

# Projeto final

**Aluno: Andrew da Silva Faria**

**DRE: 121081559**

**Disciplina: Computação científica e análise de dados**

**Tema: Modelos Epidemiológicos**

## Introdução

Modelos epidemiológicos são ferramentas essenciais no estudo e compreensão de como doenças se espalham em populações. Esses modelos matemáticos buscam simular e prever o comportamento de epidemias, considerando fatores como taxa de transmissão, período de incubação e intervenções de saúde pública. Ao fornecer insights sobre o impacto potencial de medidas de controle, tais modelos desempenham um papel crucial na formulação de estratégias eficazes para gerenciar surtos e proteger a saúde coletiva.

Esses modelos podem ser construídos usando equações diferenciais ordinárias, assumindo um caráter determinístico, mas neste projeto será utilizado uma abordagem estocástica (aleatória/probabilística), que nos permitirá utilizar cadeias de Markov para modelagem do problema e utilização de sistemas dinâmicos, conhecimentos obtidos no decorrer da disciplina (Computação científica e análise de dados).

Nesse projeto focaremos em 2 tipos de modelos: SIR e SIS.

## Modelo SIR

O modelo SIR é uma das modelagens mais simples para esse tipo de problema. Nele, vamos trabalhar com 3 principais estados:

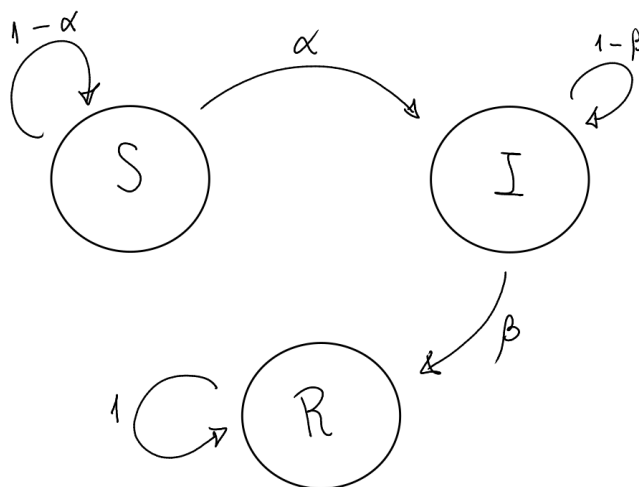
- S - Suscetíveis - Indica as pessoas que estão saudáveis, porém estão suscetíveis a contrair a doença

- I - Infectados - Indica as pessoas que estão infectadas, que contraíram a doença
- R - Removidas - Indica as pessoas que ficaram bem depois da doença (de forma que não contrairão a doença novamente, por terem se tornado resistentes a infecção, por exemplo) ou pessoas que morreram devido à infecção.

Esse modelo demonstra uma boa capacidade de previsão em relação a doenças infecciosas que se propagam entre pessoas e nas quais a recuperação proporciona imunidade duradoura, como no caso do sarampo, caxumba e rubéola. Além disso, sua aplicação se estende além da epidemiologia, sendo utilizado, por exemplo, na análise da disseminação de popularidade musical, influência política, propagação de boatos, posse de armas e na avaliação da rapidez de resposta diante de congestionamentos de tráfego.

Com os estados definidos, podemos construir uma matriz de transição, que irá estabelecer o funcionamento da dinâmica da população, nos mostrando como o sistema se comporta com o passar do tempo. Para isso, definiremos 2 variáveis que controlarão a movimentação dos diferentes grupos de pessoas:

- $\alpha \rightarrow$  probabilidade uma pessoa (suscetível) ser contaminada (probabilidade de infecção).
- $\beta \rightarrow$  probabilidade uma pessoa infectada ser curada ou vir a óbito.



(1) Grafo em que os vértices representam os estados e as setas indicam para onde o estado pode transicionar. Os pesos das arestas representam a probabilidade da transição de um estado para o outro ocorrer.

Com isso montamos a matriz  $T$ , tal que  $T_{ij}$  indica a probabilidade de a partir do estado  $i$  irmos ao estados  $j$ :

$$T = \begin{bmatrix} 1 - \alpha & \alpha & 0 \\ 0 & 1 - \beta & \beta \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

## Analizando a dinâmica populacional SIR

A modelagem do problema SIR nos permite montar um sistema dinâmico em que podemos encontrar a distribuição da população de cada estado existente, e assim, analisar o como essa distribuição se altera com o decorrer do tempo. O sistema ficará da seguinte forma:

$$\begin{bmatrix} S^{(k+1)} \\ I^{(k+1)} \\ R^{(k+1)} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 - \alpha & \alpha & 0 \\ 0 & 1 - \beta & \beta \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}^t \cdot \begin{bmatrix} S^{(k)} \\ I^{(k)} \\ R^{(k)} \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} S^{(k+1)} \\ I^{(k+1)} \\ R^{(k+1)} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 - \alpha & 0 & 0 \\ \alpha & 1 - \beta & 0 \\ 0 & \beta & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} S^{(k)} \\ I^{(k)} \\ R^{(k)} \end{bmatrix}$$

Com esse sistema dinâmico em mãos, podemos analisar a matriz  $T^t$  para identificarmos o comportamento do sistema de acordo com os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ , identificando se o sistema converge ou diverge para os diferentes valores de parâmetros utilizados.

Para isso, precisamos identificar os autovalores da nossa matriz de transição.

**Calculando autovalores:**

$$\det(A - I\lambda) = 0$$

$$\det\left(\begin{bmatrix} 1 - \alpha - \lambda & 0 & 0 \\ \alpha & 1 - \beta - \lambda & 0 \\ 0 & \beta & 1 - \lambda \end{bmatrix}\right) = (1 - \alpha - \lambda) \cdot (1 - \beta - \lambda) \cdot (1 - \lambda) = 0$$

$$\therefore \lambda_1 = 1 - \alpha, \lambda_2 = 1 - \beta, \lambda_3 = 1$$

Sabendo que os valores de  $\alpha, \beta \leq 1$ , visto que são valores que indicam a probabilidade de um evento, então temos que  $\lambda_1, \lambda_2 \geq 0$  e  $\lambda_1, \lambda_2 \leq 1$ , fazendo com que o maior autovalor da nossa matriz de transição seja 1. Só com essa informação, podemos afirmar que a matriz convergirá! Isso porque, para um vetor inicial  $v$  qualquer, escrevendo-o como combinação dos autovetores  $w_1, w_2$  e  $w_3$  que formam a matriz  $T$ , teremos:

$$\begin{aligned} v &= c_1 \cdot w_1 + c_2 \cdot w_2 + c_3 \cdot w_3 \\ T^k \cdot v &= T^k(c_1 \cdot w_1 + c_2 \cdot w_2 + c_3 \cdot w_3) \\ T^k \cdot v &= c_1 \cdot T^k \cdot w_1 + c_2 \cdot T^k \cdot w_2 + c_3 \cdot T^k \cdot w_3 \\ T^k \cdot v &= c_1 \cdot \lambda_1^k \cdot w_1 + c_2 \cdot \lambda_2^k \cdot w_2 + c_3 \cdot \lambda_3^k \cdot w_3 \end{aligned}$$

Para  $k \rightarrow \infty$ :

- Se  $0 \leq \lambda_1 < 1$ , então  $\lim_{k \rightarrow \infty} \lambda_1^k \rightarrow 0$ . Caso  $\lambda_1 = 1$ , então  $\lim_{k \rightarrow \infty} \lambda_1^k \rightarrow 1$
- Se  $0 \leq \lambda_2 < 1$ , então  $\lim_{k \rightarrow \infty} \lambda_2^k \rightarrow 0$ . Caso  $\lambda_2 = 1$ , então  $\lim_{k \rightarrow \infty} \lambda_2^k \rightarrow 1$
- Como  $\lambda_3 = 1$ , temos  $\lim_{k \rightarrow \infty} \lambda_3^k \rightarrow 1$ .

