

Modelo Epidemiológico SEIR de Transmissão da Dengue em Redes de Populações Acopladas¹

S. CIRINO², J.A.L. da SILVA³, Programa de Pós Graduação em Matemática Aplicada, Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS, Av. Bento Gonçalves 9500, 91509-900 Porto Alegre, RS, Brasil.

Resumo. Este trabalho visa ilustrar os fundamentos teóricos utilizados na simulação do modelo determinístico (SEIR) de transmissão da dengue proposto por Newton e Reiter [6] associado ao modelo proposto por Jansen e Lloyd [4] para sistemas “multi-patch” com o intuito de investigar o efeito da migração em redes de populações acopladas.

1. Introdução

O mecanismo de transmissão de uma doença é conhecido para a maioria das doenças infecciosas; no entanto, as interações ocorridas na transmissão são muito complexas, fazendo-se necessário a estrutura formal de um modelo matemático. Estes modelos matemáticos permitem simulações que oportunizam experimentar a progressão de uma epidemia.

A dengue é um dos principais problemas de saúde pública no mundo. A Organização Mundial de Saúde (OMS) estima que cerca de oitenta milhões de pessoas se infectem anualmente em cem países de todos os continentes, exceto a Europa. A dengue é uma doença infecciosa, a qual tem como principal transmissor o mosquito *Aedes Aegypti*, espécie domesticada e urbana. Os quatro sorotipos do vírus da dengue são denominados DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4. A infecção por qualquer um dos quatro sorotipos pode provocar um amplo espectro de reações no ser humano, desde infecções assintomáticas (pólo “benigno”) até a forma hemorrágica da doença, no outro pólo. Após a infecção, o indivíduo desenvolve imunidade permanente para aquele sorotipo específico.

Na seção 2, apresenta-se o modelo epidemiológico SEIR para a dengue, o modelo para sistemas multi-patch e a associação dos dois modelos para que se possa considerar a migração entre as espécies, bem como o cálculo do número de reprodutibilidade basal em redes de populações acopladas. Na seção 3, apresentam-se resultados numéricos obtidos.

¹Pesquisa realizada com suporte da CAPES.

²silviana@mat.ufrgs.br

³jaqx@mat.ufrgs.br

2. O Modelo

Nesta seção, apresenta-se o modelo epidemiológico SEIR de transmissão da dengue proposto por Elizabeth Newton e Paul Reiter [6] com o objetivo de avaliar a progressão de uma epidemia considerando a iteração de uma população hipotética. O modelo é composto por sete compartimentos ou classes que mudam de magnitude com o tempo e que representam os diferentes estágios da doença. São incluídos indivíduos de todas as idades e de ambos os sexos e, em relação aos mosquitos, somente as fêmeas adultas, pois somente elas são hematófagas. Usaremos as seguintes notações para designar as variáveis de estado para a população humana são: $S_h(t)$ = número de indivíduos suscetíveis no instante t , $E_h(t)$ = número de indivíduos expostos no instante t , $I_h(t)$ = número de indivíduos infectados no instante t , $R_h(t)$ = número de indivíduos recuperados no instante t . A notações que usamos para designar as variáveis de estado para a população do vetor (mosquito) são: $S_v(t)$ = número de mosquitos suscetíveis no instante t , $E_v(t)$ = número de mosquitos expostos no instante t , $I_v(t)$ = número de mosquitos infectados no instante t . Note-se que para a população do vetor a classe de recuperados é desconsiderada, pois, uma vez que o mosquito esteja infectado, permanece assim até a morte, tendo em vista que sua expectativa de vida é curta.

A dinâmica do modelo proposto por Newton e Reiter é descrita pelo sistema autônomo de equações diferenciais ordinárias não-lineares:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_h}{dt} = \frac{1}{M_h} N_h - c_{vh} I_v \frac{S_h}{N_h} - \frac{1}{M_h} S_h \\ \frac{dE_h}{dt} = c_{vh} I_v \frac{S_h}{N_h} - \frac{1}{D_h} E_h - \frac{1}{M_h} E_h \\ \frac{dI_h}{dt} = \frac{1}{D_h} E_h - \frac{1}{P_h} I_h - \frac{1}{M_h} I_h \\ \frac{dR_h}{dt} = \frac{1}{P_h} I_h - \frac{1}{M_h} R_h \\ \frac{dS_v}{dt} = \frac{K}{M_v} - c_{hv} S_v \frac{I_h}{N_h} - \frac{1}{M_v} S_v \\ \frac{dE_v}{dt} = c_{hv} S_v \frac{I_h}{N_h} - \frac{1}{D_v} E_v - \frac{1}{M_v} E_v \\ \frac{dI_v}{dt} = \frac{1}{D_v} E_v - \frac{1}{M_v} I_v \end{array} \right. \quad (2.1)$$

