

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO – USP
ESCOLA DE ENGENHARIA DE SÃO CARLOS
DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA ELÉTRICA E DE
COMPUTAÇÃO

SEL0615 - PROCESSAMENTO DIGITAL DE SINAIS

MODELO EPIDÊMICO

Professor Carlos Dias Maciel
Pedro Paulo Herzog Junior - N^o USP: 10284692
Renan Peres Martins - N^o USP: 10716612
Victor Felipe Domingues do Amaral - N^o USP: 10696506

São Carlos

2021

Sumário

1	Introdução	4
2	Historia e desenvolvimento de modelos epidêmicos	5
3	Elementos fundamentais	7
4	Modelo SIR	8
4.1	<i>SIR com nascimentos e mortes</i>	9
5	Modelo SIRS	11
6	Modelo SIS	13
6.1	<i>SIS sem nascimentos e mortes</i>	13
6.2	<i>SIS com nascimentos e mortes</i>	15
6.2.1	N constante	15
6.2.2	N variável	18
7	Implementação digital de modelo SIR	19
7.1	<i>Equações de diferenças</i>	19
7.2	<i>Algoritmo em Python</i>	19
7.3	<i>Implementação digital do modelo SIR com nascimentos e mortes</i>	21
7.4	<i>Algoritmo em Python</i>	21
8	Implementação digital do modelo SIRS	23
8.1	<i>Equações de diferenças</i>	23
8.2	<i>Algoritmo em Python</i>	23
9	Implementação digital de modelo SIS	25
9.1	<i>Equações de diferenças</i>	25
9.2	<i>Algoritmo em Python</i>	25
9.3	<i>Implementação digital do modelo SIS com nascimentos e mortes</i>	26
9.4	<i>Algoritmo em Python</i>	26
10	O modelo SIR aplicado à epidemia de influenza A (H1N1) ocorrida em 2009 no Brasil	28
11	Implementação digital para o modelo da influenza A	31
11.1	<i>Equações de diferenças</i>	31
11.2	<i>Algoritmo em Python</i>	31
12	Resultados	32
12.1	<i>Modelo SIR</i>	32
12.2	<i>Modelo SIR com nascimentos e mortes</i>	33

12.3	<i>Modelo SIRS</i>	34
12.4	<i>Modelo SIS</i>	34
12.5	<i>Modelo SIS com nascimentos e mortes</i>	35
13	Conclusão	36
	Referências Bibliográficas	38

Lista de ilustrações

Figura 1 – Fluxo do modelo SIR	8
Figura 2 – Fluxo do modelo SIR com nascimentos e mortes	10
Figura 3 – Diagrama de Fluxo do modelo SIRS (VIEIRA, 2016 (accessed July 14, 2020))	11
Figura 4 – Fluxo do modelo SIS	14
Figura 5 – Fluxo do modelo SIS com nascimentos e mortes (N constante)	16
Figura 6 – Fluxo do modelo SIS com nascimentos e mortes (N variável)	18
Figura 7 – Diagrama de Fluxo do modelo SIR para a epidemia de Influenza A ocorrida em 2009 no Brasil	28
Figura 8 – Constantes βS , γ e R_0 dos estados que apresentaram um surto epidêmico. (KOCK et al., 2017 (accessed July 14, 2020))	30
Figura 9 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIR em Python, para $\beta = 0.0477$, $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 2.1 dias. Este resultado aplica-se para o modelo da influenza A abordado no tópico 10 deste relatório	32
Figura 10 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIR em Python, para diversos valores de β , $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 0.7 dia	33
Figura 11 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIR com nascimentos e mortes em Python, para $\beta = 1/7$, $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 0.7 dia	33
Figura 12 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIRS em Python, para $\beta = 1/7$, $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 0.7 dia	34
Figura 13 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIS em Python, para $\beta = 0.1$ $\gamma = 0.01$ e período de amostragem de 1 dia	34
Figura 14 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIS com nascimentos e mortes em Python, para $\beta = 1/7$, $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 0.7 dia	35

1 Introdução

Um modelo epidêmico é uma forma matemática de tentar descrever a transmissão de doenças em uma determinada população. Esses modelos podem ser capazes de nos ajudar a entender a transmissão de doenças que já nos afetaram e também fazer previsões sobre doenças que ainda nos afetam, para que assim possamos adotar estratégias de combate a essas doenças.

Existem dois tipos de modelos epidêmicos: Estocástico e Determinístico. O modelo estocástico assume que existem variáveis aleatórias que influenciam no sistema. Este tipo de modelo não trabalha com resultados exatos, mas sim estimando distribuições de probabilidades dos eventos ocorrerem.

Por outro lado, o modelo determinístico não trabalha com variáveis aleatórias. Ele é utilizado para modelar grandes populações de indivíduos, como é o caso da varíola. Neste modelo, os indivíduos são divididos em grupos que representam estados, como saudável, infectado, imune ou morto.

Neste trabalho, iremos implementar um modelo epidêmico determinístico.

2 Historia e desenvolvimento de modelos epidêmicos

A associação e uso de modelos matemáticos como ferramenta no estudo e pesquisas em áreas ligadas a saúde de um indivíduo e de uma comunidade é intrínseca ao avanço na área médica, exemplo disso é a epidemiologia, ramo da medicina que estuda o comportamento na proliferação e evolução de uma doença em uma dada população, visando o melhor cenário de combate e prevenção. O estudo de um fator de influência ou a previsão de melhora em um dado método pode ser estudado por meio de modelos matemáticos associado a dados experimentais obtidos, essa difusão entre o uso da matemática para análise epidemiológica acontece desde os meados do século XVIII e vem evoluindo conforme o avanço médico científico com o passar dos séculos.

Desde o século XVI, quando chega em território europeu, o vírus da varíola tornou-se uma endemia com taxa de mortalidade chegando em 30% e, nos meados do século XVIII, tinha um número próximo a 400 mil mortes por ano, em decorrência da doença ou das sequelas graves provocadas. Em resposta a essas elevadas taxas, pesquisadores em todo continente começaram a buscar por métodos remediativos, um dos métodos de destaque foi o da variação, que reduzia a taxa de mortalidade, mas apresentava o risco de contaminar pessoas saudáveis. Para estudar as vantagens e desvantagens desse procedimento, o matemático e médico holandês Daniel Bernoulli (1700 - 1782) desenvolveu, no ano de 1790, um modelo de equação diferencial que analisava as vantagens em relação aos riscos de se aplicar essa técnica a recém nascidos e concluiu, pelos dados da época, que seria melhor opção para a prevenção à longo prazo. Essa contribuição no combate a erradicação da varíola em território europeu marca o primeiro grande uso de modelos matemáticos para estudos de casos epidemiológicos.

