

Epidemiologia Matemática da Gripe Aviária

Sophia Perez Cosin¹, Cláudia Pio Ferreira²

UNESP, Departamento de Biodiversidade e Bioestatística, Botucatu, SP

A influenza aviária A (H5N1) de alta patogenicidade (IAAP) é uma doença de distribuição mundial, altamente contagiosa, com ciclos pandêmicos ao longo dos anos, e com graves consequências ao comércio internacional de produtos avícolas. Nesse contexto, em um âmbito nacional, os primeiros casos de gripe aviária (H5N1) foram anunciados em 15 de maio de 2023, em duas aves marinhas da espécie trinta-réis-de-bando (*Thalasseus acufavidus*), em Marataízes e Vitória, no litoral do Espírito Santo. Essa espécie apresenta comportamento migratório durante o período reprodutivo, visto que é encontrada predominantemente em ilhas rochosas no Espírito Santo, próximas à costa litorânea brasileira, entre os meses de abril e outubro [2]. Nesse sentido, é notório que a transmissão do vírus por aves migratórias aquáticas é a maior problemática em relação à transmissão da doença, uma vez que, normalmente, elas são portadoras assintomáticas [5]. Outro fator que impulsiona a relevância da problemática é a existência do contato direto dessas aves migratórias, especialmente aquáticas, com aves domésticas de subsistência. Isso ocorre, principalmente, devido ao crescente desaparecimento de ecossistemas de zonas úmidas, o que leva à procura de locais alternativos para a reprodução dessas aves silvestres, como lagos artificiais em fazendas de granjas de produção. Em suma, a doença se espalha de um país para outro através das aves migratórias, como patos, gansos, gaivotas que são resistentes à infecção e que em determinadas épocas migram de um país para outro e, ainda, com o comércio internacional de aves vivas e produtos [6].

Nesse contexto, [4] propôs um modelo autônomo de equações diferenciais ordinárias para descrever a transmissão da influenza aviária da população de aves para a população de humanos. Esse modelo é uma extensão do modelo proposto por [3]. Supõe-se que os humanos são infectados pela gripe aviária ao tocarem carne de aves não cozidas e considera-se que o vírus H5N1 é altamente letal para aves de produção, com mortalidade de 90-100% em 48 horas [1]. Desse modo um modelo do tipo Suscetível Infectado (SI) composto por um sistema de duas equações diferenciais para cada população, aves e humanos, com mortalidade induzida pela doença foi utilizado:

$$\begin{cases} S'_d(t) = \Lambda_d - \beta_d S_d I_d - \mu_d S_d, \\ I'_d(t) = \beta_d S_d I_d - (\mu_d + V_d) I_d, \end{cases} \quad \text{e} \quad \begin{cases} S'(t) = \Lambda - \beta S I_d - \mu S, \\ I'(t) = \beta S I_d - (\mu + V) I, \end{cases} \quad (1)$$

S_d é o número de aves suscetíveis, I_d é o número de aves infectadas, Λ_d é a taxa de recrutamento, μ_d é a taxa de mortalidade natural das aves, V_d é a taxa de mortalidade induzida pela doença e β_d é o coeficiente de transmissão entre aves de criação, S é o número de humanos suscetíveis, I é o número de humanos infectados, Λ é a taxa de recrutamento de humanos, μ é a taxa de mortalidade natural dos humanos, V é a taxa de mortalidade induzida pela doença para humanos e β é o coeficiente de transmissão de aves de criação infectadas para humanos.

Nosso modelo baseia-se no modelo [4] e outros modelos matemáticos epidemiológicos de equações diferenciais. Construiremos três cenários, acerca da transmissão e controle da influenza aviária de alta patogenicidade (IAAP). Buscaremos delinear cada cenário com base nas escalas de produção avicultora, sendo pequena escala para pequenos produtores, média escala para corporativas

¹sophia.perez@unesp.br

²claudia.pio@unesp.br

de médio porte e grande escala para plantéis industriais avícolas. As populações envolvidas na dinâmica da doença em todos os cenários serão as de aves migratórias, aves silvestres locais e aves de produção ou subsistência (ver Figura 1). Por fim, a principal hipótese é que os modelos epidemiológicos para os três cenários, em relação às classes epidemiológicas, serão análogos. No entanto, a taxa de transmissão da doença é acentuada em plantéis industriais, visto a elevada densidade populacional de aves de produção aglomeradas em situação de confinamento, fator que suscita a rápida propagação do vírus H5N1. Propomos, discutir o modelo e apresentar alguns resultados preliminares.

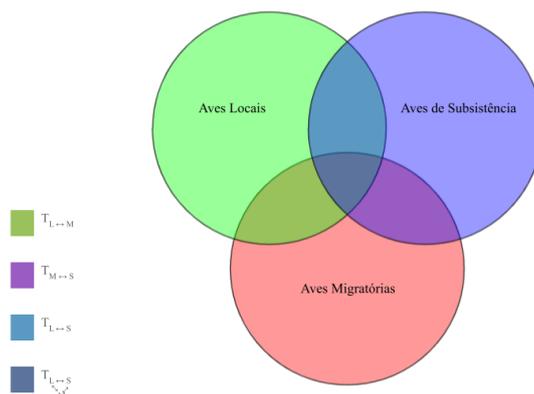


Figura 1: Modelo esquemático da dinâmica de transmissão da influenza aviária entre as populações de aves. Todas as populações envolvidas são suscetíveis ou infectadas e a interação (taxas de transmissão T_{\bullet}) entre as populações é destacada pelas interseções representadas pelo diagrama. Fonte: Elaborado pelos autores.

Referências

- [1] Wild Birds. “H5N1 bird flu: current situation summary”. Em: **Centers for Disease Control and Prevention** (2023).
- [2] M. A. Efe. “Ecologia, história evolutiva e conservação de *Thalasseus sandvicensis/acuflavidus/eurygnathus* (aves: sternidae)”. Tese de doutorado. Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, 2008.
- [3] S. Iwami, Y. Takeuchi e X. Liu. “Avian–human influenza epidemic model”. Em: **Mathematical biosciences** 207.1 (2007), pp. 1–25. DOI: 10.1016/j.mbs.2006.08.001.
- [4] M. Martcheva. **An Introduction to Mathematical Epidemiology**. Vol. 61. Springer, 2015. ISBN: 9781489976116.
- [5] R. Silva e F. L. J. F. Fabbri. “Influenza aviária e os riscos para o mercado brasileiro”. Em: **AgroANALYSIS** 43.4 (2023), pp. 28–30.
- [6] R. K. Upadhyay, N. Kumari e V. S. H. Rao. “Modeling the spread of bird flu and predicting outbreak diversity”. Em: **Nonlinear Analysis: Real World Applications** 9.4 (2008), pp. 1638–1648. DOI: 10.1016/j.nonrwa.2007.04.009.