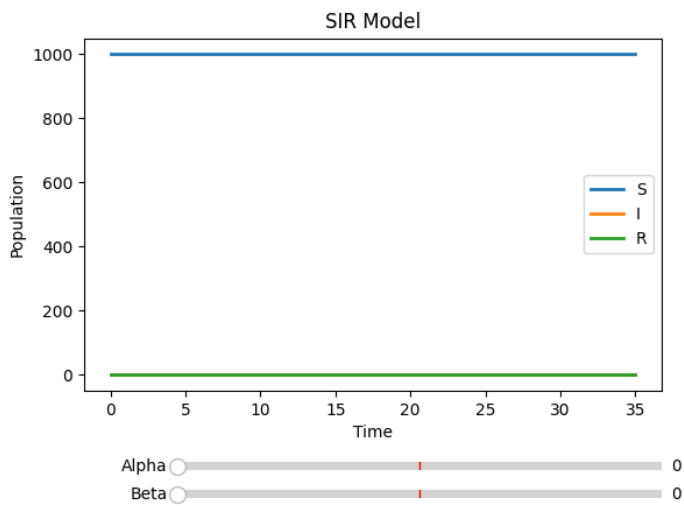
Assim:

### Quando $\lambda_1 = 1$ e $\lambda_2 = 1$

Ocorre quando  $\alpha = \beta = 0$ .

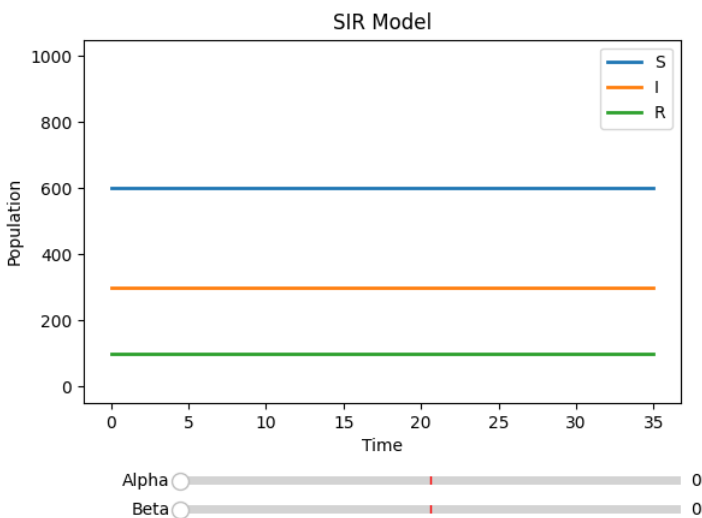
$$T^k \cdot v = c_1 \cdot 1 \cdot w_1 + c_2 \cdot 1 \cdot w_2 + c_3 \cdot 1 \cdot w_3 = v$$

Isso nos mostra que a população não mudará em relação a sua distribuição inicial, o que é algo esperado, pois  $\alpha = \beta = 0$  nos indica que as pessoas que estão no grupo de suscetíveis não vão se tornar infectadas e as pessoas estão no grupo de infectados não serão curadas ou falecerão.



(2) Utilizando um vetor inicial

$$v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$



(3) Utilizando um vetor inicial

$$v_0 = \begin{bmatrix} 600 \\ 300 \\ 100 \end{bmatrix}$$

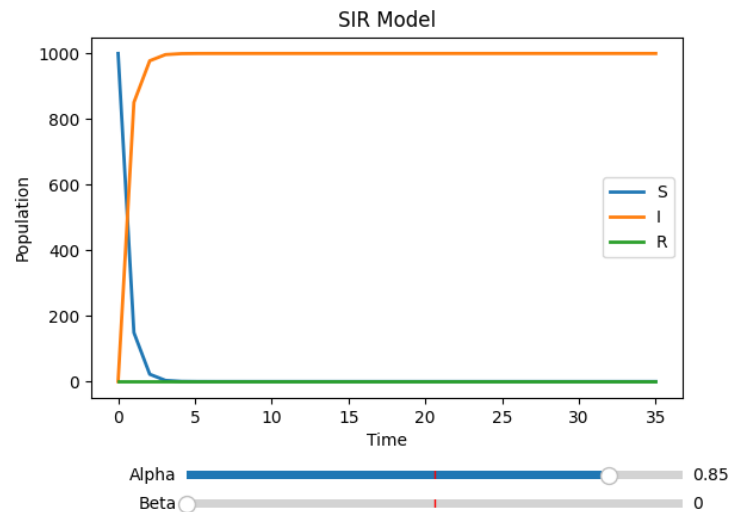
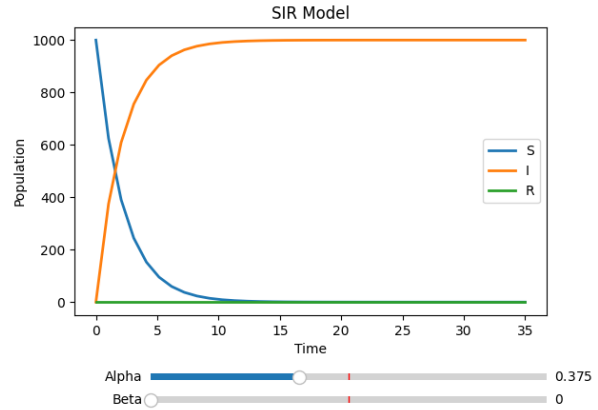
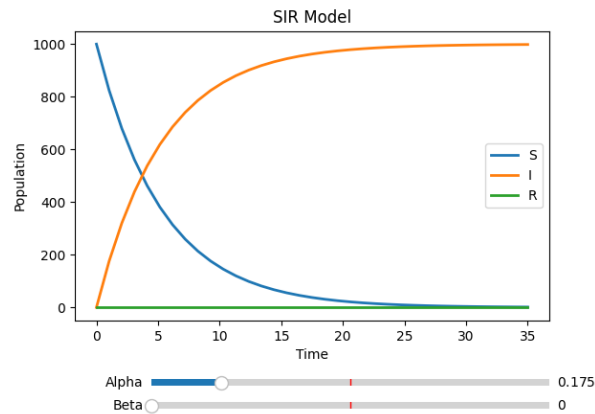
**Quando  $\lambda_1 < 1$  e  $\lambda_2 = 1$ :**