onde, para os humanos, M_h é a expectativa de vida e $\frac{1}{M_h}$ representa as taxas de natalidade e mortalidade, D_h é o período latente intrínseco e $\frac{1}{D_h}$ representa a taxa na qual as pessoas passam da classe dos expostos para a classe dos infectados, P_h é a duração da infecção e $\frac{1}{P_h}$ representa a taxa de recuperação da doença. Para os mosquitos: M_v é a expectativa de vida do mosquito e $\frac{1}{M_v}$ representa a taxa de mortalidade, D_v é o período latente extrínseco e $\frac{1}{D_v}$ representa a taxa na qual os mosquitos passam da classe dos expostos para a classe dos infectados, K é a capacidade de suporte ambiental do vetor e $\frac{K}{M_v}$ representa a taxa de recrutamento para a classe dos suscetíveis (maturação dos mosquitos), $c_{hv} = a_{hv} p_s$ é a taxa efetiva de contato, humano para vetor, $c_{vh} = a_{vh} p_i$ é a taxa efetiva de contato, vetor para humano, onde: a_{hv} é a probabilidade de um humano infectado transmitir o vírus

para um vetor suscetível durante a picada, a_{vh} é a probabilidade de um mosquito infectado transmitir o vírus para um humano suscetível durante a picada, p_s é o número de picadas por mosquito suscetível por dia e p_i é o número de picadas por mosquito infectado por dia.

A população total de humanos, $N_h = S_h + E_h + I_h + R_h$, é considerada constante (pois todos os nascimentos e mortes ocorrem a taxas iguais, todos os recém-nascidos são suscetíveis e consideram-se apenas mortes naturais) e, portanto, sua variação é nula. Constata-se também que a população total de mosquitos tende rapidamente para K (capacidade de suporte ambiental), de forma a ser possível assumir que N_v é constante e dada por $K = S_v + E_v + I_v$. Buscando as soluções do estado estacionário (pontos de equilíbrio), igualam-se as equações do sistema (2.1) a zero. As soluções do sistema são: ponto de equilíbrio livre da doença $E_0 = (S_h^*, 0, 0, 0, S_v^*, 0, 0)$, onde $S_h^* = N_h$ e $S_v^* = N_v$ e o ponto de equilíbrio endêmico $E_1 = (S_h^*, E_h^*, I_h^*, R_h^*, S_v^*, E_v^*, I_v^*)$.

Apresenta-se agora o modelo proposto por Jansen e Lloyd [4] para sistemas “multi-patch”, ou seja, uma população é considerada como sendo composta por uma coleção de subpopulações menores (“patches” ou sítios) entre as quais os indivíduos migram. O arranjo dos sítios e a junção deles é descrito por uma matriz. Considera-se um sistema de n sítios com k espécies interagindo. Por simplicidade, supõe-se que todos os sítios são ambientes idênticos, é por isso que, na ausência de migração, a dinâmica local em cada sítio é definida por:

$$x_j' = f(x_j), \quad j = 1, \dots, n, \quad (2.2)$$

onde $f : \mathbb{R}^k \rightarrow \mathbb{R}^k$ é uma função vetorial. Quando considera-se a migração entre os sítios, a dinâmica de população do sistema passa a ser definida por:

$$x_j' = f(x_j) + \sum_{i=1}^n c_{ij} M x_i, \quad j = 1, \dots, n, \quad (2.3)$$

onde $M_{k \times k}$ é uma matriz diagonal, com elementos m e é descrita como a migração entre as espécies. C é uma matriz $n \times n$, onde $C = c_{ij}$ descreve a estrutura do sistema e é o mesmo para todas as espécies. Os elementos da diagonal da matriz C , $c_{ii} = -1$, representam os indivíduos que deixam um determinado sítio e os elementos fora da diagonal da matriz C , $c_{ij} \geq 0 \forall i \neq j$, representam os indivíduos que migram do sítio i para o sítio j .