Outro expoente na historia da matemática associada a medicina foi o médico britânico Ronald Ross (1857 - 1932), nascido Índia britânica, foi o primeiro ganhador do prêmio Nobel de medicina (1902), por sua descoberta sobre a transmissão e do vetor do protozoário responsável pela malária, nascido fora do continente europeu. Após a descoberta que levou ao prêmio, o medico se propôs, a partir do ano de 1908, a desenvolver um modelo matemático de estudo sobre a proliferação e contaminação da doença em uma comunidade, por meio de equações diferenciais ordinárias e certos parâmetros em relação aos organismos envolvidos, tratados como grupos (humanos infectados, humanos suscetíveis a picada do vetor, humanos afetados pela doença, vetores, taxa de mortalidade e natalidade). Essa modelagem foi de tamanha importância para a matemática aplicada ao estudo médico por utilizar elementos que fundamentam a atual modelagem de casos epidemiológicos, como o uso de modelos compartimentais para analisar os grupos de pessoas, e também para a medicina no combate a epidemia de malária, sendo utilizado pela Organização mundial da saúde por muitas décadas em diversas áreas do mundo.

Porém, apenas na década de 1930, o estudo que fundamentou o principal molde epidêmico para estudo dos mais diversos cenários epidemiológicos foi desenvolvido, criando o modelo SIR. Criadas pelo endemiologista escocês Anderson McKendrick (1876 - 1943) e pelo bioquímico, também escocês, William Kermack (1898 - 1970), a teoria Kermack–McKendrick é um estudo dividido em três artigos, publicados entre 1927 e 1933, que usa como base o modelo epidêmico de Ronald Ross em seu estudo sobre a malária. A ideia dos dois cientistas escoceses era a criação de um molde epidêmico que estuda a força de disseminação e infecção de uma doença tratando os indivíduos do cenário constituinte em grupos de acordo com o estado em relação a contaminação da doença (pessoas suscetíveis a contaminação, pessoas infectadas e pessoas recuperadas, por exemplo). Desse modo, é possível estimar parâmetros de um surto epidêmico como o número de infectados, duração da epidemia e os eventuais efeitos de acordo com certas profilaxias como a vacinação de parte do universo amostral. Pautadas nesse método e modelo de compartimentos que são estimados as projeções e efeitos de uma epidemia nos dias atuais, onde podemos estimar as curvas de infecção dado certos cenários de medidas, e os melhores momentos para se adotar medidas reativas, bem como prever os resultados de uma vacina em certa situação.

3 Elementos fundamentais

Em uma modelagem epidêmica atual, trata-se os indivíduos de uma dada população em grupos que refletem suas condições atuais perante a doença, como por exemplo, se é suscetível a contrair a mesma. Dessa forma, ao longo dos diversos modelos estudados, utiliza-se grupos listados a seguir.

- Grupo de indivíduos sensíveis - Trata os indivíduos de uma certa população que são suscetíveis a contrair a doença analisada;
- Grupo de indivíduos infectados - Trata os indivíduos de uma certa população que estão contaminados pela doença analisada e representam potencial de infectar indivíduos sensíveis;
- Grupo de indivíduos removidos - Trata os indivíduos de uma certa população que não interferem na dinâmica de contaminação da doença analisada.

Outro fator presente na análise são as diversas taxas que servem de parâmetro para o andamento da epidemia, sendo elas:

- β - Taxa de transmissão da doença;
- γ - Taxa de recuperação dos indivíduos recuperados da doença;
- δ - Taxa de indivíduos que não adquirem anticorpos após se recuperarem da doença;
- μ - Taxa de Natalidade/Mortalidade em situações com dinâmica vital na população;
- α - Taxa de Natalidade em situações onde a população não é constante.

4 Modelo SIR

O modelo SIR foi desenvolvido em 1927 pelos cientistas W. O. Kermack e A. G. McKendrick. Esse modelo considera uma população de tamanho fixo com três grupos: sensíveis, $S(t)$; Infectados, $I(t)$ e Removidos $R(t)$. Definimos N como sendo o tamanho da população fixa, representado na equação abaixo.

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (1)$$

O fluxo do sistema se dá pela seguinte ordem: uma pessoa sensível se torna infectada, essa pessoa infectada transmite a doença para outras pessoas sensíveis e então a pessoa infectada ou se torna imune à doença, ou acaba falecendo, tornando-se parte do grupo de removidos.

$$S(t) \longrightarrow I(t) \longrightarrow R(t) \quad (2)$$

Analisando o modelo e considerando uma população fixa, Kermack e McKendrick chegaram nas seguintes equações que descrevem o comportamento do sistema:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}SI \quad (3)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \gamma I \quad (4)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (5)$$

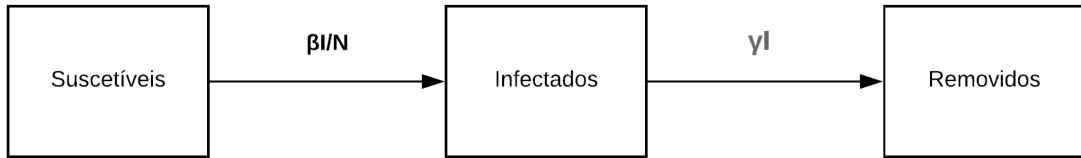


Figura 1 – Fluxo do modelo SIR

Somando essas equações, podemos derivar a equação abaixo.

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \quad (6)$$

Com isso, podemos notar que a nossa população sempre se encontrará apenas nesses três grupos. Em outras palavras, o tamanho da população é fixo e os indivíduos estão distribuídos entre esses três grupos.

Eles realizaram várias hipóteses para chegar nestas equações. A primeira delas é que todo indivíduo sensível tem probabilidades iguais de contrair a doença em relação a qualquer outro indivíduo sensível, com uma taxa β , que indica a velocidade de contágio ou taxa de transmissão da doença. Em outras palavras, um indivíduo infectado é capaz de transmitir a doença para outros βN indivíduos.