Ocorre quando  $\alpha > 0$  e  $\beta = 0$ .

$$T^k \cdot v = c_1 \cdot 0 \cdot w_1 + c_2 \cdot 1 \cdot w_2 + c_3 \cdot 1 \cdot w_3 = c_2 \cdot w_2 + c_3 \cdot w_3$$

Nesse caso, vemos que a distribuição convergirá para uma combinação dos autovetores cujos autovalores associados são 1. Isso também é algo notável, visto que não temos

nenhuma forma de reabastecimento do sistema (colocando novas pessoas no grupo de suscetíveis), o que faz com que, eventualmente, esse grupo se extingue e, como  $\beta = 0$ , não há saída de indivíduos do grupo dos infectados e como as pessoas suscetíveis desaparecem, o numero de pessoas infectadas para de crescer em algum momento.



(4) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$  variando valores de  $\alpha$

**Quando  $\lambda_1 = 1$  e  $\lambda_2 < 1$ :**

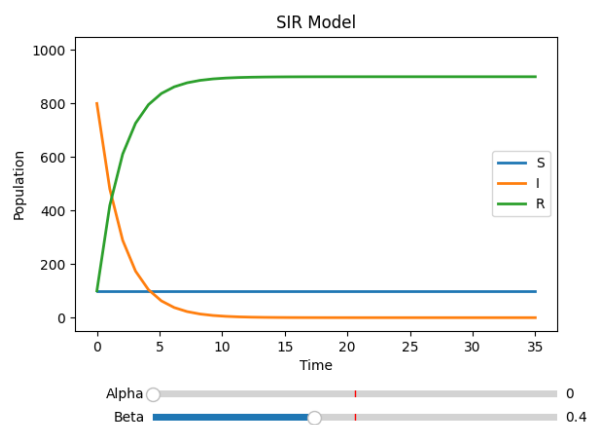
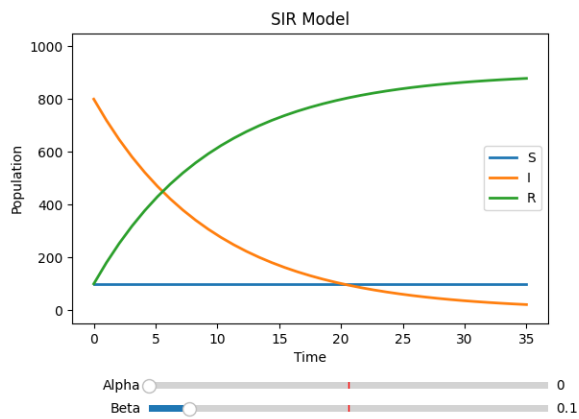
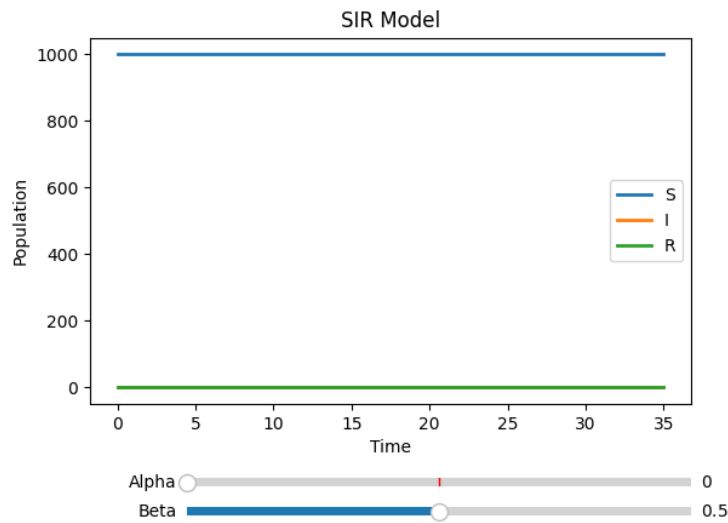
Ocorre quando  $\alpha = 0$  e  $\beta > 0$ .

$$T^k \cdot v = c_1 \cdot 1 \cdot w_1 + c_2 \cdot 0 \cdot w_2 + c_3 \cdot 1 \cdot w_3 = c_1 \cdot w_1 + c_3 \cdot w_3$$

É análogo ao caso anterior, com a diferença que é que usaremos o autovetor  $w_1$  ao invés do autovetor  $w_2$ .

(5) Utilizando um vetor inicial

$$v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$



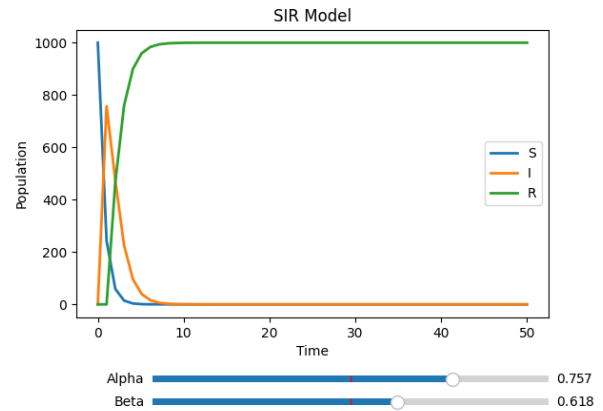
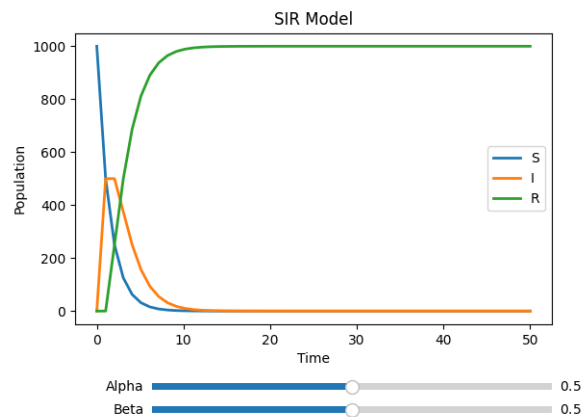
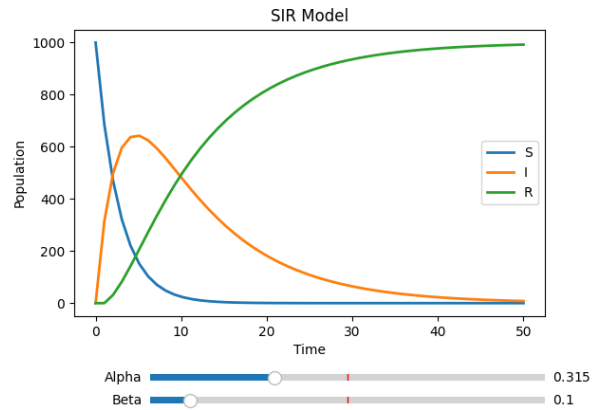
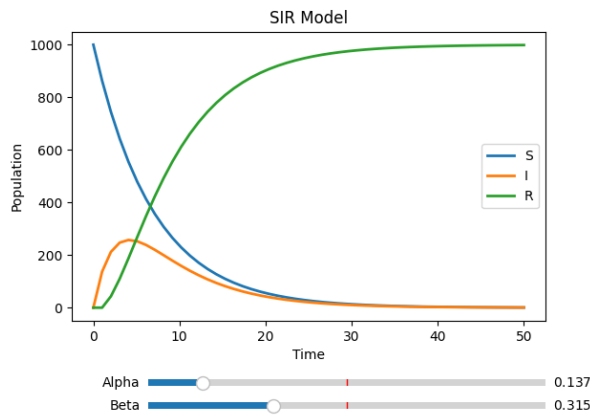
(6) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$  variando valores de  $\beta$