Conhecer a solução do sistema significa saber a configuração de cada sítio, isto é, a população de cada espécie em cada sítio. Representando por $j = 1, 2, \dots, n$, um índice do sítio, então a solução tem a forma $X(t) = \{x_j, j = 1, 2, \dots, n\}$. No equilíbrio homogêneo, tem-se a solução dada por $\bar{X} = (\bar{x}, \dots, \bar{x})^T$, isto é, $f(\bar{x}) = 0$, onde \bar{x} é o equilíbrio do sistema (2.2).

Uma das hipóteses assumidas é que a migração preserva o número de indivíduos. Assim, o número de indivíduos que deixam um sítio particular tem que se igualar à soma dos indivíduos que chegam a outros sítios.

Com isso tem-se que $\sum_{j=1}^n c_{ij} = 0, \forall i$. Desta forma, C tem um autovalor zero associado ao autovetor à esquerda $(1, \dots, 1)^T$. Usando essas propriedades adicionais

de C mencionadas, segue do teorema de Gerschgorin [[2], [5]] que todos os autovalores não nulos de C têm parte real negativa.

Para que o equilíbrio homogêneo seja solução do sistema, é necessário que o número de migrantes que deixam um sítio combine com o número de migrantes que

chegam a este sítio. Neste caso, $\sum_{i=1}^n c_{ij} = 0, \forall j$.

Ao considerar n grande, percebe-se que analisar a estabilidade de sistemas de dimensão $n \times k$ não é uma tarefa fácil. Por isso o seguinte resultado simplifica este problema, reduzindo a análise da estabilidade para n sistemas desacoplados de dimensão k [4].

Teorema 2.1. *Seja M uma matriz $k \times k$ e C uma matriz $n \times n$ com n autovetores linearmente independentes. Seja $f : \mathbb{R}^k \rightarrow \mathbb{R}^k$ uma função vetorial de classe C^1 e \bar{x} é uma solução de equilíbrio de (2.2), ou seja, $f(\bar{x})=0$. O sistema (2.3) linearizado em torno do equilíbrio \bar{x} pode ser transformado em n sistemas desacoplados da forma:*

$$x' = (Df(\bar{x}) + \lambda_i M)x, \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad (2.4)$$

onde λ_i são os autovalores de C .

O fato de C ser uma matriz simétrica, garante que C tem n autovetores linearmente independentes. Neste caso, os autovalores de C serão reais, mas não necessariamente distintos.

Este modelo para sistemas “multi-patch” é associado ao modelo SEIR para a dengue, que é composto por sete compartimentos ($k=7$). Ao se considerar a migração dos indivíduos na rede de populações acopladas de um modelo para a dengue, é importante salientar que esta é considerada apenas para os humanos pertencentes as classes dos suscetíveis, expostos e recuperados, pois quando os indivíduos pertencem a classe dos infectados, eles devem permanecer em repouso, por esta razão não migram. Os mosquitos adultos (considerados no modelo) também não migram, pois voam pouco durante seu tempo de vida. O fluxo entre os compartimentos é agora descrito por (2.3), onde:

$$f(x_j) = \begin{bmatrix} f_1(x_j) \\ f_2(x_j) \\ f_3(x_j) \\ f_4(x_j) \\ f_5(x_j) \\ f_6(x_j) \\ f_7(x_j) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{1}{M_h} N_h - c_{vh} I_{v_j} \frac{S_{h_j}}{N_h} - \frac{1}{M_h} S_{h_j} \\ c_{vh} I_{v_j} \frac{S_{h_j}}{N_h} - \frac{1}{D_h} E_{h_j} - \frac{1}{M_h} E_{h_j} \\ \frac{1}{D_h} E_{h_j} - \frac{1}{P_h} I_{h_j} - \frac{1}{M_h} I_{h_j} \\ \frac{1}{P_h} I_{h_j} - \frac{1}{M_h} R_{h_j} \\ \frac{K}{M_v} - c_{hv} S_{v_j} \frac{I_{h_j}}{N_h} - \frac{1}{M_v} S_{v_j} \\ c_{hv} S_{v_j} \frac{I_{h_j}}{N_h} - \frac{1}{D_v} E_{v_j} - \frac{1}{M_v} E_{v_j} \\ \frac{1}{D_v} E_{v_j} - \frac{1}{M_v} I_{v_j} \end{bmatrix}, \quad j = 1 \dots n, \quad (2.5)$$

onde $\mathbf{x}_j = (S_{h_j}, E_{h_j}, I_{h_j}, R_{h_j}, S_{v_j}, E_{v_j}, I_{v_j}) \forall j = 1, 2, \dots, n$ e

$$M = \text{diag}(m, m, 0, m, 0, 0, 0), \quad (2.6)$$

onde m é a taxa de migração e $\frac{1}{m}$ representa o tempo de permanência em cada sítio.

