

Modelagem da Dinâmica Não Linear do Zika Vírus

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

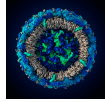
michel.tosin@uerj.br eber.paiva@uerj.br américo@ime.uerj.br

NUMERICO – Núcleo de Modelagem e Experimentação Computacional



Introdução

- Mais de 30 países com transmissão autóctona nos últimos 20 anos.
- Aproximadamente 230 mil casos prováveis de Zika no Brasil até a semana 35 de 2017.
- Associação com microcefalia e a síndrome de Guillain-Barré.
- Quase 3 mil casos confirmados de indivíduos com alterações no crescimento e desenvolvimento relacionados à infecção pelo vírus Zika.
- O principal vetor é *Aedes aegypti*, também transmissor da Dengue e Febre Amarela.

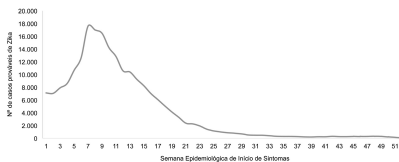


Zika vírus



Aedes aegypti

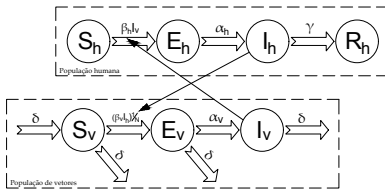
Neste contexto, o uso de modelos matemáticos para epidemias é de grande importância. Este trabalho se propõe a analisar e calibrar um modelo epidêmico para o surto de Zika vírus ocorrido no Brasil em 2016.



Novos casos de Zika no Brasil por semana epidemiológica de 2016

Modelo Matemático

O modelo adotado é uma variante de um modelo Ross-Macdonald para predições epidêmicas. As populações envolvidas (humana e de vetores) são categorizadas seguindo uma estrutura SEIR-SEI.



$$\begin{aligned}\frac{dS_h}{dt} &= -\beta_h S_h I_v, & \frac{dS_v}{dt} &= \delta - \beta_v S_v \frac{I_h}{N} - \delta S_v, \\ \frac{dE_h}{dt} &= \beta_h S_h I_v - \alpha_h E_h, & \frac{dE_v}{dt} &= \beta_v S_v \frac{I_h}{N} - (\alpha_v + \delta) E_v, \\ \frac{dI_h}{dt} &= \alpha_h E_h - \gamma I_h, & \frac{dI_v}{dt} &= \alpha_v E_v - \delta I_v, \\ \frac{dR_h}{dt} &= \gamma I_h, & \frac{dC}{dt} &= \alpha_h E_h.\end{aligned}$$

+ Condições Iniciais (CI)

O número de novos casos de humanos infecciosos em cada semana epidemiológica (SE) é definido da seguinte forma:

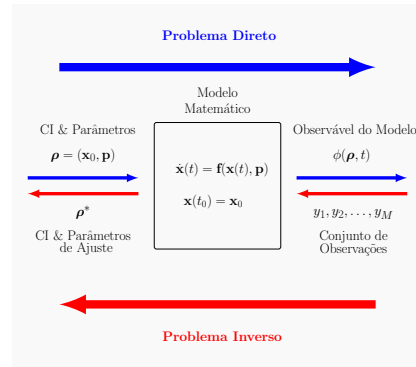
$$\begin{aligned}\mathcal{N}_w &= C_w - C_{w-1}, \\ \mathcal{N}_1 &= C_1.\end{aligned}$$

S - populações de suscetíveis
 E - populações de expostos
 I - populações de infecciosos
 R - populações de recuperados
 h - relativo a humano
 v - relativo ao vetor
 C - população acumulada de humanos infecciosos
 C_w - número acumulado de humanos infecciosos na w -ésima SE
 \mathcal{N}_w - número de novos humanos infecciosos na w -ésima SE

α - taxas de incubação
 β - taxas de transmissão
 γ - taxa de recuperação
 δ - natalidade e mortalidade
 N - população de humanos
 t - tempo

$$\begin{aligned}\mathbf{x}(t) &= (S_h(t), E_h(t), I_h(t), R_h(t), S_v(t), E_v(t), I_v(t), C(t)) \in \mathbb{R}^8 \\ \mathbf{p} &= (N, \beta_h, \alpha_h, \gamma, \beta_v, \alpha_v, \delta) \in \mathbb{R}^7 \\ S_h(t) + E_h(t) + I_h(t) + R_h(t) &= N \\ S_v(t) + E_v(t) + I_v(t) &= 1\end{aligned}$$

