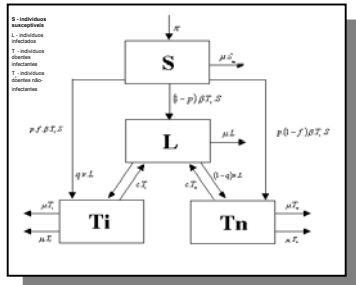


MODELOS MATEMÁTICOS PARA AUXÍLIO DO CONTROLE DA EPIDEMIA DA TUBERCULOSE

Fabiana Souza de Andrade
Regina Célia Paula Leal Toledo (Orientadora)
Departamento de Ciência da Computação
IC/CTC/UFF

Objetivo: Avaliar as condições de tratamento de uma epidemia de tuberculose considerando-se que a população é composta por duas "sub-populações" heterogêneas.

Modelo Básico Proposto



Taxa de Contágio

t_{ij} => tempo de contato entre as sub-populações como uma fração da unidade de tempo
 $\sum_{j=1}^m t_{ij} = 1$ $m \rightarrow$ número de sub-populações

$g(T_1)$ => proporção de tuberculosos infectantes da sub-população 1 (T_1) que está em contato com uma das duas sub-populações.

$g(T_2)$ => proporção de tuberculosos infectantes da sub-população 2 (T_2) que está em contato com uma das duas sub-populações.

β => coeficiente de transmissão da doença de P_1 .
 β' => coeficiente de transmissão da doença de P_2 .

$\beta(t_{11}g(T_1)) + \beta'(t_{12}g(T_2))$ para a sub-população 1

$\beta(t_{21}g(T_1)) + \beta'(t_{22}g(T_2))$ para a sub-população 2,

onde $\sum_{j=1}^2 t_{ij} = 1$

R_o => Taxa de reprodutibilidade efetiva - número de casos secundários que são produzidos quando um caso de tuberculose pulmonar é introduzido em uma população suscetível e que tem algum tipo de tratamento instituído.

R_o do modelo básico:

$$R_o = \left(\frac{\beta\pi}{\mu} \right) \left[\frac{\rho f}{\mu + \mu_i + c} + \frac{qv}{(\mu + \mu_i + c)(v + \mu) - cv} \times \left((1 - \rho) + \frac{c\rho}{\mu + \mu_i + c} \right) \right]$$

R_o do modelo básico, como mostrado em [1], se:

$R_o < 1$ a doença é erradicada
 $R_o > 1$ a epidemia se instala

Considerando-se R_{o1} e R_{o2} como sendo a taxa de reprodutibilidade de cada sub-população isoladamente, uma aproximação para taxa de reprodutibilidade de cada sub-população em relação ao modelo acoplado, R_{oij} , pode ser dada por

$$\begin{cases} (t_{11}g(T_1))R_{o1} + (t_{12}g(T_2))R_{o2} = 1 \\ (t_{21}g(T_1))R_{o1} + (t_{22}g(T_2))R_{o2} = 1 \end{cases}$$

Caso 1: Tratamento de 100% da sub-população 1 e não tratamento da sub-população 2 ($c=1,0$ e $c'=0,0 \Rightarrow R_{o1} = 0,942511$, $R_{o2} = 3,19201$)

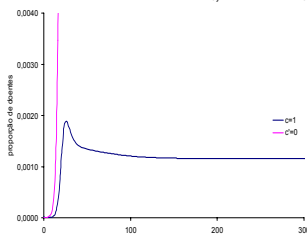


Figura (1)

Caso 2: Tratamento de 50% da sub-população 1 e de 50% da sub-população 2 ($c=0,5$ e $c'=0,5 \Rightarrow R_{o1} = 0,849699$, $R_{o2} = 1,427214$)

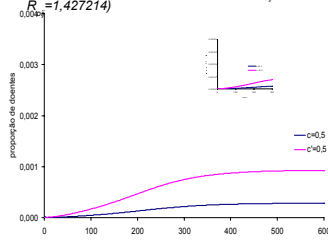


Figura (2)

Caso 3: Não tratamento da sub-população 1 e tratamento de 100% da sub-população 2 ($c=0,0$ e $c'=1,0 \Rightarrow R_{o1} = 0,917549$, $R_{o2} = 0,950681$)

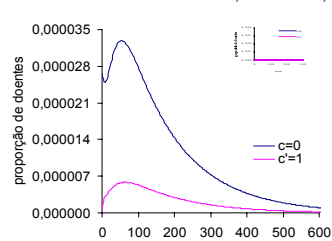


Figura (3)