CÁLCULO DO NÚMERO DE REPRODUTIBILIDADE BASAL PARA A DENGUE PARA A REDE DE POPULAÇÕES ACOPLADAS.

O número reprodutivo básico da doença, R_0 , é essencialmente o número médio de infecções secundárias que um indivíduo infectado é capaz de produzir quando é introduzido em uma população hospedeira onde todos os indivíduos são suscetíveis. Quando uma infecção se estabelece, a fração inicial de suscetíveis começa a decrescer. No equilíbrio, cada infecção irá, em média, produzir uma infecção secundária, isto é, $R_0=1$. Em uma população parcialmente imune, o número reprodutivo efetivo R_1 será dado por $R_1= R_0S$, onde S é a fração da população hospedeira que é suscetível, conforme Anderson e May [1]. Para encontrar o número reprodutivo básico R_0 para a rede de populações acopladas, monta-se a matriz Jacobiana associada ao sistema (2.4), no ponto de equilíbrio $E_0 = (S_h^*, 0, 0, 0, S_v^*, 0, 0)$ (equilíbrio livre da doença), onde $S_h^* = N_h$ e $S_v^* = N_v$ e $\lambda_i, i=1, \dots, n$, corresponde aos autovalores da matriz C :

$$Df(E_0) = \begin{bmatrix} a_{11} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -c_{vh} \\ 0 & a_{22} & 0 & 0 & 0 & 0 & c_{vh} \\ 0 & \frac{1}{D_h} & a_{33} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{P_h} & a_{44} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -c_{hv} \frac{N_v}{N_h} & 0 & a_{55} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & c_{hv} \frac{N_v}{N_h} & 0 & 0 & a_{66} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{D_v} & a_{77} \end{bmatrix}, \quad (2.7)$$

onde:

$$a_{11} = -\frac{1}{M_h} + \lambda_i m, \quad a_{22} = -\frac{1}{D_h} - \frac{1}{M_h} + \lambda_i m, \quad a_{33} = -\frac{1}{P_h} - \frac{1}{M_h},$$

$$a_{44} = -\frac{1}{M_h} + \lambda_i m, \quad a_{55} = -\frac{1}{M_v}, \quad a_{66} = -\frac{1}{D_v} - \frac{1}{M_v}, \quad a_{77} = a_{55}.$$

Os autovalores obtidos da equação característica referente à matriz Jacobiana (2.7) são $\sigma_1 = -\frac{1}{M_v}$ e $\sigma_{2,3} = -\frac{1}{M_h} + \lambda_i m$, restando um polinômio de quarto grau da forma: $P(\sigma) = \sigma^4 + a_1\sigma^3 + a_2\sigma^2 + a_3\sigma + a_4$ onde

$$a_1 = \frac{A + B}{M_h M_v D_h P_h D_v}, \quad a_2 = \frac{C + D + E + F}{M}, \quad a_3 = \frac{G + H + I - J - L}{M},$$

$$a_4 = \frac{(M_v + D_v)(P_h + M_h)(D_h - \lambda_i m D_h M_h + M_h)}{D_h M_h^2 P_h D_v M_v^2} - \frac{c_{vh} c_{hv} N_v}{D_v D_h N_h}$$

e

$$\begin{aligned}
A &= P_h M_h D_v (M_v + 2D_h) + D_v M_v (2D_h P_h + D_h M_h), \\
B &= D_h M_h P_h M_v (1 - \lambda_i m D_v), \\
C &= M_h^2 N_h M_v (2D_h D_v + D_h M_v + P_h M_v) + D_h N_h M_v^2 M_h (2P_h + D_v), \\
D &= D_h P_h N_h M_v D_v (M_v + 4M_h) + P_h M_h^2 N_h M_v (D_h + 2D_v), \\
E &= M_h N_h M_v^2 D_v (P_h + M_h) + D_h P_h M_h^2 N_h D_v (1 - 2\lambda_i m M_v), \\
F &= -D_h M_h \lambda_i m N_h M_v^2 (P_h M_h + P_h D_v + M_h D_v), \\
G &= D_h N_h (P_h M_v^2 + M_h^2 M_v + M_h^2 D_v) + P_h M_h^2 N_h (M_v + D_v), \\
H &= N_h M_v (2D_h P_h D_v + P_h M_h M_v + M_h^2 M_v) + 2P_h M_h N_h M_v (D_v + D_h), \\
I &= 2M_h N_h D_v M_v (M_h + D_h) + D_h M_h N_h (2P_h D_v + M_v^2), \\
J &= D_h M_h^2 \lambda_i m N_h M_v (2D_v + M_v + P_h), \\
L &= D_h P_h M_h N_h (M_h \lambda_i m D_v + 2\lambda_i m D_v M_v + \lambda_i m M_v^2), \\
M &= N_h D_h M_h^2 P_h D_v M_v^2.
\end{aligned}$$