Calibração do Modelo



A calibração é feita utilizando um conjunto de dados epidêmicos coletados pelos órgãos nacionais de Saúde. Então, a partir dessa coleção de dados coletados

$$y_1, y_2, \dots, y_M,$$

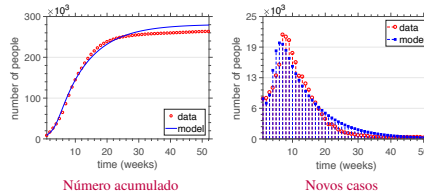
procura-se encontrar o conjunto de ajuste de parâmetros e condições iniciais tal que

$$\rho^* = \arg \min_{\rho} \left\{ \sum_{n=1}^M |y_n - \phi(\rho, t_n)|^2 \right\}.$$

Neste trabalho foi usado um método Trust-Region-Reflective limitado.

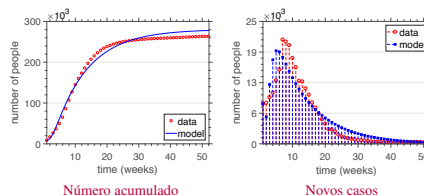
Resultados

Primeira Calibração



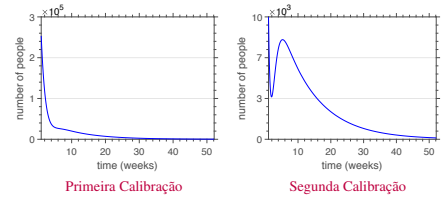
- Parâmetros razoáveis
- Acumulado de infecciosos ultrapassa os dados por apenas 6%
- O pico de novos casos se difere do máximo dos dados por 7.87%
- A soma das CI de humanos se difere em 9.82% da população total
- A soma das CI dos vetores é 0.99
- A CI de humanos infecciosos é $\approx 253,360$ indivíduos

Segunda Calibração

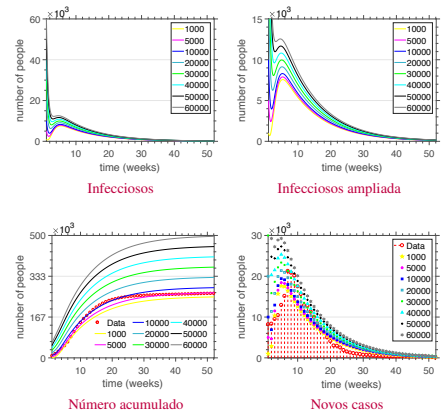


- Parâmetros razoáveis
- Acumulado de infecciosos ultrapassa os dados por apenas 5.74%
- A soma das CI dos vetores é 0.999
- A CI de humanos infecciosos é $\approx 10,000$ indivíduos
- A soma das CI de humanos é igual a população total
- O pico de novos casos se difere do máximo dos dados por 10.57%
- O pico dos novos casos ocorre 2 semanas antes do pico dos dados

Curvas de humanos infecciosos



Resultados complementares



Considerações Finais

O objetivo de calibração do modelo com dados da epidemia de 2016 foi alcançado, assim como o desejado pelo estudo de sensibilidade. Os resultados foram apresentados no CCIS 2016 e CNMAC 2017. Um artigo com os detalhes da pesquisa foi submetido a uma revista de grande circulação. Em trabalhos futuros, pretende-se implementar atualização bayesiana e desenvolver um modelo estocástico para a análise.

Agradecimentos



Referências

- [1] D. L. Smith, K. E. Battle, S. I. Hay, C. M. Barker, et al. Ross, MacDonald, and a theory for the dynamics and control of mosquito - Transmitted pathogens. *PLoS Pathog.*, 8(4), 2012. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.ppat.1002588>
- [2] Ministério da Saúde. Pedido 2582000408201713, e-SIC. <https://goo.gl/7vAx1a> (Jan 26, 2017)
- [3] E. Dantas, M. Tosin, J. Peterson, V. Lopes, A. Cunha Jr. A mathematical analysis about Zika virus outbreak in Rio de Janeiro. In *Proceedings of the 4th Conference of Computational Interdisciplinary Sciences (CCIS 2016)*, SP, Brasil, 2016.
- [4] E. Dantas, M. Tosin, A. Cunha Jr. Zika virus in Brazil: calibration of an epidemic model for 2016 outbreak. In *Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics*, 2017, SP, Brasil, 2017.
- [5] E. Dantas, M. Tosin, A. Cunha Jr. Calibration of a SEIR epidemic model to describe Zika virus outbreak in Brazil, 2017. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01456776v3> (Mar 21, 2017)