE(t) + r_2I_s(t) + \mu I_s \\ -r_1I_r(t) - r_2I_s(t) + \mu R(t) \end{bmatrix}$$

(5)

Ahora evaluamos el jacobiano de *F*(*x*) y *V*(*x*) en el primer punto de equilibrio

$$\zeta_1^* = (\frac{b}{\mu}, 0, 0, 0, 0)$$

(6)

Definimos *R*₀ como el umbral para la estabilidad del equilibrio libre de enfermedad el cual tendrá la forma matricial *R*₀ = ρ(*FV*^{−1}) donde ρ se define como el radio espectral de la matriz de próxima generación *FV*^{−1}. Para nuestro modelo, donde

$$\mathcal{V}(\xi_1)^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\beta I + \mu} & \frac{\beta s[r_1(p-1) - r_2p - \mu]}{(r_1 + \mu)(\beta I + \eta)(r_2 + \mu)(\mu\eta + 1)} & \frac{-\beta S(t)}{(r_1 + \mu)(\beta I + \mu)} & \frac{-\beta S(t)}{(r_2 + \mu)(\beta I + \mu)} & 0 \\ 0 & \frac{\eta}{\mu\eta + 1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{p}{(r_1 + \mu)(\mu\eta)} & \frac{1}{r_1 + \mu} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1-p}{(r_2 + \mu)(\mu\eta + 1)} & 0 & \frac{1}{(r_2 + \mu)} & 0 \\ 0 & \frac{-r_1(r_2 + \mu p) + r_2\mu(p-1)}{\mu(r_1 + \mu)(r_2 + \mu)(\mu\eta + 1)} & \frac{r_1}{\mu(r_1 + \mu)} & \frac{-r_2}{\mu(r_2 + \mu)} & \frac{1}{\mu} \end{bmatrix}$$

(7)

obtenemos

$$R_0 = \rho(FV-1) = \frac{b\beta(r_1 - pr_1 + pr_2 + \mu)}{\mu(r_1 + \mu)(r_2 + \mu)(1 + \mu\eta)}$$

(8)

Estabilidad local

Aplicamos el criterio de Routh-Hurwitz.
Punto de Equilibrio Libre de la Enfermedad
Primero calculamos la matriz jacobiana en el estado estacionario libre de enfermedad

$$J_0 = \begin{bmatrix} -\mu & 0 & -\beta(\frac{b}{\mu}) & -\beta(\frac{b}{\mu}) & 0 \\ 0 & (-\frac{1}{\eta}) - \mu & \beta(\frac{b}{\mu}) & \beta(\frac{b}{\mu}) & 0 \\ 0 & (\frac{1}{\eta})p & (-r_1 - \mu) & 0 & 0 \\ 0 & (\frac{1}{\eta})(1-p) & 0 & (-r_2 - \mu) & 0 \\ 0 & 0 & r_1 & r_2 & -\mu \end{bmatrix}$$

(9)

Los valores propios de *J*₀ se obtienen resolviendo *det*|*J*₀ − λ*I*| = 0.

$$\det|J_0 - \lambda I| = \begin{vmatrix} -\mu - \lambda & 0 & -\beta(\frac{b}{\mu}) & -\beta(\frac{b}{\mu}) & 0 \\ 0 & (-\frac{1}{\eta}) - \mu - \lambda & \beta(\frac{b}{\mu}) & \beta(\frac{b}{\mu}) & 0 \\ 0 & (\frac{p}{\eta}) & -r_1 - \mu - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & (\frac{1-p}{\eta}) & 0 & -r_2 - \mu - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & r_1 & r_2 & -\mu - \lambda \end{vmatrix}$$

De lo anteriores obtenemos el polinomio característico :

$$(\lambda + \mu)^2(\lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3) = 0$$

donde

$$\begin{aligned} a_1 &= \frac{\eta\mu r_1 + \eta\mu r_2 + 3\mu^2\eta + \mu}{\eta\mu} \\ a_2 &= \frac{1}{\eta\mu}(\mu(\eta(2\mu(r_1 + r_2) + 3\mu^2 + r_1r_2) + r_1 + r_2 + 2\mu) - \beta b) \\ a_3 &= \frac{1}{\mu\eta}(\beta b(r_1 + \mu - pr_1 + pr_2) - \mu(1 + \eta\mu)(r_1 + \mu)(r_2 + \mu)) \end{aligned}$$

Bajo el supuesto *b* > *m*, que la tasa de natalidad es mayor que la tasa de mortalidad. De acuerdo a el criterio de Routh-Hurwitz, se deben cumplir las siguientes tres condiciones:

$$a_1 > 0, a_3 > 0, a_1a_2 > a_3$$

Punto de Equilibrio Endemico de la Enfermedad
Calculamos los valores propios

$$(-\mu - \lambda) \begin{vmatrix} -\beta(I_r + I_s) - \mu - \lambda & 0 & -\beta s & -\beta s \\ \beta(I_r + I_s) & (-\frac{1}{\eta}) - \mu - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & (\frac{p}{\eta}) & -r_1 - \mu - \lambda & 0 \\ 0 & (\frac{1-p}{\eta}) & 0 & -r_2 - \mu - \lambda \end{vmatrix}$$

(10)

De lo anteriores obtenemos el polinomio característico :

$$(\lambda + \mu)(\lambda^4 + c_1\lambda^3 + c_2\lambda^2 + c_3\lambda + c_4) = 0$$

donde

$$\begin{aligned} c_1 &= \beta(I_r + I_s) + r_1 + r_2 + 4\mu + \frac{1}{\eta} \\ c_2 &= (\beta(I_r + I_s + \mu)(\frac{1}{\eta} + r_1r_2 + 3\mu)(\frac{r_1}{\eta} + \frac{2\mu}{\eta} + \frac{r_2}{\eta} + 2\mu(r_1 + r_2) + r_1r_2 + 3\mu^2) \\ c_3 &= (\beta(I_r + I_s + \mu)(\frac{r_1}{\eta} + \frac{2\mu}{\eta} + 2r_1\mu + 2r_2\mu + r_1r_2 + 3\mu^2) + ((\frac{1}{\eta} + \mu)(r_1 + \mu)(r_2 + \mu)) + \frac{\beta^2s}{\eta}(I_r + I_s) \\ c_4 &= \beta(I_r + I_s)(\frac{\beta spr_2}{\eta} + \frac{\beta s\mu}{\eta} + \frac{\beta sr_1}{\eta}(1-p)) + \beta(I_r + I_s)(\frac{1}{\eta} + \mu)(r_1 + \mu)(r_2 + \mu) \end{aligned}$$

Los cuatro valores propios (λ⁴ + *c*₁λ³ + *c*₂λ² + *c*₃λ + *c*₄) = 0 tendrán parte real negativa si cumplen los criterios de Routh-Hurwitz. para *R*₀ ≥ 1 si se cumplen las siguientes condiciones:

$$c_1 > 0, c_3 > 0, c_4 > 0, c_1c_2c_3 > c_3^2 + c_1^2c_4$$

Simulaciones Numéricas


(a) *R*₀ = 19,1767


(b) *R*₀ = 19,1767

(c) *R*₀ = 0,8777

(d) *R*₀ = 0,8777

Bibliografia

- 

Sungchait, R. Tang, I-M.Pongsumpun, P. Mathematical Modeling: Global Stability Analysis of Super Spreading Transmission of Respiratory Syncytial Virus (RSV) Disease. Computation 2022, 10, 120. <https://doi.org/10.3390/computation10070120>
- 

Lawrence Perko. Differential Equations and Dynamical Systems.Third edition.Springer year 2000.