Para verificar se o equilíbrio E_0 é estável, testar-se-ão as condições do critério de Routh-Hurwitz, que são:

1. $a_1 > 0$; $a_3 > 0$; $a_4 > 0$;
2. $a_1 a_2 a_3 > a_3^2 + a_1^2 a_4$.

Utilizando o pacote de lógica do *software* Maple 5 e lembrando que todos os parâmetros envolvidos no modelo são positivos (ou seja: $M_h > 0$, $M_v > 0$, $D_h > 0$, $D_v > 0$, $P_h > 0$, $c_{vh} > 0$, $c_{hv} > 0$, $N_h > 0$, $N_v > 0$ e $m > 0$) e $\lambda_i \leq 0$, todas as condições necessárias e suficientes para o equilíbrio ser estável são satisfeitas, com exceção da condição onde $a_4 > 0$. Portanto, E_0 instável implica $a_4 < 0$. Da expressão $a_4 < 0$, após algumas simplificações:

$$\frac{N_v}{N_h} c_{vh} c_{hv} \frac{M_h}{(M_h - \lambda_i m D_h M_h + D_h)} \frac{M_h}{(M_h + P_h)} \frac{M_v^2}{(M_v + D_v)} P_h > 1. \quad (2.8)$$

Entretanto, como se supõe que C é uma matriz simétrica, então $-2 \leq \lambda_i \leq 0$, λ_i real, a desigualdade (2.9) se cumpre $\forall i \iff$ (2.9) se cumpre para o maior λ_i (λ_{max}), $i = 1, \dots, n$. Portanto:

$$\frac{N_v}{N_h} c_{vh} c_{hv} \frac{M_h}{(M_h - \lambda_{max} m D_h M_h + D_h)} \frac{M_h}{(M_h + P_h)} \frac{M_v^2}{(M_v + D_v)} P_h > 1. \quad (2.9)$$

Como o $\lambda_{max} = \lambda_1 = 0$, tem-se a seguinte expressão para R_0 :

$$R_0 = \frac{N_v}{N_h} c_{vh} c_{hv} \frac{M_h}{(M_h + D_h)} \frac{M_h}{(M_h + P_h)} \frac{M_v^2}{(M_v + D_v)} P_h.$$

Com isso, nota-se que a migração não influencia no valor do R_0 .

3. Resultados numéricos

Neste trabalho AS simulações foram feitas considerando a população dividida em redes com 2, 3, 5 e 7 sítios, porém apresentar-se-ão alguns resultados referentes a rede de populações dividida em 5 sítios. Dois diagramas foram considerados para representar o caminho percorrido de um sítio para outro.

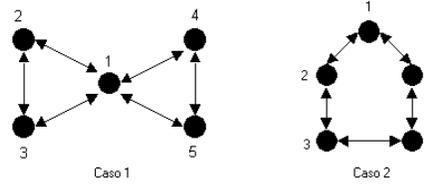


Figura 1: População dividida em 5 sítios.

A seguinte matriz C , simétrica, descreve a estrutura do sistema para o primeiro diagrama (caso 1):

$$C = \begin{bmatrix} -1 & \frac{1}{4} & \frac{1}{4} & \frac{1}{4} & \frac{1}{4} \\ \frac{1}{4} & -1 & \frac{3}{4} & 0 & 0 \\ \frac{1}{4} & \frac{3}{4} & -1 & 0 & 0 \\ \frac{1}{4} & 0 & 0 & -1 & \frac{3}{4} \\ \frac{1}{4} & 0 & 0 & \frac{3}{4} & -1 \end{bmatrix},$$

cujos autovalores são: $\lambda_1 = 0$, $\lambda_2 = -\frac{1}{4}$, $\lambda_3 = -\frac{5}{4}$ e $\lambda_{4,5} = -\frac{7}{4}$.

