



HAL
open science

Modelagem da Dinâmica Não Linear do Zika Vírus

Michel Tosin, Eber Dantas, Americo Cunha Jr

► **To cite this version:**

Michel Tosin, Eber Dantas, Americo Cunha Jr. Modelagem da Dinâmica Não Linear do Zika Vírus. Semana do IME 2017, Oct 2017, Rio de Janeiro, Brazil. . hal-01633212

HAL Id: hal-01633212

<https://hal.science/hal-01633212>

Submitted on 11 Nov 2017

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Copyright

Modelagem da Dinâmica Não Linear do Zika Vírus

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

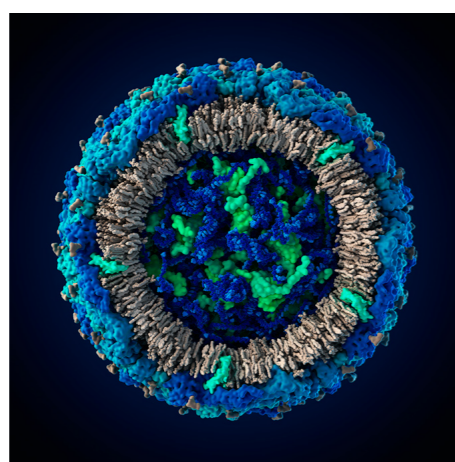
michel.tosin@uerj.br eber.paiva@uerj.br americo@ime.uerj.br

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.