Quando  $\lambda_1 < 1$  e  $\lambda_2 < 1$ :

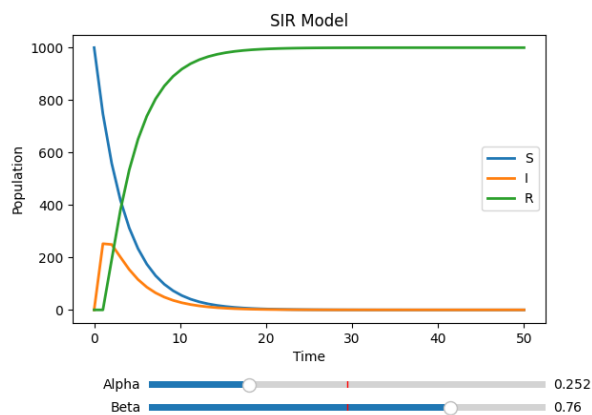
Ocorre quando  $\alpha > 0$  e  $\beta > 0$ .

$$T^k \cdot v = c_1 \cdot 0 \cdot w_1 + c_2 \cdot 0 \cdot w_2 + c_3 \cdot 1 \cdot w_3 = c_3 \cdot w_3$$

Temos agora que o sistema converge para o vetor  $c_3 \cdot w_3$ . Novamente, o fato de termos  $\alpha, \beta > 0$  nos indica que temos uma movimentação dos indivíduos entre os grupos, e como não há pessoas reabastecendo o sistema, eventualmente os grupos de indivíduos suscetíveis e infectados se extinguirão.







(7) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$  variando valores de  $\alpha$  e  $\beta$ .

Interessante mencionar que, a velocidade de convergência esta diretamente ligada aos valores de  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$ , e portanto, é influenciada pelos parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ .

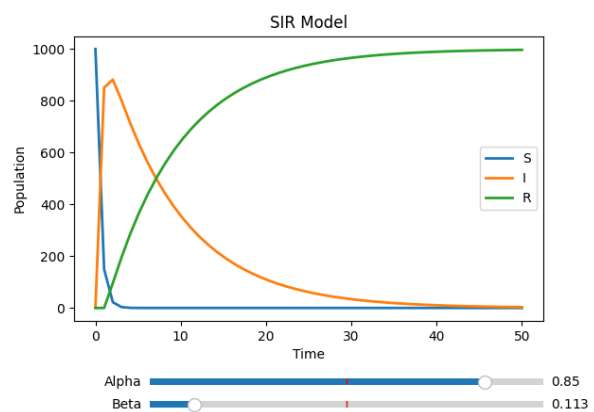
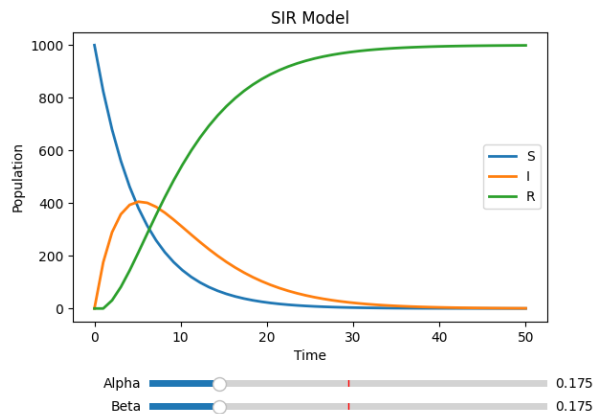
Quando os parâmetros estão mais próximos de 1, a convergência tende a acontecer de maneira mais rápida/brusca. Isso se da pois

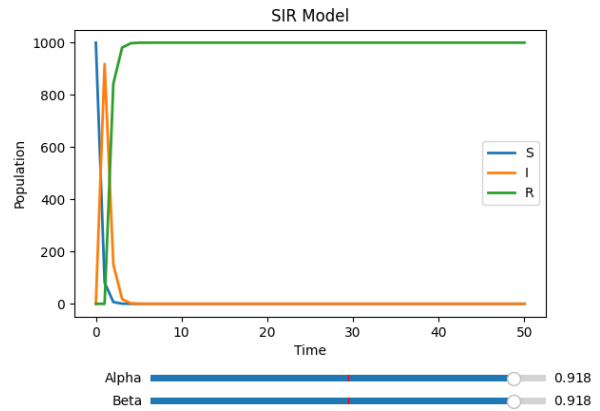
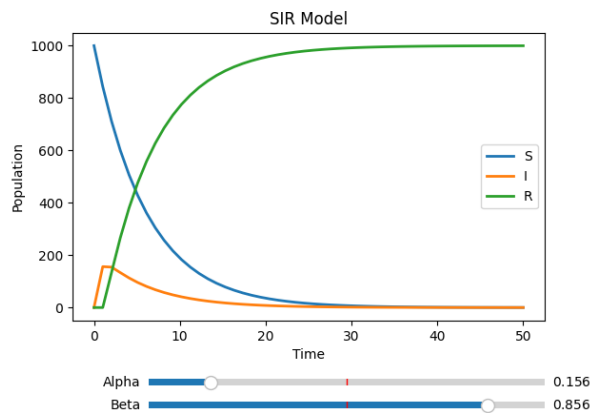
$$\alpha \rightarrow 1 \therefore \lambda_1 \rightarrow 0, \text{ visto que } \lambda_1 = 1 - \alpha$$

$$e$$

$$\beta \rightarrow 1 \therefore \lambda_2 \rightarrow 0, \text{ visto que } \lambda_2 = 1 - \beta,$$

Logo, quando tivermos  $k \rightarrow \infty$ , os valores  $\lambda_i^k$  tenderão para 0 bem mais rápido, comparados a se  $\lambda$  fosse próximo de 1.





(8) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$  variando valores de  $\alpha$  e  $\beta$  para verificar a velocidade de convergência

Em particular, vemos que quando  $\alpha \approx 0$ , a curva que mostra a transição do número de pessoas suscetíveis cai drasticamente, pontuando claramente convergência destacada.

