

Uma análise matemática sobre o surto de Zika vírus no Rio de Janeiro

Michel Antonio Tosin Caldas
Eber Dandas de Sá Paiva
Americo Barbosa da Cunha Junior

michel.tosin@uerj.br eber.paiva@uerj.br americo@ime.uerj.br

NUMERICO – Núcleo de Modelagem e Experimentação Computacional



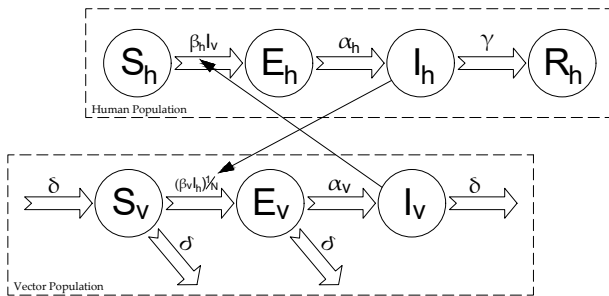
Introdução

O assunto Zika vírus tem sido alvo de grande atenção recentemente devido ao alto grau de surtos que têm ocorrido pelo mundo nos últimos anos e principalmente por causa de sua relação com o desenvolvimento de outras doenças, como a microcefalia. No que diz respeito à matemática, modelos capazes de prever a evolução de um surto de Zika tem sido buscados, permitindo-se estipular o número de novos infectados por semana, para que os órgãos de saúde possam tomar as medidas cabíveis.

Este trabalho se propõe a analisar e calibrar um modelo de epidemia SEIR (suscetível, exposto, infectado e recuperado) para o surto de Zika vírus no Rio de Janeiro ocorrido em 2016, baseado em uma análise numérica semelhante à aplicada para a evolução da doença em ilhas da Polinésia Francesa [1].

Modelo matemático

Para fins de modelagem, neste trabalho apenas a transmissão da Zika por meio da picada dos mosquitos do gênero Aedes será considerada. Para descrever o surto de vírus Zika no Rio de Janeiro, será utilizado um modelo de epidemia de tipo SEIR, adaptado de um utilizado na Polinésia Francesa [1]:



O fluxo (evolução) de indivíduos através dos grupos segue as regras definidas pelo seguinte conjunto de equações diferenciais:

$$\frac{dS_h}{dt} = -\beta_h S_h I_v$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \beta_h S_h I_v - \alpha_h E_h$$

$$\frac{dI_h}{dt} = \alpha_h E_h - \gamma I_h$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \gamma I_h$$

$$\frac{dC}{dt} = \alpha_h E_h$$

$$\frac{dS_v}{dt} = \delta - \beta_v S_v \frac{I_h}{N} - \delta S_v$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \beta_v S_v \frac{I_h}{N} - (\delta + \alpha_v) E_v$$

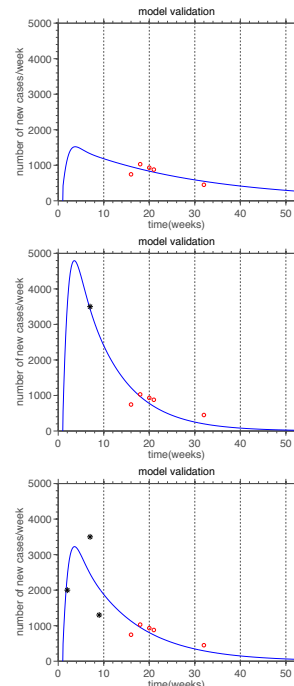
$$\frac{dI_v}{dt} = \alpha_v E_v - \delta I_v$$

S - populações de suscetíveis
 E - populações de incubados
 I - populações de infectados
 R - populações de recuperados
 h - relativo a humanos
 v - relativo ao vetor

β - taxas de transmissão
 γ - taxa de recuperação
 α - proporção de incubação
 $1/\delta$ - tempo de vida do vetor
 N - população de humanos
 t - tempo

Calibração do modelo

A calibração foi feita segundo o método *Trust Region Reflective* [2] para adequação dos parâmetros. Os dados utilizados da epidemia (pontos vermelhos) pertencem ao Ministério da Saúde [3]. O asterisco no 2º gráfico é um valor não oficial da infecção que circulou na mídia brasileira, utilizado no método para a calibração. Os outros dois asteriscos no 3º gráfico resultaram de estimativas consistentes na procura pela melhor curva que se encaixasse aos dados oficiais.



Considerações finais

O modelo SEIR considerado foi calibrado para descrever a situação epidêmica carioca provocada pelo vírus Zika. O resultado se demonstrou qualitativamente satisfatório, porém os parâmetros que conferiram as curvas não condizem com a realidade: o terceiro gráfico é decorrente de $\beta_h = 0.0039 \text{ dias}^{-1}$, uma interação mosquito-homem a cada 256 dias. Em trabalhos futuros, os autores visam estabelecer um modelo estocástico para uma melhor análise quantitativa da confiabilidade do sistema SEIR aplicado a essa epidemia.

Agradecimentos



Referências:

- [1] Kucharski, A. J., Funk, S., Eggo, R. M., Mallet, H., Edmunds, W. J., Nilles, E. J. Transmission Dynamics of Zika Virus in Island Populations: A Modelling Analysis of the 2013–14 French Polynesia Outbreak. PLOS Neglected Tropical Diseases, 2016. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pntd.0004726>
- [2] Coleman, T.F., and Li, Y., An Interior, Trust Region Approach for Non-linear Minimization Subject to Bounds. SIAM Journal on Optimization, 6:418–445, 1996. <http://dx.doi.org/10.1137/0806023>
- [3] Brazil's Ministry of Health Monitoramento dos casos de dengue, febre de chikungunya e febre pelo vírus Zika. Boletim Epidemiológico, Vol.47, Number 18-33, 2016. <https://goo.gl/cimlTX>