

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Modelo da Doença Tuberculose Bovina por Meio de Equações Diferenciais Ordinárias

Taís Aparecida Faria¹

Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria, UNIFAL-MG, Alfenas, MG

Evandro Monteiro²

Departamento de Matemática, UNIFAL-MG, Alfenas, MG

Neste trabalho iremos estudar a dinâmica da doença Tuberculose Bovina. Essa doença é causada pela infecção de bovinos pela bactéria *Mycobacterium bovis*, sendo que bovinos infectados a transmitem para outros animais causando doenças. O modelo que apresentaremos envolve apenas a doença em bovinos e a transmissão para seres humanos. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho é analisar a dinâmica da doença Tuberculose Bovina por meio de um modelo de Equações Diferenciais Ordinárias (EDO). Consideramos um modelo mais simples onde as populações de bovinos e humanos são constantes, tal modelo tem como referencial o artigo de [1].

Para a formulação do modelo consideramos que a população total de bovinos, que é representada por N_B , é dividida em três subpopulações mutuamente exclusivas: bovinos suscetíveis (S_B), bovinos em período de latência (L_B) e bovinos infectados (I_B). Já a população de humanos é dividida em quatro subpopulações, também mutuamente exclusivas: humanos suscetíveis (S_H), humanos em período de latência (L_H), humanos infectados (I_H) e humanos recuperados (R_H).

Considerando a população bovina ($N_B(t)$) constante, temos que $N'_B(t) = 0$, logo, $L'_B = -(S'_B + I'_B)$, o mesmo ocorre na população de humanos ($N_H(t)$), assim $N'_H(t) = 0$, consequentemente, $L'_H = -(S'_H + I'_H + R'_H)$. Diante disso, apresentamos um modelo para a dinâmica da doença tuberculose bovina dado pelo sistema de EDO's (1).

$$\begin{cases} S'_B &= b_B(1 - S_B) - \beta_B I_B S_B \\ I'_B &= \alpha_B(1 - S_B) - (\alpha_B + b_B) I_B \\ S'_H &= b_H(1 - S_H) - \beta_H S_H I_B + \delta_H R_H \\ I'_H &= \alpha_H(1 - S_H - I_H - R_H) - (\delta_H + b_H) I_H \\ R'_H &= \delta_H I_H - (\gamma_H + b_H) R_H \end{cases} \quad (1)$$

Sendo que b_B trata-se da taxa de natalidade, β_B da taxa de transmissão entre bovinos e α_B refere-se ao período de latência, sendo esses parâmetros relacionados à população

¹taisfariat@gmail.com

²monteiroevandro1@gmail.com

bovina. Já na população de humanos tem-se os seguintes parâmetros: b_H , taxa de natalidade humana, β_H taxa de transmissão de bovinos para humanos, α_H relacionada ao período de latência, γ_H trata-se da taxa de sucesso no tratamento e, por fim, σ_H é a taxa da perda de imunidade adquirida. Com o modelo proposto anteriormente obtivemos os seguintes pontos de equilíbrio: $(1, 0, 1, 0, 0)$ que é o ponto de equilíbrio livre da doença e o ponto de equilíbrio endêmico que é dado por:

$$\left\{ \begin{array}{l} S_B^* = \frac{1}{R_0} \\ I_B^* = \frac{b_B}{\beta_B}(R_0 - 1) \\ S_H^* = \frac{(b_h + \delta_H R_H)\beta_B}{b_H\beta_B + \beta_H b_B(R_0 - 1)} \\ I_H^* = \frac{(\gamma_H + b_H)R_H}{\delta_H} \\ R_H^* = \frac{\alpha_H\beta_H b_B\delta_H(R_0 - 1)}{\alpha_H\delta_H^2\beta_B + [\alpha_H(\gamma_H + b_H + \delta_H) - (\delta_H + b_H)][b_H\beta_B + \beta_H b_B(R_0 - 1)]} \end{array} \right. \quad (2)$$

onde R_0 , a razão de reprodução básica, é dada por: $\frac{\alpha_B\beta_B}{b_B(b_B + \alpha_B)}$.

Quando $R_0 < 1$ as populações convergem para o ponto de equilíbrio livre da doença e quando $R_0 > 1$ as populações convergem para o ponto endêmico. A análise da estabilidade do modelo apresentado em (1) é feita baseado em [2], bem como simulações numéricas serão realizadas com o uso do programa $R^{\text{®}}$ [3]. Obtemos estabilidade local de ambos pontos de equilíbrio.

No modelo apresentado podemos concluir via teoria qualitativa de EDO's que se $R_0 < 1$ a doença tende a extinguir-se em ambas populações. Já no caso em que $R_0 > 1$ mostramos que a doença irá para uma situação de equilíbrio endêmico.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

Referências

- [1] F. M. Abakar, H. Y. Azami, P. J. Bless, L. Crump, P. Lohmann, M. Laager, N. Chitnis and J. Zinsstag. Transmission dynamics and elimination potential of zoonotic tuberculosis in morocco, *PLoS Negl dis*, n. 2, 2017.
- [2] D. F. Aranda, D. Y. Trejos, J. C. Valverde and R. J. Villanueva. A mathematical model for Babesiosis disease in bovine and tick populations, *Math. Meth. Appl. Sci.*, 35:249-256, 2012.
- [3] R C. Team, *R: A language and environment for statistical computing*, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Áustria, 2016, Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>.