Por outro lado, outra hipótese dos cientistas foi considerar que o número de indivíduos que entram para o grupo dos removidos $R(t)$ depende de uma fração dos indivíduos infectados que se recuperam ou morrem. Temos que γ representa a taxa de recuperação ou mortes por unidade de tempo.

Com essas hipóteses, podemos entender o modelo com as equações diferenciais acima. Na primeira equação, taxa de variação dos indivíduos suscetíveis a contrair a doença é decrescente e depende do tamanho da população de indivíduos suscetíveis, do tamanho da população dos indivíduos infectados e também da taxa de transmissão da doença β . Quanto maior for o grupo de infectados $I(t)$, mais indivíduos suscetíveis contraem a doença e portanto mais negativa a taxa de variação de $S(t)$. Analogamente, quanto maior for a taxa de transmissão, mais rapidamente decai o grupo $S(t)$.

Na segunda equação, a taxa de variação do grupo dos indivíduos infectados varia conforme os indivíduos suscetíveis vão sendo infectados, representada pelo termo βSI , bem como a taxa que os indivíduos infectados vão se recuperando ou morrendo, representada pelo termo $-\gamma I$.

1. Caso o primeiro termo for maior que o segundo, temos uma taxa de variação positiva de $I(t)$ e portanto a doença tende a se propagar mais rapidamente. Por outro lado, caso o segundo termo for maior, a taxa de variação de $I(t)$ é negativa e o grupo de infectados tende a cair, diminuindo assim a propagação da doença.

Por último, a terceira equação representa que a taxa de variação do grupo dos indivíduos removidos (recuperados ou mortos) depende da quantidade de indivíduos que estão deixando o grupo dos infectados. É válido salientar que, neste modelo, os indivíduos removidos não interagem mais com o modelo, ou seja, eles não podem ser infectados novamente. Existem modelos, como o SIS, que consideram doenças que podem infectar os indivíduos deste grupo novamente.

4.1 SIR com nascimentos e mortes

No modelo SIR, consideramos que a população era de tamanho fixo, ou seja, a variável N que representava a totalidade dos indivíduos da população era constante. O modelo SIR com nascimentos adiciona uma nova constante μ ao modelo. Essa constante representa a taxa de natalidade da população, que é igual à taxa de mortalidade por unidade de tempo.

Reajustando as equações, obtemos as seguintes equações:

$$\frac{dS}{dt} = \frac{-\beta}{N}SI + \mu(N - S) \quad (7)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \gamma I - \mu I \quad (8)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (9)$$

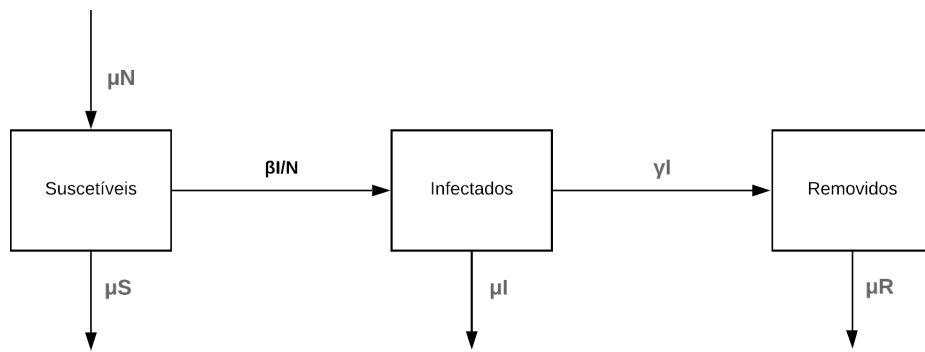


Figura 2 – Fluxo do modelo SIR com nascimentos e mortes

Na primeira equação, o termo adicionado expandindo representa tanto a taxa de natalidade da população em geral, μN , quanto a taxa de mortalidade $-\mu S$ do grupo $S(t)$. Neste caso, todos os indivíduos nascidos da população N automaticamente se enquadram no grupo dos sensíveis $S(t)$.

Na segunda equação, temos acrescentada apenas a taxa de mortalidade μI do grupo $I(t)$.

Também temos na terceira equação a taxa de mortalidade dos indivíduos removidos, representada por μR .

5 Modelo SIRS

O modelo SIRS foram introduzidos em 1933 por Kermack e McKendrick para descrever infecções endêmicas e trata-se de uma extensão do SIR. Inicialmente, há indivíduos suscetíveis (S) que adquirem a doença, tornando-se infectados (I) e, depois, recuperam-se enfermidade (R). A partir deste instante, o SIRS se diferencia do SIR, por considerar que a população recuperada não adquire imunidade, voltando ao estado de suscetível (S) como mostra o fluxo a seguir:

$$S(t) \longrightarrow I(t) \longrightarrow R(t) \longrightarrow S(t) \quad (10)$$

Para entender esta ideia, considera-se novamente uma população N constante, por hora sem dinâmica vital, descrita como:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (11)$$

Além disso, com relação as taxas, tem-se a perda de imunidade dada por δ , β para indicar a velocidade de contágio e γ para o modo de recuperação ou mortes por unidade de tempo. Sendo assim, tem-se o modelo comportamental:

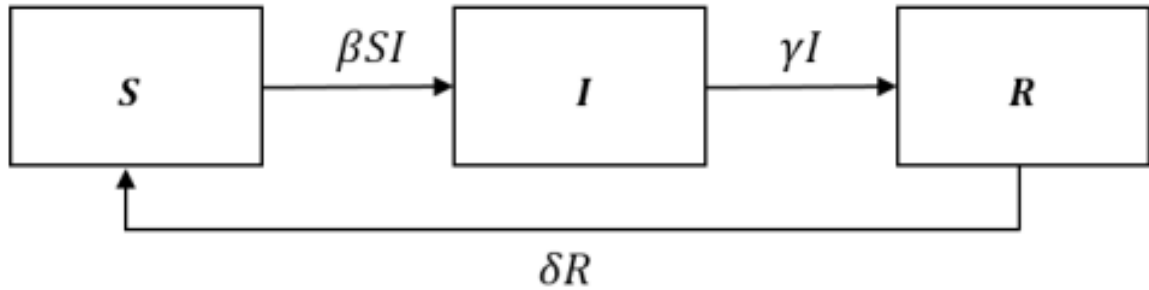


Figura 3 – Diagrama de Fluxo do modelo SIRS (VIEIRA, 2016 (accessed July 14, 2020))

Deste modo, o sistema de equações para a dinâmica da figura 3 pode ser escrito como:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI + \delta R \quad (12)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (13)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \delta R \quad (14)$$

Para interpretar este modelo, inicialmente, com relação a classe dos suscetíveis, dada pela a equação 12, esta possui uma contribuição positiva dada pelos indivíduos recuperados

que não se imunizaram (δR), mais a contribuição negativa dada pelos indivíduos suscetíveis que se infectaram ($-\beta SI$).

