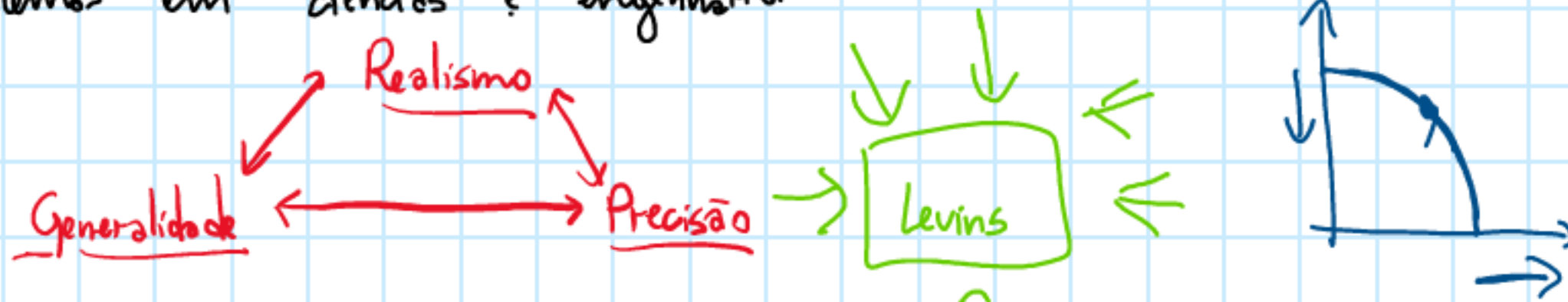


Modelos com EDOs

Tuesday, June 2, 2020 9:57 AM

Um modelo EDO é um conjunto de equações diferenciais que envolvem funções de apenas uma variável independente (em geral o tempo) e uma ou mais derivadas com respeito a essa variável. É muito comum a formalização de sistemas em ciências e engenharia, representação subjetiva da realidade, que no caso é expressa por expressões matemáticas.



A partir de um modelo, podemos fazer algumas análises: existência, unicidade, e estabilidade.

Estabilidade: ponto de equilíbrio, estabilidade, estabilidade assintótica.

Linearização

Regularidade assegura

Modelo Predador Presa:

Consiste em modelar duas populações denotadas por $x(t)$ e $y(t)$ (número de indivíduos ou concentração por área, contínuas (hipótese válida?)). Assim:

$$\begin{cases} \dot{x} = x f(x, y) \\ \dot{y} = y g(x, y) \end{cases} \rightarrow \text{Taxas de crescimento per capita}$$

isto é, as populações crescem proporcionalmente ao seu tamanho.

Como estamos modelando a interação de x (presa) com y (predador), assumimos que $\frac{\partial f}{\partial y} < 0$ e $\frac{\partial g}{\partial x} > 0$ (Chamamos esse modelo de Kolmogorov).

Modelo Kermack-McKendrick (modelo que representa a interação de infecciosos e suscetíveis) $\hookrightarrow SI$

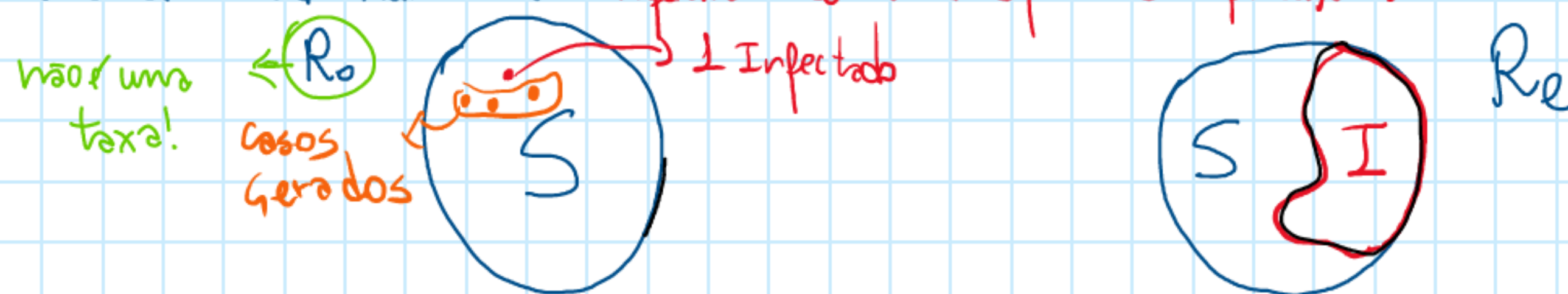
Esses modelos são conhecidos como **compartimentais** e são úteis no sentido de que simplificam a relação em **doenças infecciosas**. O objetivo desses modelos é mostrar como **intervenções de saúde pública** podem agir.