Enquanto isso, quando  $\beta \approx 0$ , as curvas referentes ao número de pessoas infectadas e o número de pessoas removidas convergem rapidamente.

## Modelo SIS

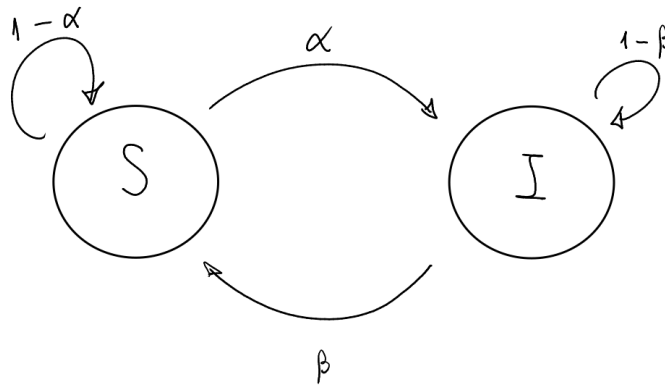
Além do modelo SIR, existem algumas variações que apresentam algumas distinções na modelagem do problema. Um dessas variações é o modelo SIS, que se apresenta como uma melhor adaptação para os problemas epidemiológicos de infecções, como gripe e influenza, em que há uma reincidência da doença sobre o mesmo indivíduo, por não conferir uma imunização para um longo prazo. Nesses casos, as pessoas ganham uma resistência temporária pós recuperação, porém esses indivíduos acabam se tornando suscetíveis a contrair a doença novamente.

Dessa maneira, para a modelagem SIS, vamos trabalhar com apenas 2 principais estados ao invés de 3 (como visto no SIR):

- $S$  - Suscetíveis - Indica as pessoas que estão saudáveis, porém estão suscetíveis a contrair a doença
- $I$  - Infectados - Indica as pessoas que estão infectadas, que contraíram a doença

Também temos que definir duas probabilidades:

- $\alpha$  - Descreve a probabilidade do individuo suscetivel contrair a infecção
- $\beta$  - Descreve a probabilidade do individuo infectado recuperar da doença, se tornando um suscetível.



(9) Grafo em que os vertices representam os estados e as setas indicam para onde o estado pode transicionar. Os pesos da arestas representam a probabilidade da transicao de um estado para o outro ocorrer.

Com isso, podemos construir a matriz de transição  $M$ , tal que  $M_{ij}$  indica a probabilidade de a partir do estado  $i$  irmos ao estados  $j$ :

$$M = \begin{bmatrix} 1 - \alpha & \alpha \\ \beta & 1 - \beta \end{bmatrix}$$

## Analizando a dinâmica populacional SIS

Da mesma maneira que fizemos no SIR, montaremos um sistema dinâmico para analisar o comportamento da dinâmica populacional para o modelo SIS. Diferente do modelo SIS, nosso vetor de distribuição será um vetor  $\mathbb{R}^2$ , contendo o número de indivíduos suscetíveis na população no instante  $k$  (descrito por  $S^k$ ) e o número de indivíduos infectados na população no instante  $k$  (descrito por  $I^k$ ). Diante disso, com a matriz de transição  $M$  construída anteriormente, temos :

$$\begin{bmatrix} S^{(k+1)} \\ I^{(k+1)} \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} 1 - \alpha & \alpha \\ \beta & 1 - \beta \end{pmatrix}^t \cdot \begin{bmatrix} S^{(k)} \\ I^{(k)} \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} S^{(k+1)} \\ I^{(k+1)} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 - \alpha & \beta \\ \alpha & 1 - \beta \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} S^{(k)} \\ I^{(k)} \end{bmatrix}$$

Novamente, a ideia agora é verificarmos como os valores de  $\alpha$  e  $\beta$  influenciam na dinâmica populacional, investigando como sua variação impacta na convergência/divergência do sistema. Para esse estudo, usaremos o mesmo método anteriormente: encontrar autovalores da matriz de transição  $M$ .

**Calculando autovalores:**

$$\det(A - I\lambda) = 0$$

$$\det\left(\begin{bmatrix} 1 - \alpha - \lambda & \beta \\ \alpha & 1 - \beta - \lambda \end{bmatrix}\right) =$$

$$(1 - \alpha - \lambda) \cdot (1 - \beta - \lambda) - \alpha \cdot \beta = 0$$

$$\lambda^2 - 2\lambda + \lambda(\alpha + \beta) + \alpha \cdot \beta - \alpha - \beta + 1 - \alpha \cdot \beta = 0$$

$$\lambda^2 - \lambda(2 - \alpha - \beta) - \alpha - \beta + 1 = 0$$

Utilizando Bhaskara para encontrar  $\lambda$ :

$$\Delta = (2 - \alpha - \beta)^2 - 4 \cdot (1 - \alpha - \beta)$$

$$\Delta = 4 - 4\alpha - 4\beta + \alpha^2 + 2\alpha\beta + \beta^2 - 4 + 4\alpha + 4\beta$$

$$\Delta = \alpha^2 + 2\alpha\beta + \beta^2 = (\alpha + \beta)^2$$

$$\lambda = \frac{(2 - \alpha - \beta) \pm \sqrt{(\alpha + \beta)^2}}{2}$$

$$\lambda_1 = \frac{2 - \alpha - \beta + (\alpha + \beta)}{2} = 1$$

$$\lambda_2 = \frac{2 - \alpha - \beta - (\alpha + \beta)}{2} = 1 - \alpha - \beta$$

Note que semelhantemente ao caso anterior ambos os autovalores são, em modulo, menores do que 1!

- $\lambda_1 = 1$
- $\lambda_2 = 1 - (\alpha + \beta) \wedge \alpha, \beta \geq 0 \wedge \alpha, \beta \leq 1 \implies |\lambda_2| \leq 1$

De forma análoga ao que foi feita no SIR, para um vetor qualquer inicial  $v$ , podemos escrevê-lo como combinação dos autovetores  $w_1$  e  $w_2$  de  $M$  e conseguir as seguintes expressões:

$$v = c_1 \cdot w_1 + c_2 \cdot w_2$$

$$M^k \cdot v = M^k(c_1 \cdot w_1 + c_2 \cdot w_2)$$

$$M^k \cdot v = c_1 \cdot \lambda_1^k \cdot w_1 + c_2 \cdot \lambda_2^k \cdot w_2$$

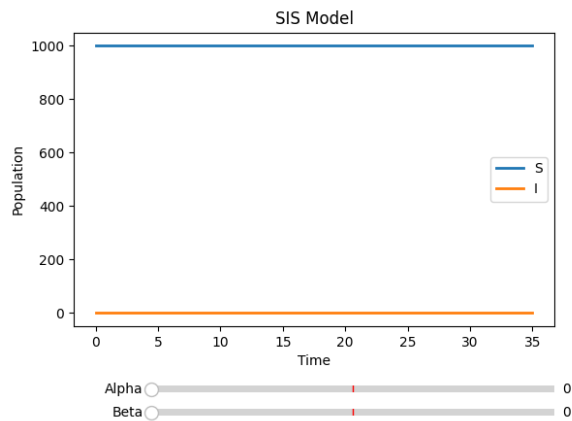
Vamos agora ver mais em detalhes os efeitos causados pelos valores de  $\alpha$  e  $\beta$  sobre o sistema.