Em seguida, para a classe de infectados, dada pela expressão 13, esta mantém-se a mesma do modelo SIR, ou seja, sofre um impacto negativo devido aos membros antes infectados que se recuperaram (γI) e recebe uma quantia positiva de indivíduos suscetíveis que foram infectados ($-\beta SI$).

No final do sistema, a equação 14 que representa a população recuperada, ganha uma porção de indivíduos infectados que foram curados (γI) e ao mesmo tempo, perde uma quantidade de membros que não se imunizaram e tornaram-se suscetíveis novamente ($-\delta R$).

Vale ressaltar que, para o estudo deste modelo, não está sendo considerado a taxa de natalidade e a taxa de mortalidade natural, assim como pode ser visto pelo o modelo comportamental 3 e pelo o sistema de equações.

6 Modelo SIS

Diferentemente do modelo SIR, onde temos um grupo de removidos baseado no número de indivíduos que foram infectados e, então, não podem mais ser suscetíveis a infecção novamente, o modelo SIS (Sensíveis - Infectados - Sensíveis) trabalha com doenças onde todos os indivíduos curados não adquirem imunidade a infecção e, portanto, voltam ao grupo de sensíveis a contaminação ($\delta = \gamma$).

Desse modo, o fluxo do sistema para esse modelo de condição epidemiológica apresenta-se de modo onde uma pessoa sensível (S) se torna infectada (I), a pessoa infectada vai transmitir para outros sensíveis e então a pessoa infectada se cura da doença retornando ao grupo de sensíveis (S).

$$S(t) \longleftrightarrow I(t) \quad (15)$$

Em geral, podemos considerar as relações do modelo SIS com ou sem a dinâmica vital, ou seja, considerando a taxa de natalidade e mortalidade para o estudo.

6.1 SIS sem nascimentos e mortes

Nos cenários onde não são considerados taxas de natalidade e mortalidade, temos que nossa população é constante (N constante) de modo que, todos os indivíduos ou pertencem ao grupo de sensíveis (S) ou ao grupo de infectados (I), dessa forma, qualquer variação que provoque um aumento em um dos grupos deve provocar uma diminuição numericamente igual no outro grupo de modo que a soma das variações deve ser nula.

$$N = S(t) + I(t) \longrightarrow \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = 0 \quad (16)$$

Considerando a hipótese, assim como no modelo SIR, onde os indivíduos sensíveis tem igual chance de contrair a doença, a taxa de transmissão (β) representa a chance de um indivíduo contrair a doença em um encontro com um indivíduo infectado, que, por sua vez contamina um total de βN indivíduos. Analogamente, todos os indivíduos infectados tem a mesma chance de recuperação e retorno ao grupo sensível, a taxa de recuperação (γ) nos permite saber que γN pessoas foram curadas.

Desse modo, a variação no grupo de indivíduos sensíveis é dado pelo total recuperado da infecção subtraído dos recém contaminados, ou seja:

$$\frac{dS}{dt} = \frac{-\beta}{N}SI + \gamma I \quad (17)$$

De forma análoga, a taxa de variação no grupo de infectados é resultado direto do total de infectados subtraído dos casos recém recuperados da infecção, ou seja:

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \gamma I \quad (18)$$

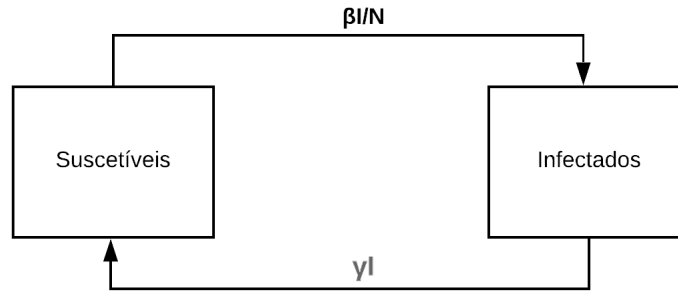


Figura 4 – Fluxo do modelo SIS

$$\beta, \gamma > 0 \quad (19)$$

Em síntese, nessa situação proposta, quanto maior a taxa de transmissão (β) maior será o número de contaminados pela doença, o que ocasiona uma redução no número de pessoas no grupo sensível e o aumento no grupo infectado, e, quanto maior a taxa de recuperação (γ), maior será o número de recuperados da doença que voltam ao estado sensível, provocando um aumento no grupo de pessoas sensíveis e uma redução no grupo infectado. Dessa forma, podemos manipular as equações diferenciais de modo a obter uma relação consistente com as taxas de transmissão (β) e recuperação (γ) dos indivíduos, partindo da variação do grupo de infectados.

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \gamma I \rightarrow \frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}(N - I)I - \gamma I \rightarrow \frac{dI}{dt} = (\beta - \gamma)I - \frac{\beta}{N}I^2 \quad (20)$$

Dessa forma, se a taxa de recuperação é maior ou igual a taxa de transmissão, temos um comportamento epidêmico em que o grupo de pessoas infectadas vai ser nulo em um tempo suficientemente grande chegando ao fim da epidemia, em termos matemáticos, a variação do grupo infectado será sempre uma redução do grupo de modo que em dado tempo o grupo de infectados será nulo.

$$\frac{\beta}{\gamma} \leq 1 \rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0 \quad (21)$$

Porém, se a taxa de transmissão é maior que a taxa de recuperação, o número de infectados tende a um comportamento que podemos encontrar resolvendo a Equação diferencial para um tempo suficientemente grande.

$$I(t) = \frac{N(\beta - \gamma)e^{\beta(K+t)}}{\beta e^{\beta(K+t)} - e^{\gamma(K+t)}} \rightarrow I(t) = \frac{N(\beta - \gamma)}{\beta - e^{-k'(K+t)}} \quad (22)$$

Onde K e k' são constantes associadas ao tempo e para uma situação inicial onde o grupo de infectados inicial não é nulo ($I(0) > 0$).

