

Mara Perez

Instituto de Desarrollo Tecnológico para la Industria Química, CONICET-UNL, Argentina
maraisabel.pe@gmail.com

Son varios los modelos matemáticos que se han desarrollado para describir y estudiar la propagación de un virus dentro de un paciente [1] y la efectividad de distintos tratamientos [2]. Los más conocidos comprenden un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias cuyos compartimentos representan tanto al agente infeccioso (virus) como a las células susceptibles a la infección [3,4]. En general, estudiar el comportamiento del sistema permite entender el potencial que tiene de ser controlado y, para ello, se hace necesario caracterizar algunos conceptos relacionados a la dinámica del sistema de control: algunos fundamentales, como equilibrios y estabilidad, y otros necesarios para diseñar estrategias de control alcanzables, como el valor crítico de células susceptibles (bajo el cual la infección ya no puede propagarse) [5]. En este trabajo, se propone una caracterización completa del comportamiento dinámico del sistema controlado y, en base a esta caracterización, se muestra qué posibilidades de control brinda el sistema para simultáneamente mantener la carga viral (relacionada con la infecciosidad del paciente) y el total de células infectadas al final de la infección (relacionada con la severidad de la misma) por debajo de respectivos y predefinidos umbrales. Con el fin de mostrar el potencial de las estrategias de control propuestas, se presentan simulaciones de un paciente de COVID-19 bajo un tratamiento impulsivo con Paxlovid.

Trabajo en conjunto con Pablo Abuin (Instituto de Desarrollo Tecnológico para la Industria Química, CONICET-UNL, Santa Fe, Argentina), Marcelo Actis (Facultad de Ingeniería Química, CONICET-UNL, Santa Fe, Argentina), Antonio Ferramosca (Department of Management, Information and Production Engineering, University of Bergamo, Italy), Esteban Hernández-Vargas (Instituto de Matemáticas, Unidad Juriquilla, UNAM, Mexico) y Alejandro González (Instituto de Desarrollo Tecnológico para la Industria Química, CONICET-UNL, Santa Fe, Argentina).

Referencias

- [1] P. Abuin, A. Anderson, A. Ferramosca, E. A. Hernandez-Vargas, and A. H. Gonzalez. Characterization of SARS-CoV-2 Dynamics in the Host. *Annual Reviews in Control*, 2020
- [2] P. Abuin, A. Anderson, A. Ferramosca, E. A. Hernandez-Vargas, and A. H. Gonzalez. Dynamical characterization of antiviral effects in covid-19. *arXiv preprint arXiv:2012.15585*, 2020
- [3] A. M. Smith and A. S. Perelson. Influenza A virus infection kinetics: quantitative data and models. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Systems Biology and Medicine*, 3(4):429–445, 2011.
- [4] P. van den Driessche. Reproduction numbers of infectious disease models. *Infectious Disease Modelling*, 2(3):288–303, 2017
- [5] M. Perez, P. Abuin, M. Actis, A. Ferramosca, E. A. Hernandez-Vargas, and A. H. González. Chapter 2 - optimal control strategies to tailor antivirals for acute infectious diseases in the host: a study case of covid-19. In E. A. Hernandez-Vargas, editor, *Feedback Control for Personalized Medicine*, pages 11–39. Academic Press, 2022.