Modelo Proposto: modelo determinístico de uma epidemia de tuberculose, presente nas duas sub-populações, onde assume-se que:

-a transmissão é devida a própria sub-população - P_{ii} (homogênea) e também devida ao contato de pessoas das duas sub-populações - P_{ij} (não-homogênea);

-a infectibilidade chamada de não-homogênea, é uma função da fração do tempo de contato entre as duas sub-populações, isto é, quanto maior o tempo de contato entre elas, maior o risco de contaminação de P_1 por P_2 ;

-todos os membros da sub-população P_1 que entram em contato com a sub-população P_2 , fazem isso numa mesma proporção do tempo;

-cada visitante retorna a sua própria sub-população (não há migração).

Sistema não linear de equações diferenciais ordinárias que descreve o modelo:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = \pi - [\mu + \beta(t_{11}g(T_1)) + \beta'(t_{12}g(T_2))]S(t) \\ \frac{dL(t)}{dt} = (1-p)[\beta(t_{11}g(T_1)) + \beta'(t_{12}g(T_2))]S(t) + c(T_1(t) + T_n(t)) - (\mu + v)L(t) \\ \frac{dT_i(t)}{dt} = p[\beta(t_{11}g(T_1)) + \beta'(t_{12}g(T_2))]S(t) + qvL(t) - (\mu + \mu_i + c)T_i(t) \\ \frac{dT_n(t)}{dt} = p(1-f)[\beta(t_{11}g(T_1)) + \beta'(t_{12}g(T_2))]S(t) + (1-q)vL(t) - (\mu + \mu_i + c)T_n(t) \\ \frac{dS'(t)}{dt} = \pi' - [\mu' + \beta'(t_{21}g(T_1)) + \beta(t_{22}g(T_2))\beta']S'(t) \\ \frac{dL'(t)}{dt} = (1-p')[\beta'(t_{21}g(T_1)) + \beta(t_{22}g(T_2))\beta']S'(t) + c'(T_1'(t) + T_n'(t)) - (\mu' + v')L'(t) \\ \frac{dT_i'(t)}{dt} = p'f[\beta'(t_{21}g(T_1)) + \beta(t_{22}g(T_2))\beta']S'(t) + q'v'L'(t) - (\mu' + \mu_i' + c')T_i'(t) \\ \frac{dT_n'(t)}{dt} = p'(1-f')[\beta'(t_{21}g(T_1)) + \beta(t_{22}g(T_2))\beta']S'(t) + (1-q')v'L'(t) - (\mu' + \mu_i' + c')T_n'(t) \end{cases}$$

Um exemplo: Uma população de 75000 habitantes, subdivida em duas sub-populações com 37500 habitantes cada uma e em uma delas, uma pessoa contrai a tuberculose infectante, e considera-se que a taxa de contaminação da sub-população 2 ($\beta = 0,00064$) é bem maior do que a da sub-população 1 ($\beta = 0,000155$). Deseja-se saber quais as taxas de cura mínima podem ser combinadas para a erradicação da epidemia.

Assume-se que: metade dos tuberculosos infectantes, de uma sub-população i está em contato com a sub-população j ($g(T_j) = g(T_i) \frac{2}{3}$) durante $\frac{1}{3}$ do dia, ou seja:

Para t_{ij} : 50% $T_1 \rightarrow 1$ tempo e 50% $T_1 \rightarrow \frac{2}{3}$ tempo

Para t_{ji} : 50% $T_1 \rightarrow \frac{1}{3}$ tempo

Coefficientes: $\pi = \pi' = 750$; $p = p' = 0,0515$; $f = f' = 0,79925$; $\mu = \mu' = 0,03472$;
 $\mu_i = \mu_i' = 0,248216$ $q = q' = 0,504$; $v = v' = 0,0028$;
 $\beta = 0,000155$ $\beta' = 0,00064$

Variável utilizada para avaliar a progressão da doença:

Proporção de doentes = PD $= \frac{T_i + T_n}{S + L + T_i + T_n}$

Bibliografia Principal:

- Gomes, P.D., Um Modelo Matemático para Epidemia de Tuberculose, Tese de Mestrado, Pós-Graduação em Computação, Instituto de Computação, UFF, 2004.
- Post W.M., Deangelis D.L., Travis C.C., Endemic Disease in Environments with Spatially Heterogeneous Host Populations. Mathematical Biosciences. 1983; 63:289-302