Analisando essa situação em um cenário com um tempo suficientemente grande, é possível constatar um valor constante para os grupos de indivíduos que depende exclusivamente da relação entre as taxas envolvidas.

$$\frac{\beta}{\gamma} > 1 \longrightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = N(1 - \frac{\gamma}{\beta}); S(t) = N - I(t) = \frac{\gamma}{\beta}N \quad (23)$$

6.2 SIS com nascimentos e mortes

Quando o modelo epidêmico SIS considera a dinâmica vital da sociedade, trata-se da inclusão dos dados referentes às taxas de natalidade e mortalidade da comunidade de indivíduos, referentes aos grupos sensíveis e infectados. Dessa forma, além da dinâmica simplificada do modelo supracitado, os parâmetros de nascimento e morte devem entrar no fluxo do sistema, de modo que a relação para a população N continua sendo a mesma relação para cada instante de tempo, todavia não é mais condição a soma das variações do grupos serem nulas.

$$N(t) = S(t) + I(t) \quad (24)$$

Dentro do modelo com dinâmica vital ainda podemos destingir peculiaridades em situações diferenciadas nesse contexto, sendo modelado o cenário epidêmico para uma população constante (taxa de natalidade e mortalidade se mantêm em equilíbrio), ou para situação onde a população varia (taxa de mortalidade é maior/menor que a taxa de natalidade) em nossa população de estudo.

6.2.1 N constante

No cenário epidêmico em questão, devemos fundamentalmente considerar os parâmetros referentes as taxas de natalidade e mortalidade de modo que o equilíbrio entre elas mantenha o tamanho da população constante, ou seja, o número de nascidos deve ser igual ao número de mortos (μN , com μ sendo a taxa de natalidade/mortalidade). Dessa forma, além das relações entre grupos já consideradas no modelo sem dinâmica vital, apresentará o número de nascidos da população, considerando que todos os indivíduos recém nascido são saudáveis, e também considerará o número de mortos em ambos os grupos.

$$\beta, \gamma, \mu > 0 \quad (25)$$

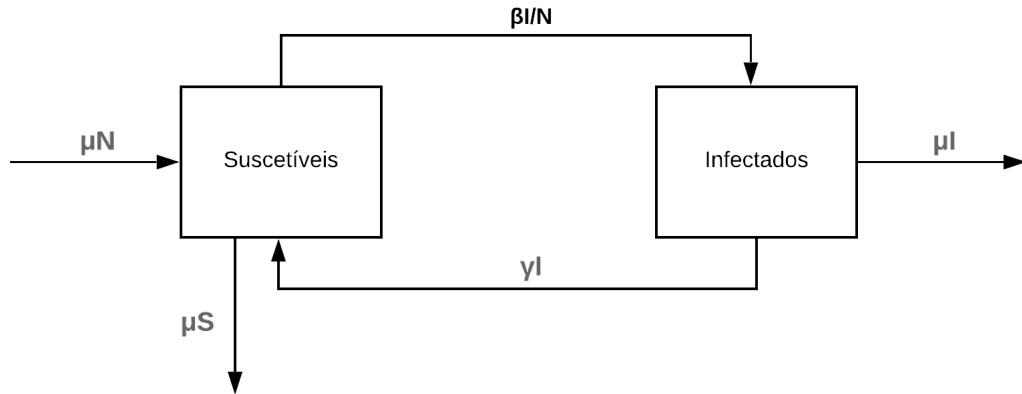


Figura 5 – Fluxo do modelo SIS com nascimentos e mortes (N constante)

Para a variação no grupo sensível, então, tem-se a relação de interação com o grupo infectado já considerada anteriormente somada ao número de nascidos (μN), subtraído pelo número de mortos entre os indivíduos do grupo sensível ($-\mu S$).

$$\frac{dS}{dt} = \frac{-\beta}{N}SI + \gamma I + \mu(N - S) \quad (26)$$

Para a variação no grupo de infectados, uma vez que os nascidos são considerados saudáveis, não interfere diretamente essa variação, com isso, a relação é semelhante à variação no modelo sem mortes, subtraído das mortes ocorridas nesse grupo ($-\mu I$).

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \gamma I - \mu I \quad (27)$$

Somando as equações acima, chegamos novamente na condição válida no caso sem dinâmica vital, onde todos os indivíduos do sistema pertencem, obrigatoriamente, a um dos dois grupos e qualquer variação em um deve ser suprido na variação do outro. Mantendo a população constante em valor N .

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = 0 \quad (28)$$

Em síntese, nesse modelo, o comportamento da epidemia é afetado pelas taxas de transmissão e recuperação, onde, assim como anteriormente, quanto maior a taxa de transmissão (β) maior a quantidade de infectados, tendendo um aumento no fluxo Sensível \rightarrow Infectado, e quanto maior a taxa de recuperação (γ) maior o número de indivíduos voltando ao grupo sensível, tendendo um aumento no fluxo no sentido Infectados \rightarrow Sensíveis. Todavia a taxa de natalidade/mortalidade (μ) proveniente da dinâmica vital acrescenta um novo fator de interferência na progressão epidêmica, representando uma variação $\mu(N-S)$ para o grupo sensível e $-\mu I$ para o grupo infectado. Dessa influência, levando em consideração

que a taxa μ é um valor positivo maior que zero (para haver a dinâmica vital), a variação provocada no grupo sensível representa sempre um aumento no tamanho do grupo, ao passo que representa uma diminuição no tamanho do grupo de infectados, logo o aumento dessa taxa representa uma tendência ao fluxo no sentido Infectados \rightarrow Sensíveis.

Manipulando as variações é possível encontrar uma relação que dita o comportamento da epidemia nesse aspecto em relação as taxas de transmissão e recuperação, englobando também a taxa de natalidade/mortalidade, de modo que seja possível prever o efeitos nos grupos em tamanho suficientemente grande.