## Quando $\alpha + \beta = 0$

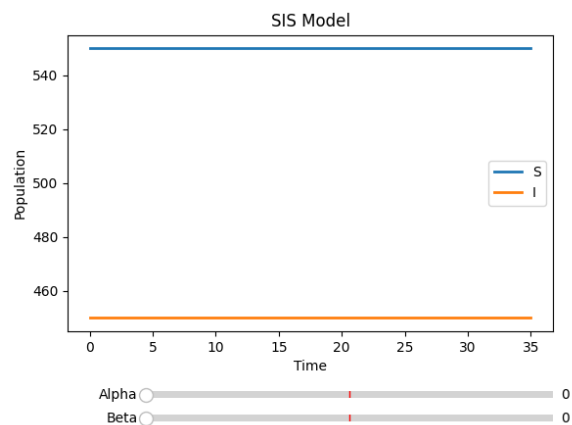
Resulta em  $\lambda_2 = 1$

$$M^k \cdot v = c_1 \cdot 1 \cdot w_1 + c_2 \cdot 1 \cdot w_2 = v$$

Isso evidencia que a composição inicial da população permanecerá inalterada, conforme o previsto, uma vez que para  $\alpha + \beta = 0$ , teremos  $\alpha = \beta = 0$ , e isso indica que os indivíduos suscetíveis não serão infectados, e aqueles no grupo de infectados não se recuperarão nem sofrerão fatalidades.



(10) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \end{bmatrix}$



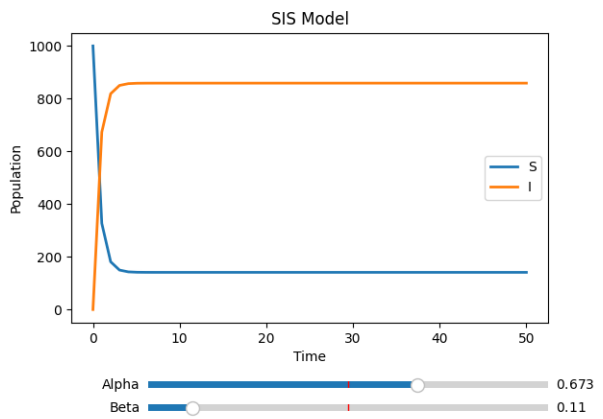
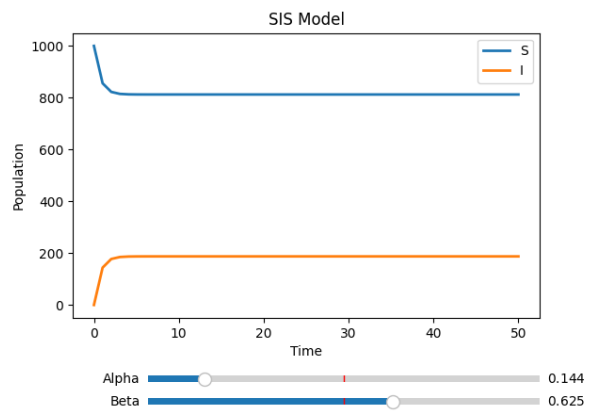
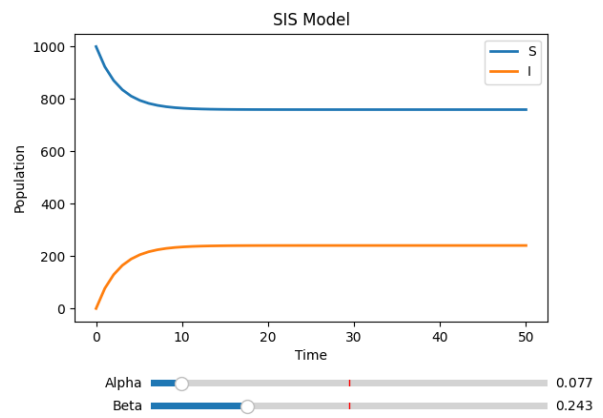
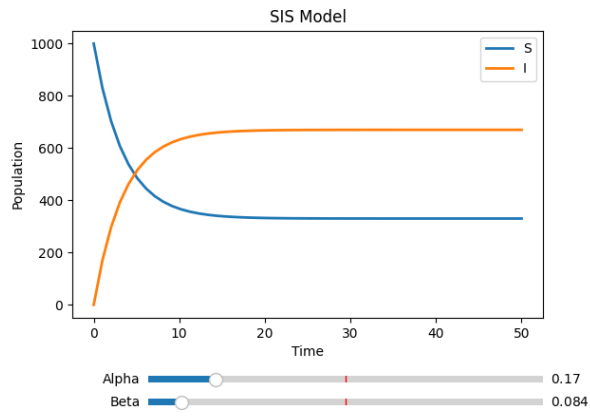
(11) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 550 \\ 450 \end{bmatrix}$

## Quando $0 < \alpha + \beta \leq 1$

Resulta em  $0 \leq \lambda_2 < 1$  e, como já visto anteriormente, sabemos que se  $0 \leq \lambda_2 < 1$ , então  $\lim_{k \rightarrow \infty} \lambda^k \rightarrow 0$ .

$$M^k \cdot v = c_1 \cdot 1 \cdot w_1 + c_2 \cdot 0 \cdot w_2 = c_1 \cdot w_1$$

Temos agora que o sistema converge para o vetor  $c_1 \cdot w_1$ . Interessante notarmos que dependendo da relação (maior e menor) entre  $\alpha$  e  $\beta$ , a convergência resultará em mais pessoas no estado  $S$  ou mais pessoas no estado  $I$ , algo que é coerente, visto que se temos uma taxa de infecção maior que a taxa de recuperação, a tendência é termos mais pessoas infectadas (e vice-versa).