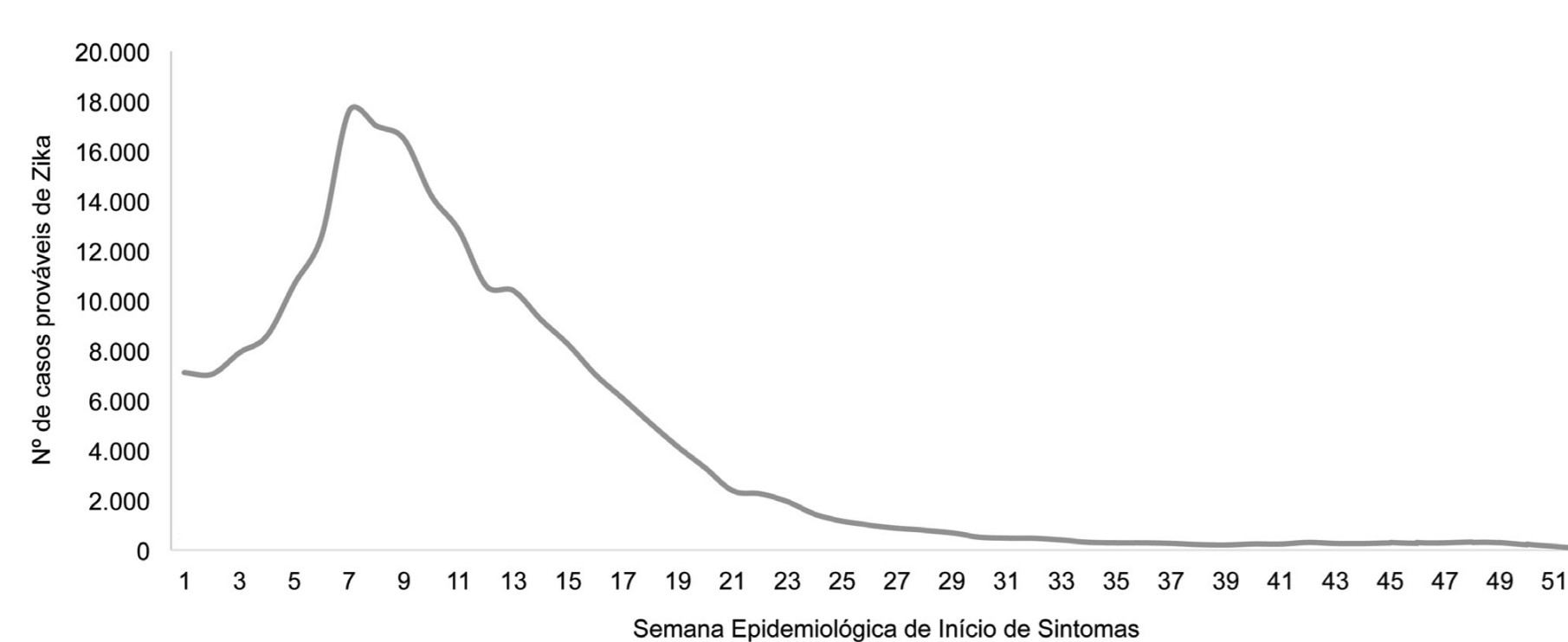


Zika vírus



Aedes aegypti

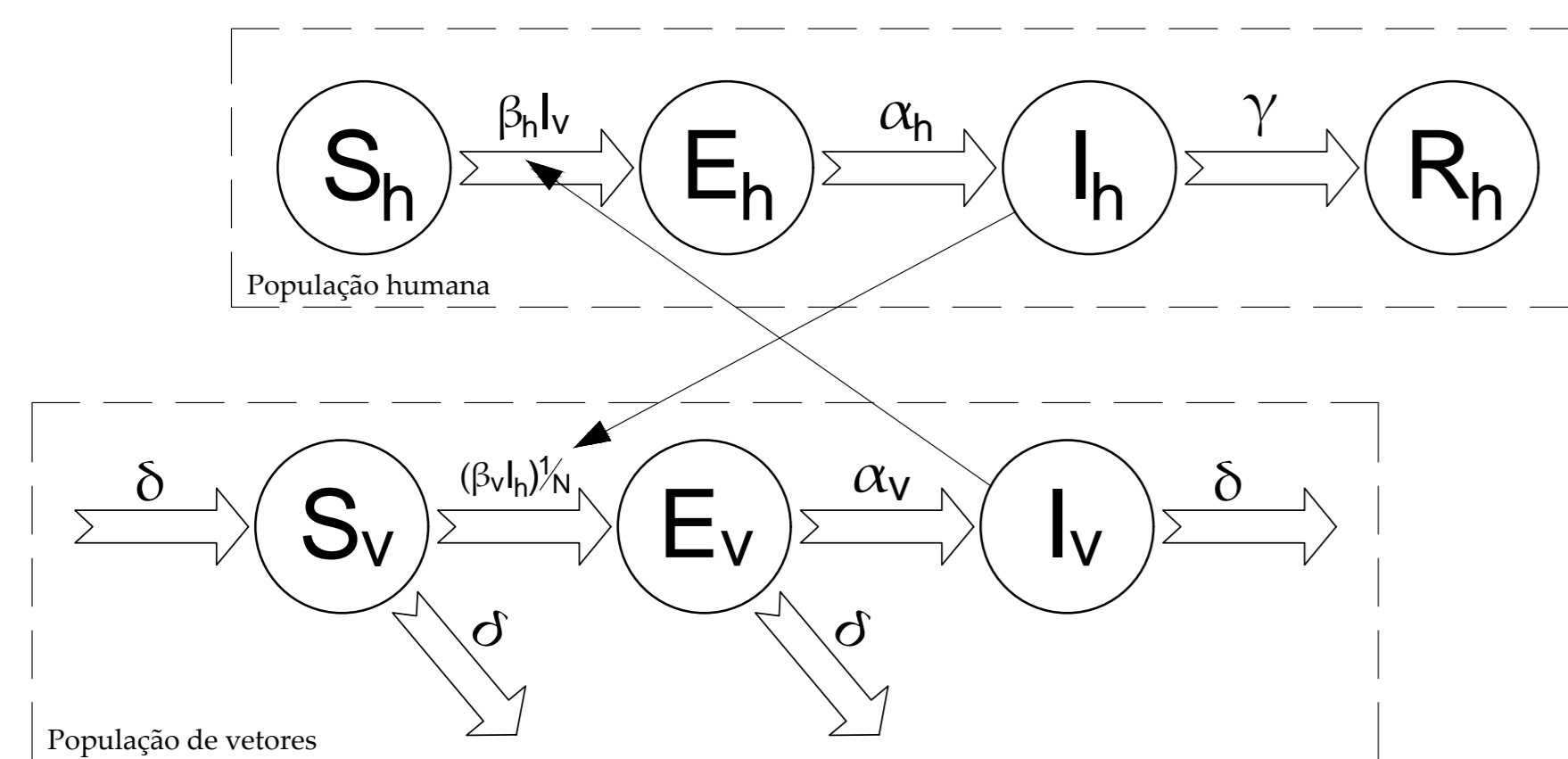
Neste contexto, o uso de modelos matemáticos para epidemias é de grande importância. Este trabalho se propõe a analisar e calibrar um modelo epidêmico para o surto de Zika vírus ocorrido no Brasil em 2016.