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \gamma I - \mu I \rightarrow \frac{dI}{dt} = (\beta - \gamma - \mu)I - \frac{\beta}{N}I^2 \quad (29)$$

Dessa forma, se a soma entre as taxas de recuperação e natalidade/mortalidade for maior ou igual a taxa de transmissão, teremos uma redução gradual no grupo de infectados e, em um dado tempo, não haverá indivíduos constituindo esse grupo, seja por recuperação ou por morte, dessa forma a epidemia se encerra nessa situação. Em termos matemáticos, essa desigualdade proposta representa que ambos os termos da variação do grupo infectados levam a uma redução no número de indivíduos e em um tempo levado ao infinito esse número será zero.

$$\frac{\beta}{\gamma + \mu} \leq 1 \rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0 \quad (30)$$

Porém, se a taxa de transmissão é maior que a soma das outras duas, o número de infectados tende a um comportamento constante que depende das taxas, encontrados resolvendo a Equação diferencial ordinária para um tempo suficiente.

$$I(t) = \frac{N(\beta - \gamma - \mu)e^{\beta(K+t)}}{\beta e^{\beta(K+t)} - e^{\gamma(K+t)}e^{\mu(K+t)}} \rightarrow I(t) = \frac{N(\beta - \gamma - \mu)}{\beta - e^{-k'(K+t)}} \quad (31)$$

Onde K e k' são constantes associadas ao tempo e para uma situação inicial onde o grupo de infectados inicial não é nulo ($I(0) > 0$).

Analisando essa situação em um cenário com um tempo suficientemente grande, é possível encontrar o a constante dependente, exclusivamente, das taxas associadas para os grupos de indivíduos.

$$\frac{\beta}{\gamma + \mu} > 1 \rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = N(1 - \frac{\gamma + \mu}{\beta}); S(t) = N - I(t) = \frac{\gamma + \mu}{\beta}N \quad (32)$$

Vale ressaltar que, nas relações obtidas nessa situação, caso a taxa de natalidade/mortalidade fosse nula ($\mu=0$), ou seja, não há nascimentos tampouco mortes nessa população, não há dinâmica vital e as relações encontradas refletem o resultado do cenário anterior.

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = N(1 - \frac{\gamma + 0}{\beta}); S(t) = N - I(t) = \frac{\gamma + 0}{\beta}N \quad (33)$$

6.2.2 N variável

Quando se analisa uma situação onde a taxa de natalidade (α) e a taxa de mortalidade (μ) são divergentes, haverá uma variação no tamanho de nossa população de amostra, de modo que, se a taxa de mortalidade for maior que a taxa de natalidade ($\mu > \alpha$) a população tende a extinção, dessa forma, adota-se uma relação de modo que a população perpetue mesmo com a epidemia ($\mu < \alpha$). Com isso, considera-se, na dinâmica de grupos de indivíduos uma quantidade de nascidos ($\alpha N(t)$) e uma quantidade de mortos em ambos os grupos sensíveis e infectados ($\mu I(t) + \mu S(t)$), em decorrência dessa dinâmica, vale-se a equação de população em cada instante, descartando a condição de variação interna nula, pois há variação externa ao sistema.

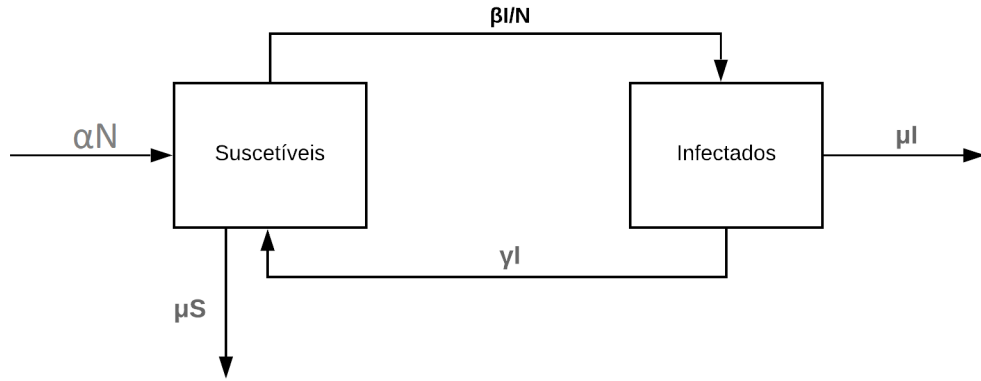


Figura 6 – Fluxo do modelo SIS com nascimentos e mortes (N variável)

$$\beta, \gamma, \alpha, \mu > 0 \quad (34)$$

Para as variações dos compartimentos populacionais, tem-se, no grupo de indivíduos suscetíveis uma redução provocado pela infecção e morte dos indivíduos, como anteriormente, e um aumento provocado pela recuperação de infectados e dos nascidos, uma vez que são considerados todos os nascidos como saudáveis e sensíveis.

$$\frac{dS}{dt} = \frac{-\beta}{N} S(t)I(t) + \gamma I(t) + \alpha N(t) - \mu S(t) \quad (35)$$

Para o compartimento de infectados, a variação é a soma do aumento provocado pelos novos infectados pela doença e a redução causada pela recuperação ou morte dos indivíduos do grupo, de modo que temos uma equação de variação dada por:

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N} S(t)I(t) - \gamma I(t) - \mu I(t) \quad (36)$$

7 Implementação digital de modelo SIR

7.1 Equações de diferenças

Para a implementação do modelo digital SIR sem nascimentos, é necessário transformar as equações 3, 4 e 5 para equações de diferenças. Isso é feito expandindo as derivadas na forma de limite. Para a equação 3, temos:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = -\beta S(t)I(t) \quad (37)$$

Considerando Δt como sendo o período de amostragem do nosso sinal contínuo, temos então:

$$\frac{S([n + 1]T) - S(nT)}{T} = \frac{-\beta}{N} S(nT)I(nT) \quad (38)$$

Discretizando nT e passando T para o lado direito, temos então:

$$S[n + 1] - S[n] = \frac{-\beta}{N} TS[n]I[n] \quad (39)$$

Realizando o mesmo procedimento para as outras equações, obtemos:

$$I[n + 1] - I[n] = \frac{\beta}{N} TS[n]I[n] - \gamma I[n] \quad (40)$$

$$R[n + 1] - R[n] = T\gamma I[n] \quad (41)$$

7.2 Algoritmo em Python

```

1 import numpy
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4
5 def SIR(S0, I0, R0, T, beta, gamma, nmax):
6     S = numpy.zeros(nmax)
7     I = numpy.zeros(nmax)
8     R = numpy.zeros(nmax)
9     S[0] = S0
10    I[0] = I0
11    R[0] = R0
12    N = S0 + I0 + R0
13    for n in range(1, nmax):
14        S[n] = S[n-1]*(1 - T*beta/N*I[n-1])
15        I[n] = I[n-1]*(1 + T*(beta/N*S[n-1] - gamma))
16        R[n] = R[n-1] + T*gamma*I[n-1]
17    return S, I, R