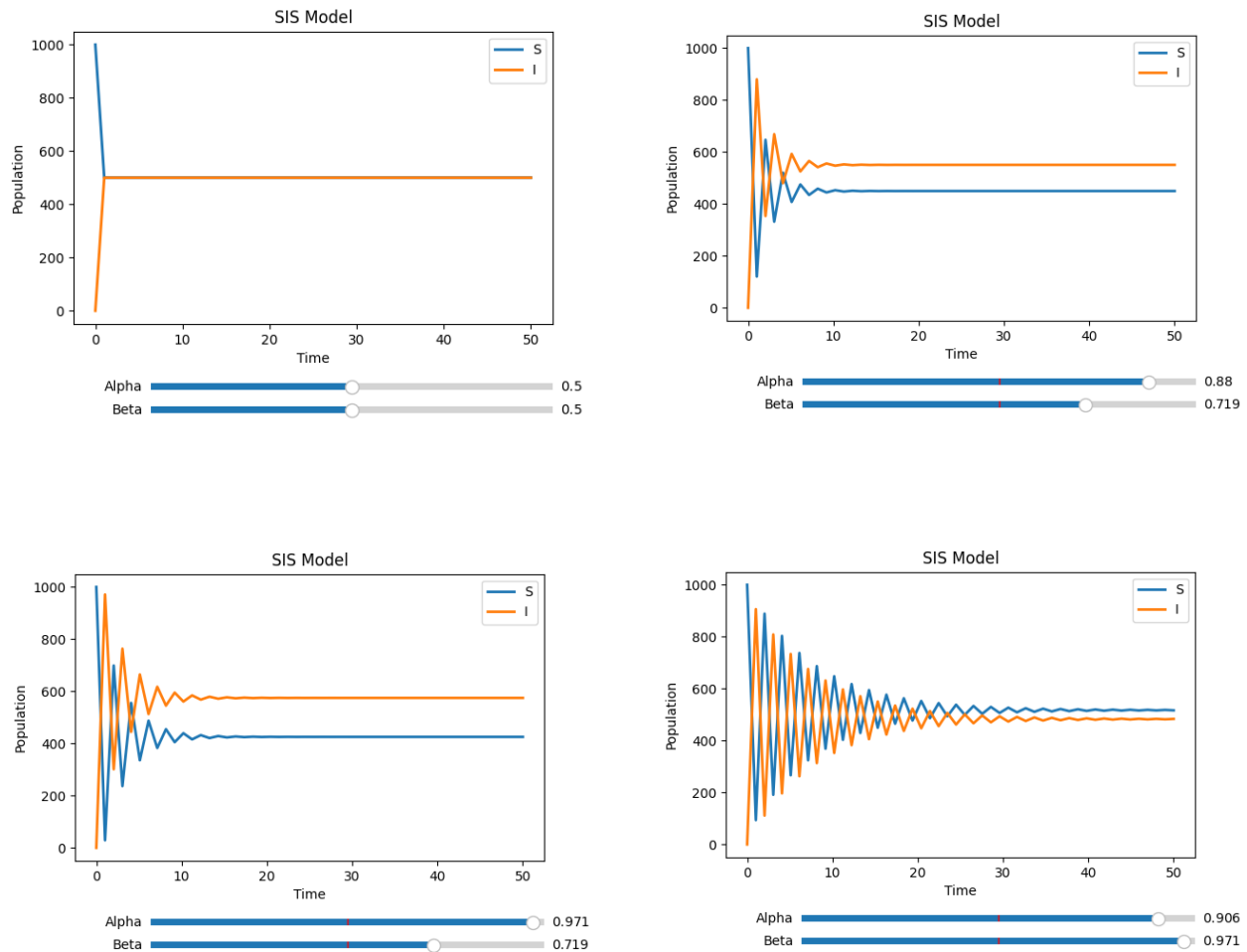
(12) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \end{bmatrix}$  variando valores de  $\alpha$  e  $\beta$ .

**Quando  $1 < \alpha + \beta < 2$**

Resulta em  $-1 < \lambda_2 < 0$ . Nesse caso, também teremos  $\lim_{k \rightarrow \infty} \lambda^k \rightarrow 0$ .

$$M^k \cdot v = c_1 \cdot 1 \cdot w_1 + c_2 \cdot 0 \cdot w_2 = c_1 \cdot w_1$$

Aqui, temos um comportamento semelhante ao caso em que  $0 < \alpha + \beta \leq 1$ , no que se refere em qual valor resultara a convergência. Entretanto, diferente da situação mencionada, temos um valor de  $\lambda_2 < 0$ , o que nos mostra um comportamento distinto no decorrer das transições da população. O fato de termos um autovalor negativo faz com que a cada mudança do intervalo  $k$  para  $k + 1$  haja uma inversão de sinal o que impacta o gráfico dando uma caracterização mais caótica, mas que eventualmente normalize e estabilize no ponto de convergência mencionado.



(13) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 1000 \\ 0 \end{bmatrix}$  variando valores de  $\alpha$  e  $\beta$ .

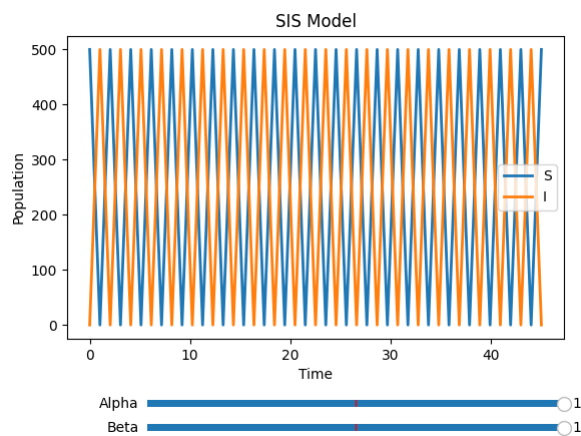
**Quando  $\alpha + \beta = 2$**



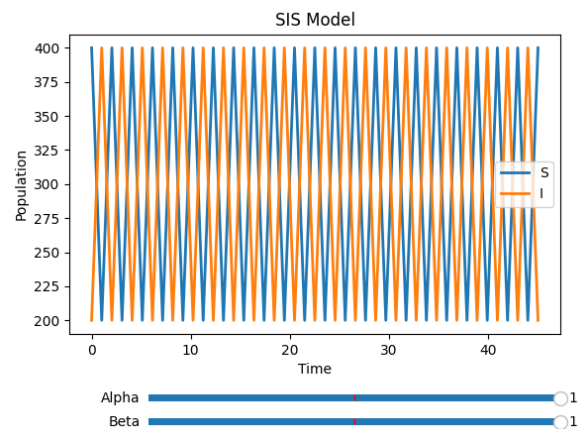
Resulta em  $\lambda_2 = -1$ .

$$M^k \cdot v = c_1 \cdot 1 \cdot w_1 + c_2 \cdot (-1)^k \cdot w_2 = \begin{cases} c_1 \cdot w_1 + c_2 \cdot w_2, & \text{se } k \text{ eh par} \\ c_1 \cdot w_1 - c_2 \cdot w_2, & \text{se } k \text{ eh impar} \end{cases}$$

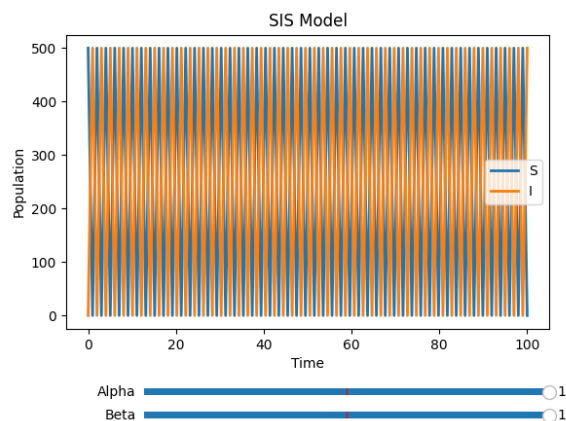
Nos encontramos agora numa situação bem diferente do que foi visto até agora. Isso porque com  $\lambda_2 = -1$ , o comportamento “caótico” mencionado no caso anterior permanece constante, sendo perceptível o atributo de alternância de toda a população de um estado indo para o outro estado no próximo instante. Apesar de ser algo irregular comparado ao que foi analisado até o momento, esse acontecimento é logico quando pensamos no significado dos parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  e que para  $\lambda_2 = -1$  é necessário que  $\alpha = \beta = 1$ .