A matriz C para o segundo diagrama (caso 2) é:

$$C = \begin{bmatrix} -1 & \frac{1}{2} & 0 & 0 & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{2} & -1 & \frac{1}{2} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{2} & -1 & \frac{1}{2} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{2} & -1 & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{2} & 0 & 0 & \frac{1}{2} & -1 \end{bmatrix},$$

cujos autovalores são: $\lambda_1 = 0$, $\lambda_{2,3} = -\frac{5}{4} + \frac{1}{4}\sqrt{5}$ e $\lambda_{4,5} = -\frac{5}{4} - \frac{1}{4}\sqrt{5}$.

Os valores de m escolhidos, após algumas simulações realizadas, estão especificados em cada figura. Os valores iniciais atribuídos às variáveis de estado para o modelo (SEIR) de transmissão da dengue, onde a população foi dividida em 5 sítios, são: $S_{h_1}=S_{h_2}=S_{h_3}=S_{h_4}=S_{h_5}=2000$, $E_{h_j}=I_{h_j}=R_{h_j}=0$, para $j = 1, \dots, 5$, $S_{v_1}=2074$, $S_{v_2}=S_{v_3}=S_{v_4}=S_{v_5}=2075$, $E_{v_j}=0$ para $j = 1, \dots, 5$, $I_{v_1}=1$, $I_{v_2} = I_{v_3} = I_{v_4} = I_{v_5} = 0$. Os valores dos parâmetros do sistema usados nas simulações são: $a_{hv}=0,75$; $a_{vh}=0,75$; $b_s=0,5$; $b_i=1,0$; $c_{hv}=0,375$; $c_{vh}=0,75$; $K=20000$; $M_h=25000$ dias; $M_v=4$ dias; $D_h=5$ dias; $D_v=10$ dias e $P_h=3$ dias e foram extraídos de Dye [3], Newton e Reiter [6] e Sheppard et al. [7]. Nas Figuras, p_1, p_2, p_3, p_4, p_5 e p_t representam as populações no sítio 1, 2, 3, 4, 5, e população total, respectivamente.