```

```

18
19
20 def curva_infectados_SIR():
21     N = 1000
22     IO = 50
23     RO = 0
24     SO = N - IO - RO
25     beta = 0.0477          # taxa de transmissao / dia
26     gamma = 0.03          # taxa de recuperacao / dia
27     nmax = 1000
28     dt = 0.1/beta         # periodo de amostragem
29     Ttotal = numpy.linspace(0, dt*nmax, nmax)
30     S, I1, R = SIR(SO, IO, RO, dt, 0.2, gamma, nmax)
31     S, I2, R = SIR(SO, IO, RO, dt, 0.4, gamma, nmax)
32     S, I3, R = SIR(SO, IO, RO, dt, 0.6, gamma, nmax)
33     fig = plt.figure()
34     ax = fig.add_subplot(1, 1, 1)
35     ax.plot(Ttotal, I1, 'g--', label='beta = 0.2')
36     ax.plot(Ttotal, I2, 'r--', label='beta = 0.4')
37     ax.plot(Ttotal, I3, 'b--', label='beta = 0.6')
38     ax.set_ylabel('Pessoas infectadas')
39     ax.set_xlabel('Tempo')
40     ax.grid()
41     ax.legend()
42     plt.xlim(0, 150)
43     plt.show()
44
45
46 def figura():
47     Ttotal = 600          # dias
48     N = 1000             # Tamanho populacao
49     IO = 1               # qtd. infectados p/ n = 0
50     RO = 0               # qtd. removidos p/ n = 0
51     SO = N - IO - RO     # qtd. suscetiveis p/ n = 0
52     beta = 0.0511        # taxa de transmissao / dia
53     gamma = 0.025        # taxa de recuperacao / dia
54     dt = 0.01/beta       # periodo de amostragem
55     nmax = int(Ttotal/dt) # quantidade de amostras
56     Ttotal = numpy.linspace(0, dt*nmax, nmax)
57     S, I, R = SIR(SO, IO, RO, dt, beta, gamma, nmax)
58     Ttotal = numpy.linspace(0, dt*nmax, nmax)
59     fig = plt.figure()
60     ax = fig.add_subplot(1, 1, 1)
61     ax.plot(Ttotal, S, 'g--', label='Suscetiveis')
62     ax.plot(Ttotal, I, 'r--', label='Infectados')

```

```

63 ax.plot(Ttotal, R, 'b--', label='Removidos')
64 ax.set_ylabel('Pessoas infectadas')
65 ax.set_xlabel('Tempo (dias)')
66 ax.grid()
67 ax.legend()
68 plt.xlim(0, 600)
69 plt.show()
70
71
72 # curva_infectados_SIR()
73 figura()

```

7.3 Implementação digital do modelo SIR com nascimentos e mortes

Para a implementação do modelo SIR com nascimentos e mortes, é necessário discretizar suas respectivas equações.

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = \frac{-\beta}{N} SI + \mu(N - S) \quad (42)$$

Tomando Δt como sendo nosso período de amostragem e aplicando o mesmo princípio para as outras equações, chegamos nas seguintes equações:

$$S[n + 1] = S[n] - \frac{\beta}{N} TS[n]I[n] + \mu T(N - S[n]) \quad (43)$$

$$I[n + 1] = I[n] + \frac{\beta}{N} TS[n]I[n] - \gamma TI[n] - \mu TI[n] \quad (44)$$

$$R[n + 1] = R[n] + T\gamma I[n] - \mu TR[n] \quad (45)$$

7.4 Algoritmo em Python

```

1 import numpy
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4
5 def SIR_nascimento(S0, I0, R0, T, beta, gamma, mu, nmax):
6     S = numpy.zeros(nmax)
7     I = numpy.zeros(nmax)
8     R = numpy.zeros(nmax)
9     S[0] = S0
10    I[0] = I0
11    R[0] = R0
12    N = S0 + I0 + R0
13    for n in range(1, nmax):

```

```

14     S[n] = S[n-1]*(1 - T*beta/N*I[n-1]) + T*mu*(N - S[n-1])
15     I[n] = I[n-1]*(1 + T*(beta/N*S[n-1] - gamma - mu))
16     R[n] = R[n-1] + T*gamma*I[n-1] - T*mu*R[n-1]
17     return S, I, R
18
19
20 def figura():
21     N = 1000                                # Tamanho populaCao
22     nmax = 1000                             # quantidade de amostras
23     IO = 1                                  # qtd. infectados p/ n = 0
24     RO = 0                                  # qtd. removidos p/ n = 0
25     SO = N - IO - RO                       # qtd. suscetIveis p/ n = 0
26     beta = 1/7                             # taxa de transmissao / dia
27     gamma = 0.03                          # taxa de recuperacao / dia
28     mu = 0.01                             # taxa de natalidade e mortalidade
29     dt = 0.1/beta                          # periodo de amostragem
30     Ttotal = numpy.linspace(0, dt*nmax, nmax)
31     S, I, R = SIR_nascimento(SO, IO, RO, dt, beta, gamma, mu, nmax)
32     fig = plt.figure()
33     ax = fig.add_subplot(1, 1, 1)
34     ax.plot(Ttotal, S, 'g--', label='Suscetiveis')
35     ax.plot(Ttotal, I, 'r--', label='Infectados')
36     ax.plot(Ttotal, R, 'b--', label='Removidos')
37     ax.set_ylabel('Pessoas infectadas')
38     ax.set_xlabel('Tempo (dias)')
39     ax.grid()
40     ax.legend()
41     plt.xlim(0, 400)
42     plt.show()
43
44
45 figura()

```

8 Implementação digital do modelo SIRS

8.1 Equações de diferenças

Assim como foi feito para o modelo SIR, para implementar o modelo digital SIRS, é necessário transformar as equações 12, 13 e 14 para equações de diferenças. Novamente, isso é feito expandindo as derivadas na forma de limite. Então, primeiramente para a expressão 12, temos:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = \frac{-\beta}{N} S(t) I(t) + \delta R(t) \quad (46)$$

Considerando Δt como sendo o período de amostragem do nosso sinal contínuo, temos então:

$$\frac{S([n+1]T) - S(nT)}{T} = \frac{-\beta}{N} S(nT) I(nT) + \delta R(nT) \quad (47)$$