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)

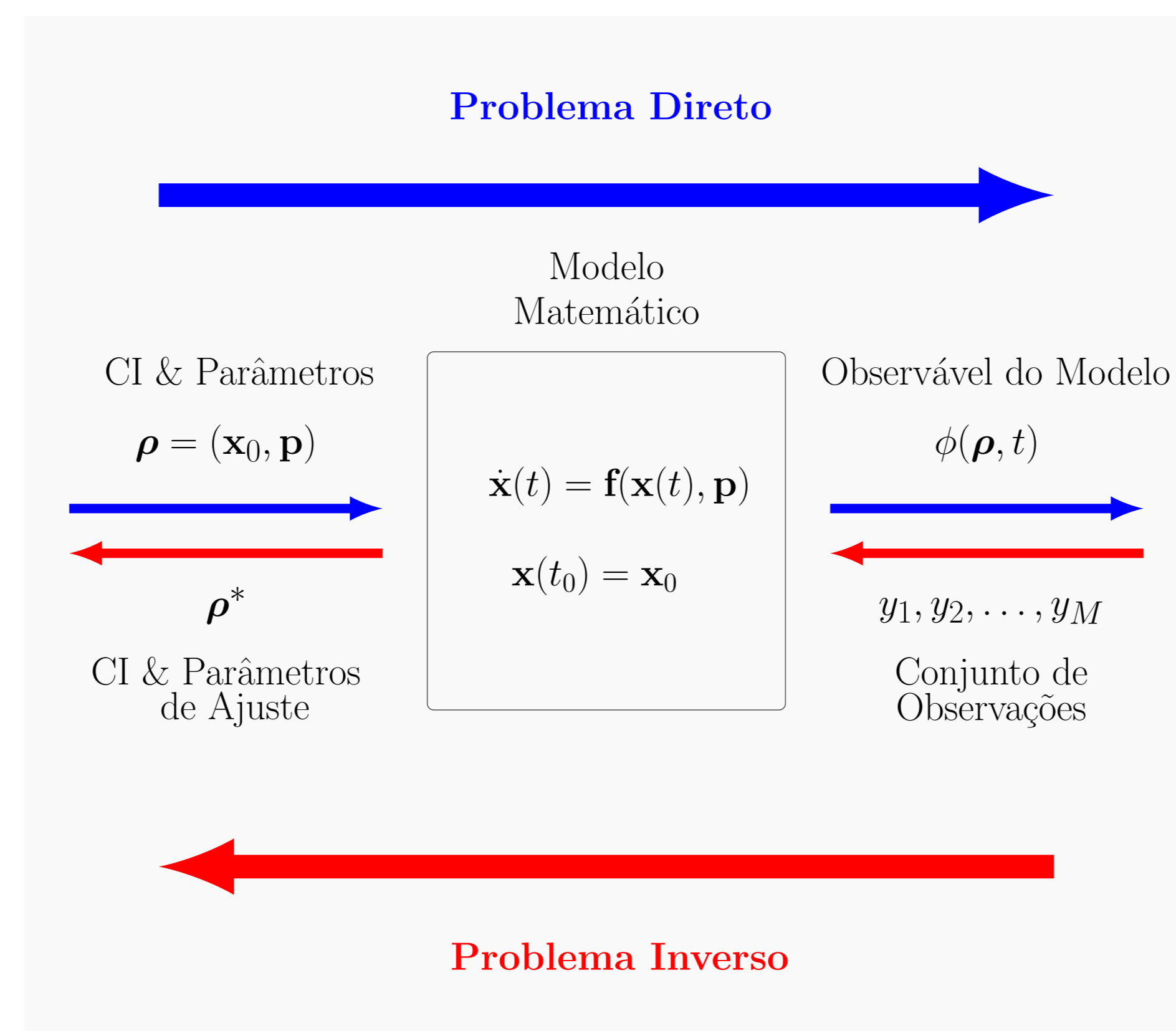
O número de novos casos de humanos infecciosos em cada semana epidemiológica (SE) é definido da seguinte forma:

$$\begin{aligned} N_w &= C_w - C_{w-1}, \\ N_1 &= C_1. \end{aligned}$$

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
 N_w - número de novos humanos infecciosos na w -ésima SE

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

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

$$Y_1, Y_2, \dots, Y_M,$$

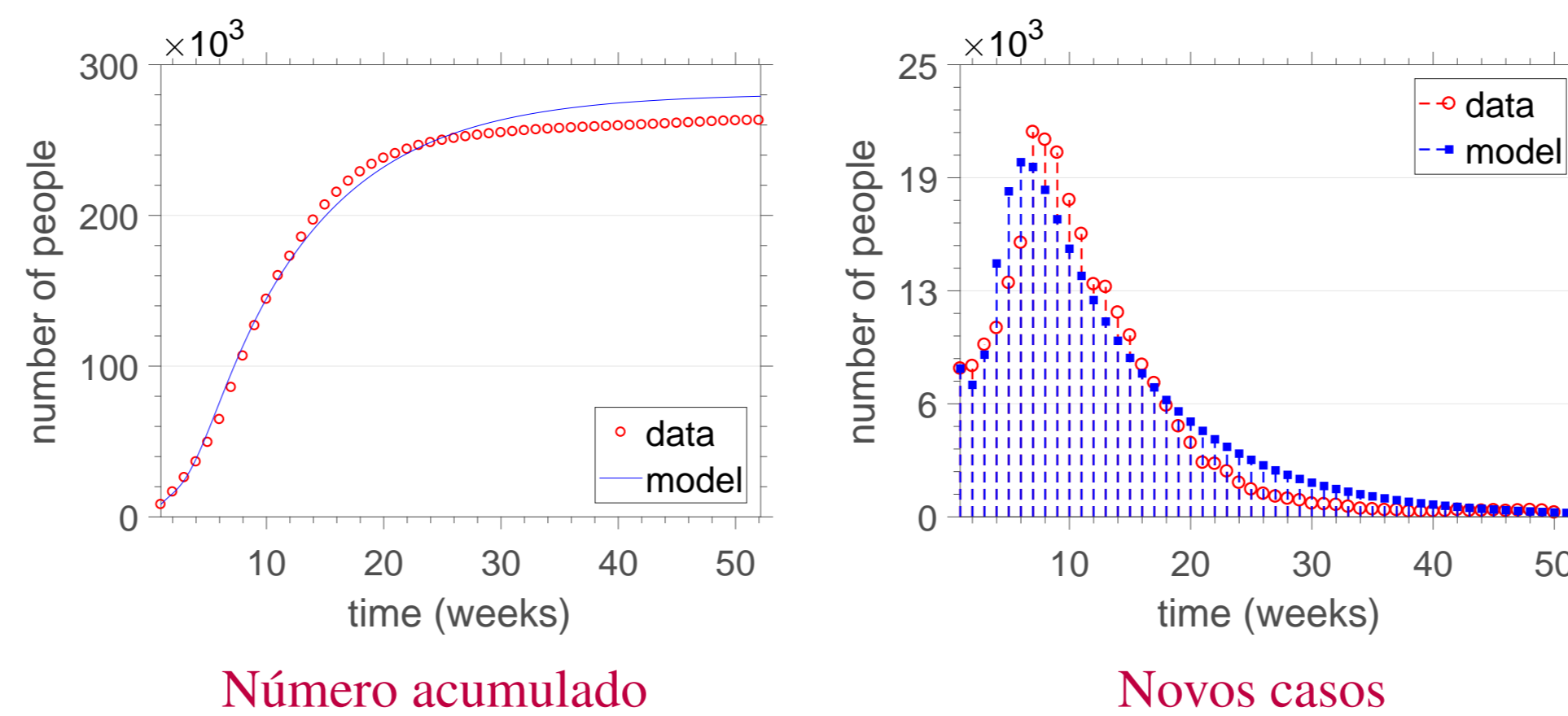
procura-se encontrar o conjunto de ajuste de parâmetros e condições iniciais tal que