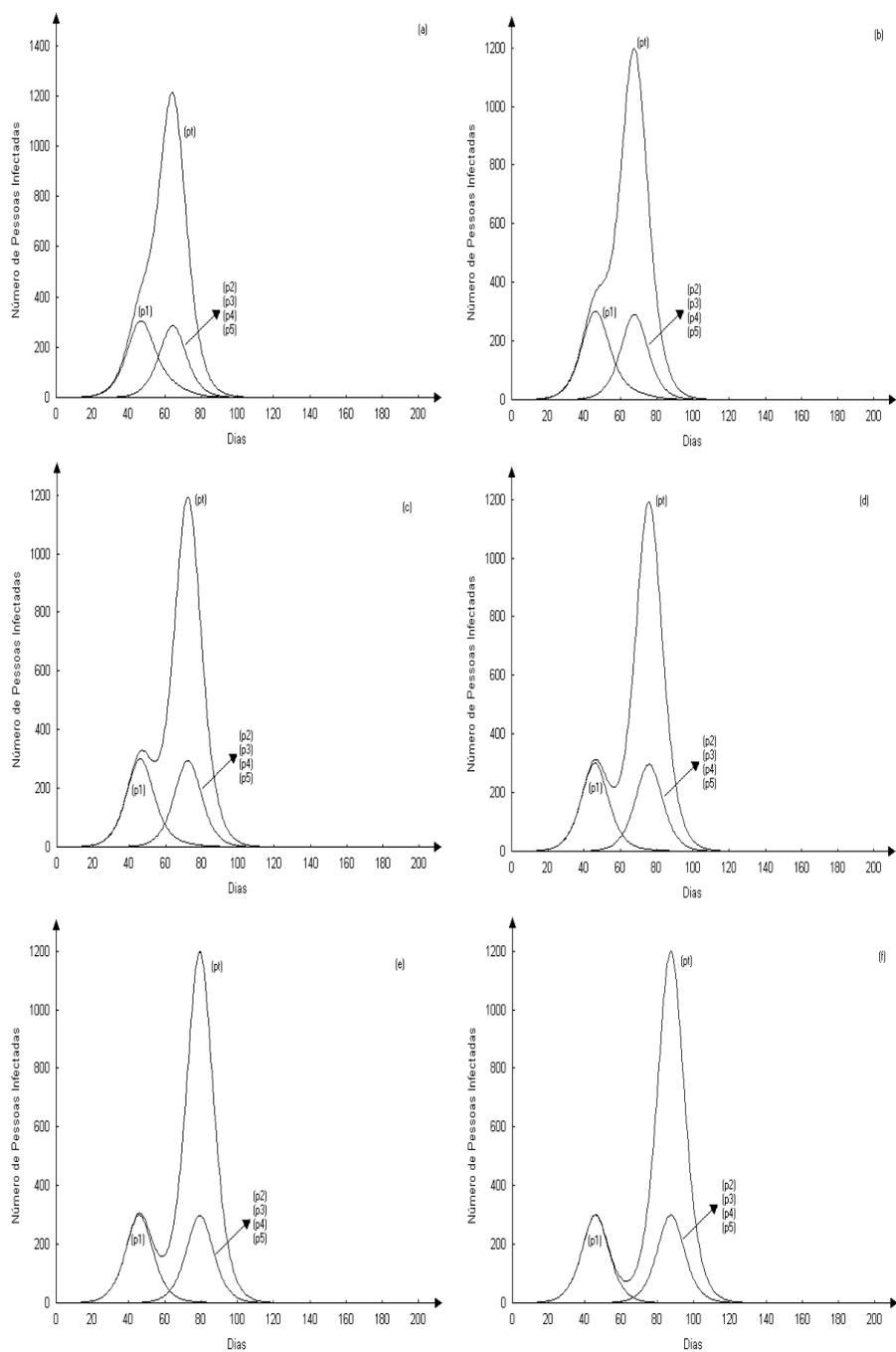


Figura 2: Curva de epidemia da dengue para a metapopulação dividida em 5 sítios (caso1) onde (a) $m = 0,01$; (b) $m = 0,005$; (c) $m = 0,002$; (d) $m = 0,001$; (e) $m = 0,0005$ e (f) $m = 0,0001$.