Lei da ação das massas: "a taxa de uma reação química é diretamente proporcional ao produto das atividades ou concentrações dos reagentes".

\hookrightarrow base para os modelos **compartimentais**, isto é, o crescimento de uma doença: βSI é o proporcional à concentração. Nesse caso, β é a média de número de contatos por pessoa por unidade de tempo multiplicado pela probabilidade de transmissão da doença em um contato.

Nota que essa hipótese só é válida se as moléculas (no caso humanos) se misturam de forma **Holmógena** ou aproximadamente. Algumas doenças **NÃO** tem esse comportamento (teoria dos grafos).

Número básico de Reprodução: Pode ser visto como o **valor esperado de casos gerados diretamente por um indivíduo, em uma população só de suscetíveis** (sem qualquer intervenção, segundo o Departamento de Saúde Australiano) (Diferente do **Número Efetivo de Reprodução**).



Em EDO calculamos um **threshold** em geral, isto é, determinamos se $R_0 < 1$ ou $R_0 > 1$.

$$R_0 \propto \left(\frac{\text{infecção}}{\text{contato}} \right) \left(\frac{\text{tempo}}{\text{infecção}} \right)$$

Modelo SIR:

$$\begin{cases} \dot{s} = -\beta si \\ \dot{i} = \beta si - \gamma i \\ \dot{r} = \gamma i \end{cases}, \quad \beta = \frac{\text{infecção por contato}}{\text{média de contatos entre s e i}} \cdot \gamma = \text{taxa de remoção } d^{-1}, \text{ onde } d \text{ é a duração da infecção}$$

$$\text{Logo } R_0 = \beta \cdot \gamma^{-1}$$

Métodos para calcular:

Função de Sobrevivência: Seja $F(a)$ a probabilidade de que um indivíduo permaneça infectado por pelo menos tempo a . Seja $b(a)$ o número médio de **novas infecções produzidas por um indivíduo infeccioso por unidade de tempo** pelo tempo a .

$$R_0 = \int_0^\infty b(a) F(a) da$$

Matriz da Próxima Geração:

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_i(x_0)}{\partial x_j} \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \frac{\partial V_i(x_0)}{\partial x_j} \end{bmatrix}$$

Equilíbrio sem doença

$$V_i(x) = V_i^-(x) - V_i^+(x)$$

F_i são as novas infecções no compartimento i . V_i é transferência de infecções entre compartimentos.

Obs.: $F_i(x) - i(x)$ é a taxa de variação de x_i .

FV^{-1} denota a taxa que indivíduos infectados em x_j produzem em x_i multiplicado pelo tempo médio de um indivíduo no compartimento j .

$$R_0 := \rho(FV^{-1}) \rightarrow \text{raio espectral no equilíbrio livre de doença}$$

Modelo SEIR:

\hookrightarrow Pessoas infectadas no período latente da doença

equilíbrio ocorre quando $\dot{S} = \dot{I} = \dot{E} = \dot{R} = 0$ e livre de doença $I = E = 0$

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI + \lambda - \mu S \\ \dot{E} = \beta SI - (\mu + k)E \\ \dot{I} = kE - (\gamma + \mu)I \\ \dot{R} = \gamma I - \mu R \end{cases}$$

β = probabilidade de transmissão \times nº médio de contato entre S e I .

λ = taxa de nascimentos

μ = taxa de mortalidade natural

k = taxa de pessoa que $E \rightarrow I$

γ = taxa de remoção

$$F_E = \beta SI$$

$$V_E = (\mu + k)E$$

$$F_I = 0$$

$$V_I = (\gamma + \mu)I - kE$$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \beta S \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} \mu + k & 0 \\ -k & \gamma + \mu \end{bmatrix}$$

No equilíbrio livre de doença $\dot{S} = 0$ e $I = 0 \Rightarrow S = \lambda / \mu$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \beta \lambda / \mu \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad V = \begin{bmatrix} \mu + k & 0 \\ -k & \gamma + \mu \end{bmatrix}$$

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \beta \lambda / \mu \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \frac{1}{(\mu + k)(\gamma + \mu)} \begin{bmatrix} \gamma + \mu & 0 \\ k & \mu + k \end{bmatrix} \mu + k$$

$$= \frac{1}{(\mu + k)(\gamma + \mu)} \begin{bmatrix} \beta \lambda k / \mu & \beta \lambda (\mu + k) / \mu \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \mu + k$$

$$\text{autovalores: } 0 \text{ e } R_0 = \frac{\beta \lambda k}{(\mu + k)(\gamma + \mu) \mu}$$