(14) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 500 \\ 0 \end{bmatrix}$  com  $\alpha + \beta = 2$ .



(15) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 400 \\ 200 \end{bmatrix}$  com  $\alpha + \beta = 2$ .



(16) Utilizando um vetor inicial  $v_0 = \begin{bmatrix} 500 \\ 0 \end{bmatrix}$  com  $\alpha + \beta = 2$ , para um tempo  $t$  maior

A mesma análise em relação a velocidade de convergência realizada para os modelos SIR se aplica para os modelos SIS.

## Código

Para a resolução dos sistemas dinâmicos foram construídos 2 códigos em python: um para resolver o modelo SIR e outro para resolver o modelo SIS.

Ambos os códigos foram feitos usando o mesmo raciocínio:

- temos uma função Simulador que soluciona o sistema dinâmico, a distribuição da população em cada instante de tempo e guarda esses valores em listas, retornando essas listas no final da execução
- definimos a matriz de transição e distribuição inicial, para podermos realizar a simulação
- construímos o gráfico com os dados obtidos, além de criar um slider, dando maior interatividade para o gráfico, podendo alterar os valores dos parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$ .

Código do modelo SIR:

```

import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from matplotlib.widgets import Slider

def simulador_SIR(M, start, time):
    log_S = [start[0]]
    log_I = [start[1]]
    log_R = [start[2]]
    pop = start
    for i in range(time - 1):
        pop = np.dot(M, pop)
        log_S.append(pop[0])
        log_I.append(pop[1])
        log_R.append(pop[2])
    return log_S, log_I, log_R

TIME = 50
default_alpha = 0.5
default_beta = 0.5
pop_inicial = np.array([1000, 0, 0])

fig, ax = plt.subplots()
plt.subplots_adjust(bottom=0.25)

trans_matrix = np.array([[1 - default_alpha, default_alpha, 0], [0, 1 - default_beta, default_beta], [0, 0, 1]])
trans_matrix = trans_matrix.transpose()

t = np.linspace(0.0, TIME, TIME)
samp_S, samp_I, samp_R = simulador_SIR(trans_matrix, pop_inicial, TIME)
l1, = ax.plot(t, samp_S, lw=2, label='S')
l2, = ax.plot(t, samp_I, lw=2, label='I')
l3, = ax.plot(t, samp_R, lw=2, label='R')

ax_slider_a = plt.axes([0.25, 0.1, 0.65, 0.03], facecolor='lightgray')
ax_slider_b = plt.axes([0.25, 0.05, 0.65, 0.03], facecolor='lightgray')

```

```

slider_a = Slider(ax_slider_a, 'Alpha', 0.0, 1.0, valinit=default_t
slider_b = Slider(ax_slider_b, 'Beta', 0.0, 1.0, valinit=default_t

ax.set_title('SIR Model')
ax.set_xlabel("Time")
ax.set_ylabel("Population")
ax.legend()

def update(val):
    alpha = slider_a.val
    beta = slider_b.val

    M = np.array([[1 - alpha, alpha, 0], [0, 1 - beta, beta], [0,
    M = M.transpose()

    new_samp_S, new_samp_I, new_samp_R = simulador_SIR(M, pop_inic

    l1.set_ydata(new_samp_S)
    l2.set_ydata(new_samp_I)
    l3.set_ydata(new_samp_R)
    fig.canvas.draw_idle()

slider_a.on_changed(update)
slider_b.on_changed(update)

plt.show()

```

Código do modelo SIS:

```

import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from matplotlib.widgets import Slider

def simulador_SIS(M, start, time):

```

```

    log_S = [start[0]]
    log_I = [start[1]]
    pop = start
    for i in range(time -1):
        pop = np.dot(M, pop)
        log_S.append(pop[0])
        log_I.append(pop[1])
    return log_S, log_I

TIME = 100
default_inf_rate = 0.5
default_recov_rate = 0.5
pop_inicial = np.array([500, 0])

fig,ax = plt.subplots()
plt.subplots_adjust(bottom=0.25)

tm = np.array([[1 - default_inf_rate, default_inf_rate], [default_recov_rate, 1 - default_recov_rate]])
tm = tm.transpose()

t = np.linspace(0.0, TIME, TIME)
samp_S, samp_I = simulador_SIS(tm, pop_inicial, TIME)
l1, = ax.plot(t,samp_S,lw=2,label='S')
l2, = ax.plot(t,samp_I,lw=2,label='I')

ax_slider_a = plt.axes([0.25, 0.1, 0.65, 0.03], facecolor='lightgray')
ax_slider_b = plt.axes([0.25, 0.05, 0.65, 0.03], facecolor='lightgray')
slider_a = Slider(ax_slider_a, 'Alpha', 0.0, 1.0, valinit=default_inf_rate)
slider_b = Slider(ax_slider_b, 'Beta', 0.0, 1.0, valinit=default_recov_rate)

ax.set_title('SIS Model')
ax.set_xlabel("Time")
ax.set_ylabel("Population")
ax.legend()

def update(val):

```

```

inf_prob = slider_a.val
recov_prob = slider_b.val

M = np.array([[1 - inf_prob, inf_prob], [recov_prob, 1 - re
M = M.transpose()

new_samp_S, new_samp_I = simulador_SIS(M, pop_inicial, TIME

l1.set_ydata(new_samp_S)
l2.set_ydata(new_samp_I)
fig.canvas.draw_idle()

slider_a.on_changed(update)
slider_b.on_changed(update)

plt.show()

```

## Conclusão

Em conclusão, a análise dos modelos epidemiológicos SIR (Susceptíveis-Infectados-Recuperados) e SIS (Susceptíveis-Infectados-Susceptíveis) revela sua relevância fundamental na compreensão e gestão de doenças infecciosas. Esses modelos oferecem insights valiosos sobre a dinâmica da propagação de patógenos em populações, permitindo a previsão de surtos e a avaliação de estratégias de controle. Ao estudar a interação entre suscetíveis, infectados e recuperados (ou suscetíveis novamente), os modelos SIR e SIS proporcionam uma base sólida para a formulação de políticas de saúde pública eficazes, contribuindo para a mitigação do impacto de epidemias.