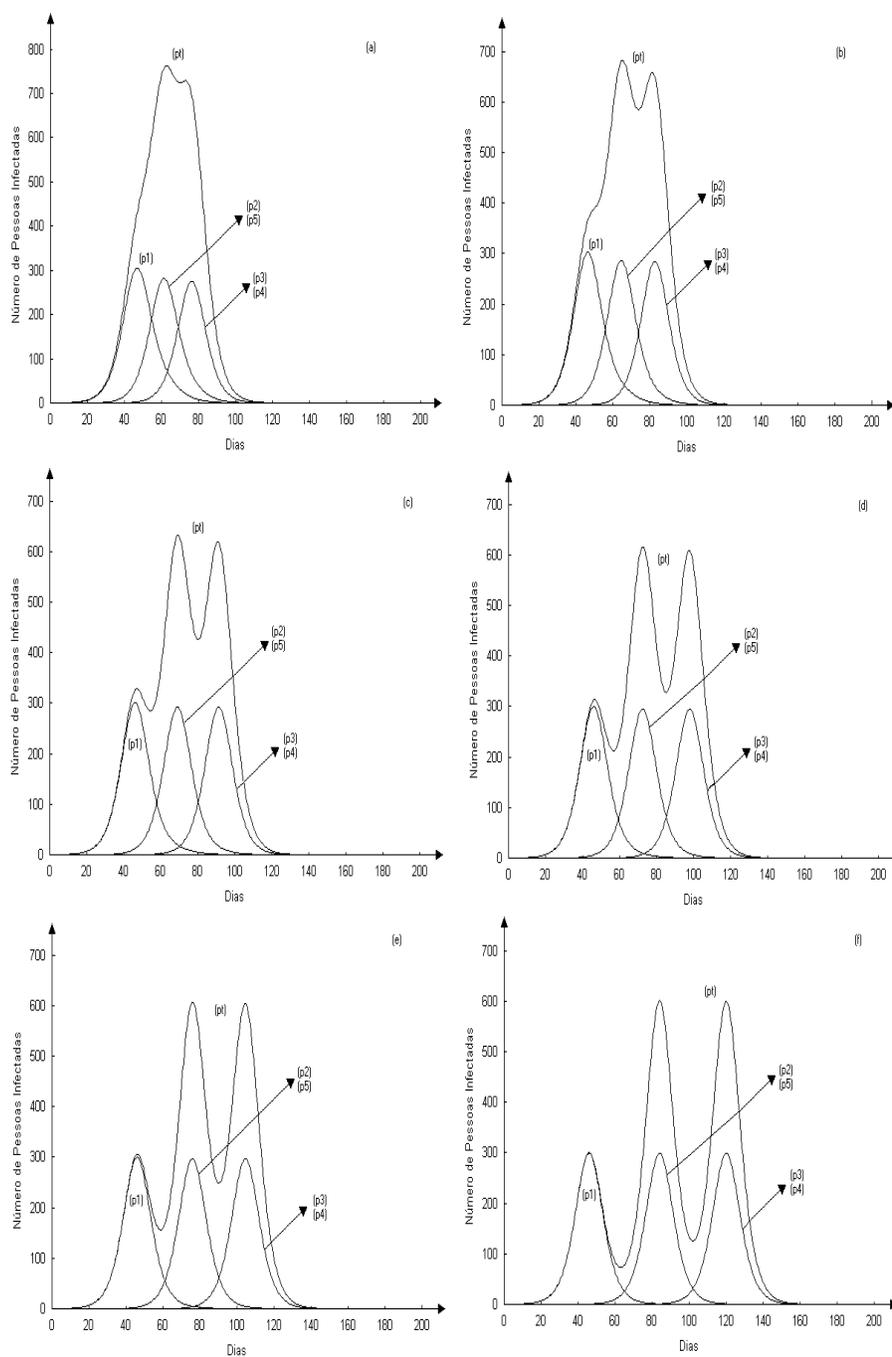


Figura 3: Curva de epidemia da dengue para a metapopulação dividida em 5 sítios (caso2) onde (a) $m = 0,01$; (b) $m = 0,005$; (c) $m = 0,002$; (d) $m = 0,001$; (e) $m = 0,0005$ e (f) $m = 0,0001$.

O método numérico utilizado foi o método de Runge-Kutta de quarta ordem. O sistema foi implementado em linguagem Fortran 90. As Figuras 2 e 3 fornecem a curva de uma epidemia de dengue para uma rede de cinco populações acopladas, que foram obtidas analisando o intervalo $[0, 400]$ dias e com passo $h = 0,5$. Das Figuras 2 e 3 nota-se que quanto maior o tempo de permanência em cada sítio, ou seja, quanto menor o valor de m , o número total de casos de dengue sofre um pequeno acréscimo. Percebe-se também que quando se tem uma taxa de migração pequena, a população total apresenta mais de um pico de epidemia. Na Figura 2, a população total foi dividida em 5 sítios de modo que apenas o sítio 1 tivesse mosquitos infectados e este tem contato com todos os outros sítios. Na Figura 2(d), (e) e (f) vê-se com clareza os dois picos da epidemia. Na Figura 3, a população total foi dividida em 5 sítios de modo que apenas o sítio 1 tivesse mosquitos infectados e este tem contato apenas com o sítio 2 e 5, os quais, por sua vez, têm contato com os sítios 3 e 4, isto faz com que a epidemia demore para acontecer nos sítios 3 e 4. Neste caso, na Figura 3(d), (e) e (f) vê-se com clareza três picos da epidemia.

Abstract. This work illustrates the theoretical fundamentals used in a deterministic model simulation (SEIR) of the dengue transmission proposed by Newton and Reiter [6] associated to the model proposed by Jansen and Lloyd [4] to multi-patch systems in order to investigate the migration effect in coupled map lattices.

Referências

- [1] R.M. Anderson e R.M. May, “Infectious Diseases of Humans - Dynamics and Control”, Oxford University Press Inc., New York, 1991.
- [2] R.L. Burden e J.D. Faires, “Análise Numérica”, Thomson , São Paulo, 2003.
- [3] C. Dye, Models for the Population Dynamics of the Yellow Fever Mosquito, *Aedes Aegypti*, *Journal of Animal Ecology*, **53** (1984), 247-268.
- [4] V.A.A. Jansen e A.L. Lloyd , Local stability analysis of spatially homogeneous solutions of multi-patch systems, *Mathematical Biology*, (2000), 232-252.
- [5] P. Lancaster e M. Tismenetsky, “The theory of matrices - Second edition with applications”, Academic Press, Orlando, Florida, 1985.
- [6] E.A.C. Newton e P. Reiter, A model of the transmission of dengue fever with an evaluation of the impact of Ultra-Low Volume (ULV) insecticide applications on dengue epidemics, *The American Society of Tropical Medicine and Hygiene*, **47**, No. 6 (1992), 709-720.
- [7] P.M. Sheppard, W.W. MacDonald, R.J. Tonn e B. Grab, The Dynamics of an Adult Population of *Aedes Aegypti* in Relation to Dengue Haemorrhagic Fever in Bangkok, *Journal of Animal Biology*, **38** (1969), 661-702.