

# Modelo con retardo temporal para la infección por Hantavirus

J.A. Reinoso\* F. Javier de la Rubia

*Departamento de Física Fundamental, Universidad Nacional de Educación a Distancia (UNED), Paseo Senda del Rey 9, E-28040 Madrid, Spain*

A raíz del descubrimiento en 1993 de la enfermedad Hantavirus Pulmonary Syndrome (HPS) capaz de causar la muerte en humanos, se identificó al virus SinNombre, como el causante de dicha enfermedad, y al ratón ciervo, el mamífero más extendido de Norte America, como su portador. Sin embargo hasta la fecha, no ha sido posible encontrar una vacuna que combata eficazmente la acción del virus. Como vía alternativa es posible estudiar la dinámica poblacional del ratón ciervo. Un factor que juega un papel relevante en la dinámica a largo plazo es el clima, y más en concreto variaciones climáticas como el Niño, la Niña o los monzones que se pueden asociar con los distintos fenómenos transitorios de aparición y desaparición de la infección<sup>1</sup>. En esta línea introducimos una nueva descripción basada en un modelo originalmente propuesto por Abramson y Kenkre<sup>2</sup>, para tener en cuenta la división por edades entre jóvenes inmunes al virus y adultos susceptibles (ecuaciones 1, 2 y 3). En él, un mecanismo de maduración, caracterizado por un término de retardo  $\tau$ , indica el tiempo que tarda en pasar de una etapa a otra. Estudiamos el modelo de forma analítica y numérica atendiendo al parámetro que describe las variaciones climáticas. De las simulaciones numéricas, se observa como el brote (la desaparición) de la infección tiene lugar un tiempo después, al aumento (descenso) de la población total de ratones debido a la mejora (el empeoramiento) de las condiciones climáticas (fig. 1).

$$\frac{dM_Y}{dt} = bM - cM_Y - \frac{M_Y M}{K} - be^{-\gamma\tau} M(t - \tau) \quad (1)$$

$$\frac{dM_{As}}{dt} = be^{-\gamma\tau} M(t - \tau) - cM_{As} - \frac{M_{As} M}{K} - aM_{As} M_{Ai} \quad (2)$$

$$\frac{dM_{Ai}}{dt} = -cM_{Ai} - \frac{M_{Ai} M}{K} + aM_{As} M_{Ai} \quad (3)$$

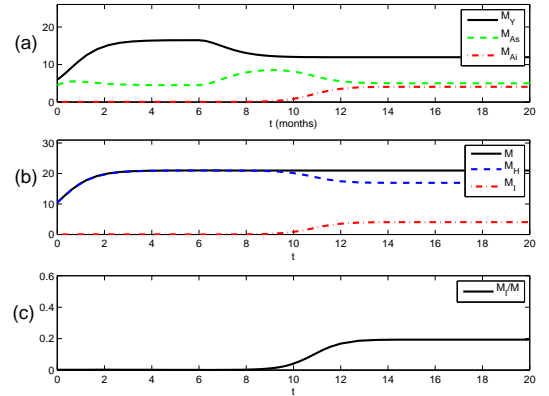


FIG. 1. Desencadenamiento de la infección. En la figura se observa la evolución temporal de la población de ratones, para los siguientes valores de los parámetros:  $a = 0.4$ ,  $b = 2$ ,  $c = 0.6$ ,  $\tau = 6$ ,  $K = 15$  and  $\gamma = 0.14$ . La condición inicial es:  $M_Y = 5.96$ ,  $M_{As} = 4.50$ ,  $M_{Ai} = 0.02$ . En (a) estudiamos la evolución de las tres variables: jóvenes,  $M_Y$ , adultos susceptibles,  $M_{As}$  y adultos infectados,  $M_{Ai}$ . En (b) se aprecia como el conjunto de todos los ratones,  $M$ , sigue la ecuación logística que se relaja rápidamente a un punto fijo después de un transitorio. A partir de entonces el sistema evoluciona dejando constante el número de ratones.  $M_H$  se refiere a los ratones no infectados,  $M_Y + M_{As}$ , y  $M_I$  a los infectados. La aparición de la infección se observa claramente en (c), donde se representa la relación entre ratones infectados y el total, iniciándose después de un tiempo que coincide con el tiempo de maduración  $\tau$ .

\* jmaparicio@bec.uned.es

<sup>1</sup> T. L. Yates, J. N. Mills, C. A. Parmenter, T. G. Ksiazek, R. R. Parmenter, J. R. Vande Castle, C. H. Calisher, S. T. Nichol, K. D. Abbot, J. C. Young, et al., *BioScience* 52, 989 (2002).

<sup>2</sup> G. Abramson and V. Kenkre, *Phys. Rev. E* 66, 011912 (2002).