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

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

Resultados

Primeira Calibração

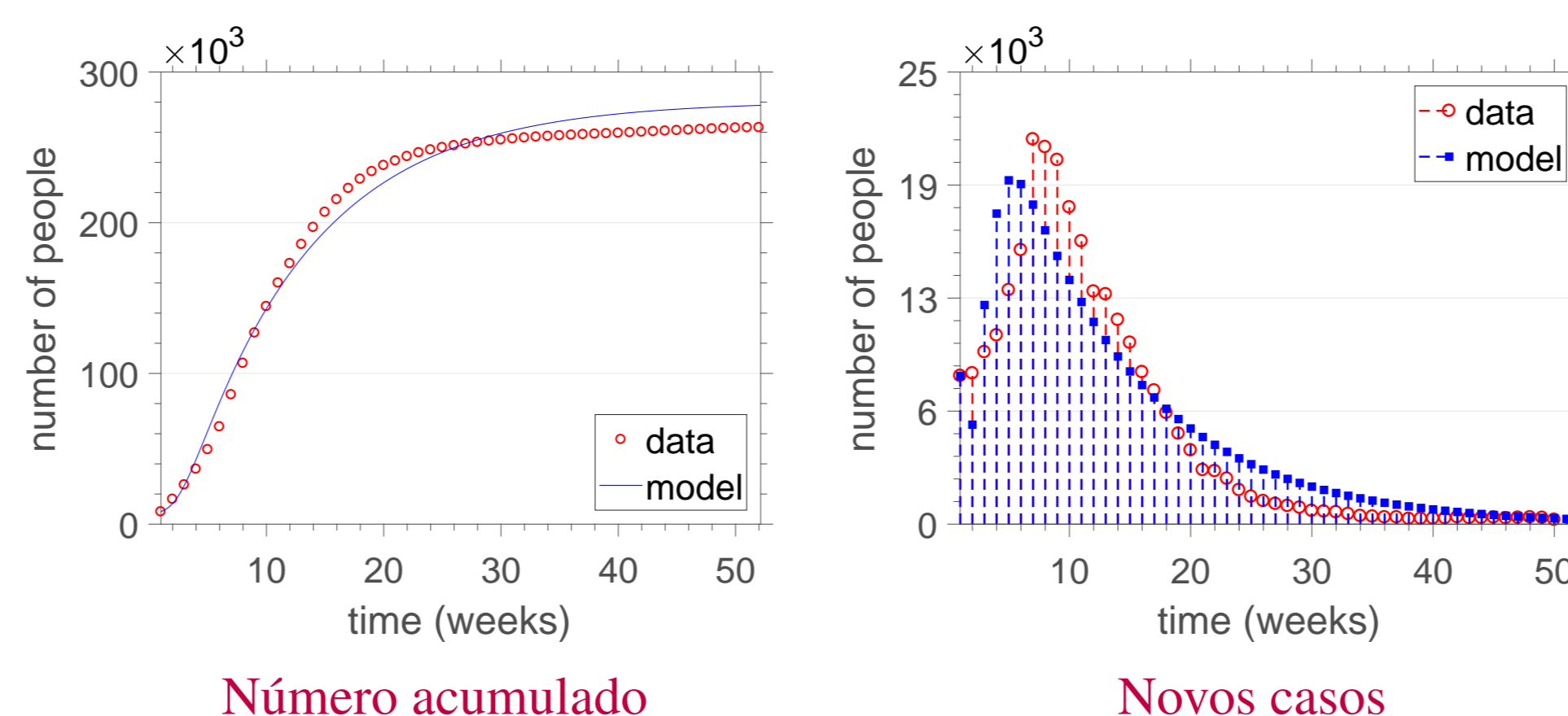


Número acumulado

Novos casos

- 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

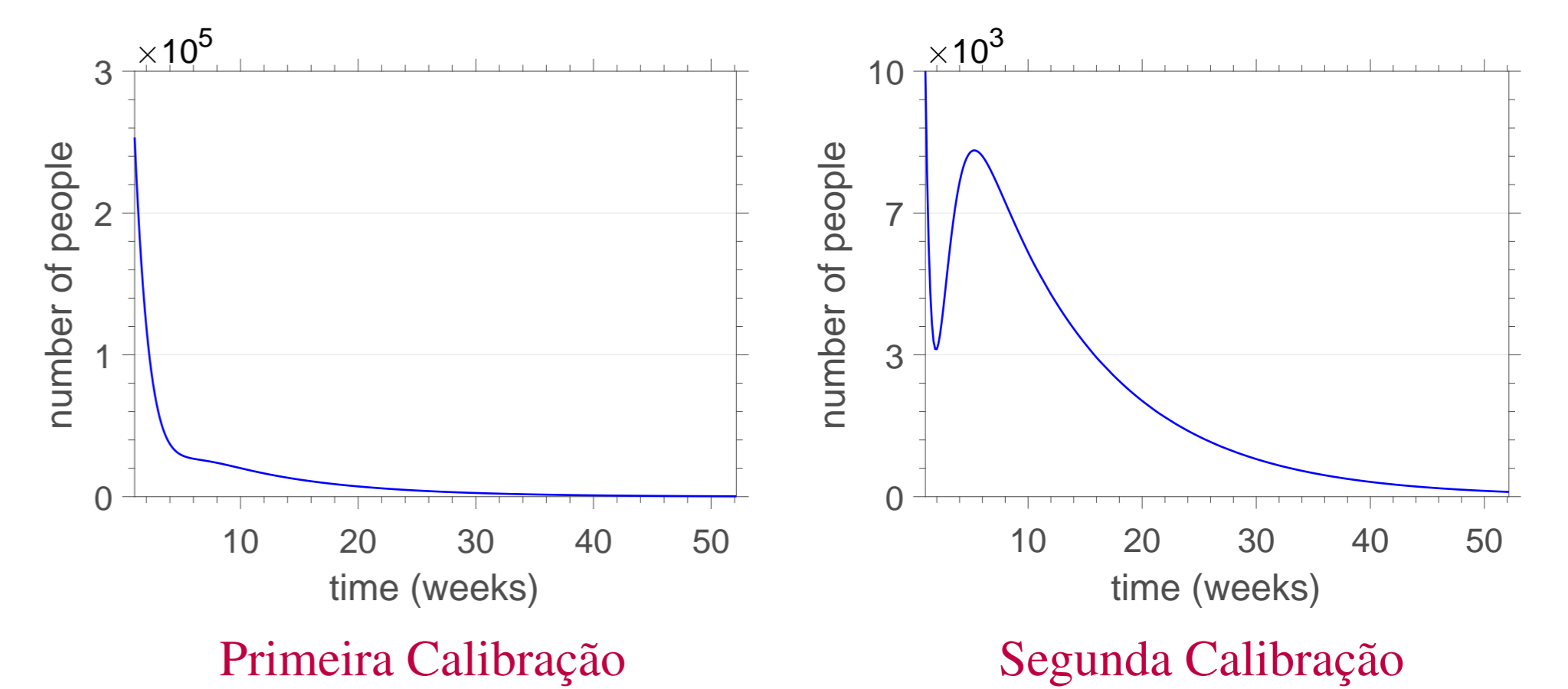


Número acumulado

Novos casos

- 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

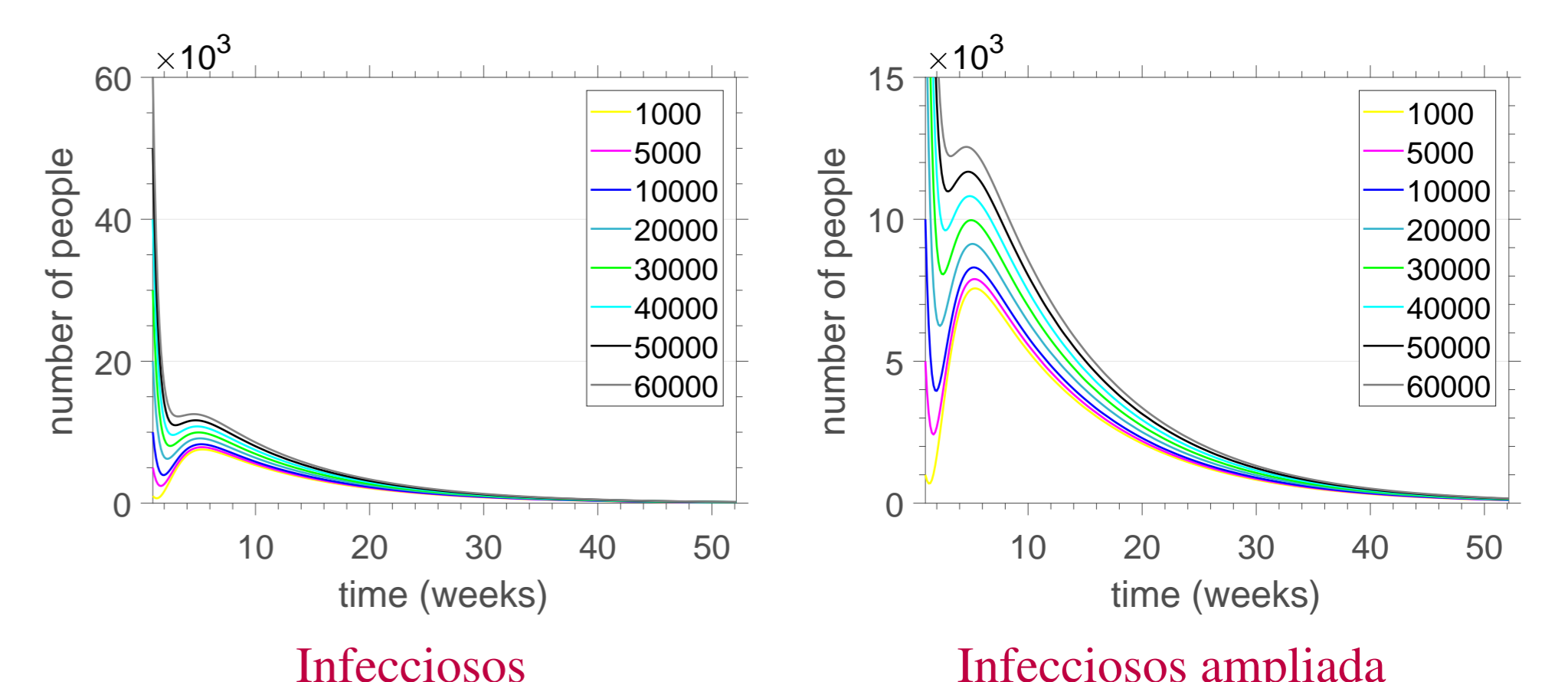
Curvas de humanos infecciosos



Primeira Calibração

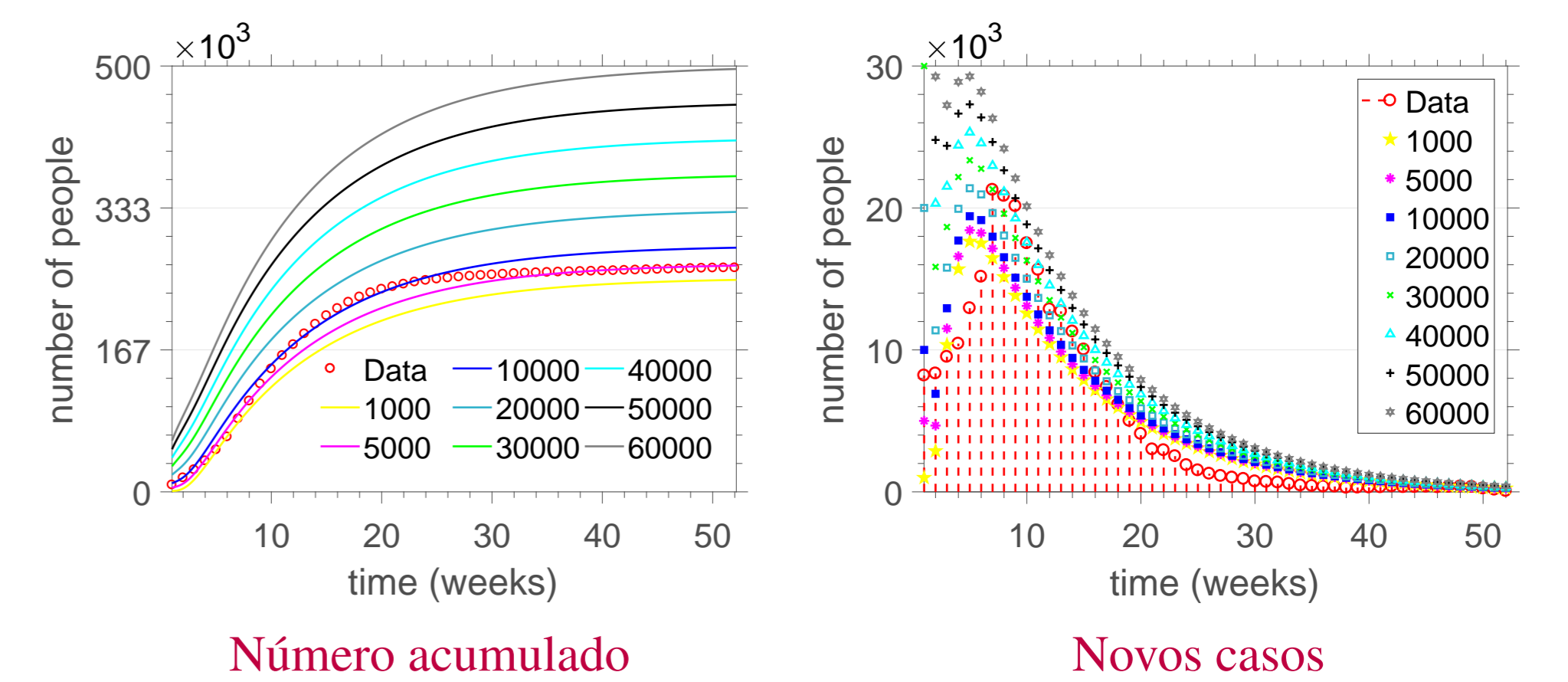
Segunda Calibração

Resultados complementares



Infecciosos

Infecciosos ampliada



Número acumulado

Novos casos

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 25820000408201713, *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)