Discretizando nT e passando T para o lado direito, temos então:

$$S[n+1] - S[n] = \frac{-\beta}{N} TS[n] I[n] + \delta TR[n] \quad (48)$$

Realizando o mesmo procedimento para as equações 13 e 14, obtemos:

$$I[n+1] - I[n] = \frac{\beta}{N} TS[n] I[n] - \gamma I[n] \quad (49)$$

$$R[n+1] - R[n] = T\gamma I[n] - T\delta R[n] \quad (50)$$

8.2 Algoritmo em Python

```

1 import numpy
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4
5 def SIRS(S0, IO, R0, T, beta, gamma, mu, delta, nmax):
6     S = numpy.zeros(nmax)
7     I = numpy.zeros(nmax)
8     R = numpy.zeros(nmax)
9     S[0] = S0
10    I[0] = IO
11    R[0] = R0
12    N = S0 + IO + R0
13    for n in range(1, nmax):
14        S[n] = S[n-1] - beta/N*S[n-1]*I[n-1] + delta*T*R[n-1]
15        I[n] = I[n-1] + beta/N*S[n-1]*I[n-1] - gamma*T*I[n-1] - mu*T*I[n-1]
16        R[n] = R[n-1] + gamma*T*I[n-1] - delta*T*R[n-1]
17    return S, I, R

```



```

16     R[n] = R[n-1] + T*gamma*I[n-1] - mu*T*R[n-1]
17     return S, I, R
18
19
20 def figura():
21     N = 1000                                # Tamanho populacao
22     nmax = 10000                            # quantidade de amostras
23     IO = 1                                  # qtd. infectados p/ n = 0
24     RO = 0                                  # qtd. removidos p/ n = 0
25     SO = N - IO - RO                       # qtd. suscetiveis p/ n = 0
26     beta = 1/7                              # taxa de transmissao / dia
27     gamma = 0.03                           # taxa de recuperacao / dia
28     mu = 0.01
29     delta = 0.001                          # taxa de natalidade e mortalidade
30     dt = 0.1/beta                          # periodo de amostragem
31     Ttotal = numpy.linspace(0, dt*nmax, nmax)
32     S, I, R = SIRS(SO, IO, RO, dt, beta, gamma, mu, delta, nmax)
33     Ttotal = numpy.linspace(0, dt*nmax, nmax)
34     fig = plt.figure()
35     ax = fig.add_subplot(1, 1, 1)
36     ax.plot(Ttotal, S, 'g--', label='Suscetiveis')
37     ax.plot(Ttotal, I, 'r--', label='Infectados')
38     ax.plot(Ttotal, R, 'b--', label='Removidos')
39     ax.set_ylabel('Pessoas infectadas')
40     ax.set_xlabel('Tempo (dias)')
41     ax.grid()
42     ax.legend()
43     plt.xlim(0, 400)
44     plt.show()
45
46
47 figura()

```

9 Implementação digital de modelo SIS

9.1 Equações de diferenças

Assim como foi feito para os dois modelos anteriores, para implementar o modelo digital SIS, é necessário transformar as equações 17 e 18 para equações de diferenças. Primeiramente para a expressão 17, temos:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = -\beta S(t)I(t) + \gamma I(t) \quad (51)$$

Considerando Δt como sendo o período de amostragem do nosso sinal contínuo, temos então:

$$\frac{S([n+1]T) - S(nT)}{T} = \frac{-\beta}{N} S(nT)I(nT) + \gamma I(nT) \quad (52)$$

Discretizando nT e passando T para o lado direito, temos então:

$$S[n+1] - S[n] = \frac{-\beta}{N} TS[n]I[n] + \gamma TI[n] \quad (53)$$

Realizando o mesmo procedimento para 18, temos a equação:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \quad (54)$$

$$\frac{I([n+1]T) - I(nT)}{T} = \frac{\beta}{N} S(nT)I(nT) - \gamma I(nT) \quad (55)$$

$$I[n+1] - I[n] = \frac{\beta}{N} TS[n]I[n] - \gamma TI[n] \quad (56)$$

9.2 Algoritmo em Python

```

1 import numpy
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4
5 def SIS(N, I0, dt, beta, gama, nmax):
6     S = numpy.zeros(nmax)
7     I = numpy.zeros(nmax)
8     S[0] = N - I0
9     I[0] = I0
10    for n in range(1, nmax):
11        S[n] = S[n-1]*(1 - dt*beta/N*I[n-1]) + dt*gama*I[n-1]
12        I[n] = I[n-1]*(1 + dt*(beta/N*S[n-1])) - dt*gama*I[n-1]
13    return S, I
14
```

```

15
16 def grafico_SIS():
17     beta = 0.1          # taxa de transmissao
18     gama = 0.01         # taxa de recuperacao
19     N = 1000
20     dt = 0.1/beta
21     nmax = 1000
22     S, I = SIS(N, 1, dt, beta, gama, nmax)
23     Ttotal = numpy.linspace(0, dt*nmax, nmax)
24     fig = plt.figure()
25     ax = fig.add_subplot(1, 1, 1)
26     ax.plot(Ttotal, S, 'g--', label='suscetiveis')
27     ax.plot(Ttotal, I, 'r--', label='infectados')
28     ax.set_ylabel('Pessoas infectadas')
29     ax.set_xlabel('Tempo (dias)')
30     ax.grid()
31     ax.legend()
32     plt.xlim(0, 200)
33     plt.show()
34
35
36 grafico_SIS()

```

9.3 Implementação digital do modelo SIS com nascimentos e mortes

Para a implementação do modelo SIS com nascimentos e mortes, é necessário discretizar as equações 26 e 27.

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = \frac{-\beta}{N} S(t)I(t) + \gamma I(t) + \mu(N - S(t)) \quad (57)$$

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = \frac{\beta}{N} S(t)I(t) - \gamma I(t) - \mu I(t) \quad (58)$$

Tomando Δt como sendo nosso período de amostragem, chegamos nas seguintes equações:

$$S[n + 1] = S[n] - \frac{\beta}{N} TS[n]I[n] + \gamma TI[n] + \mu T(N - S[n]) \quad (59)$$

$$I[n + 1] = I[n] + \frac{\beta}{N} TS[n]I[n] - \gamma TI[n] - \mu TI[n] \quad (60)$$

9.4 Algoritmo em Python

```

1 import numpy
2 import matplotlib.pyplot as plt
3

```

```

4
5 def SIS_nascimento(N, IO, dt, beta, gamma, mu, nmax):
6     S = numpy.zeros(nmax)
7     I = numpy.zeros(nmax)
8     S[0] = N - IO
9     I[0] = IO
10    for n in range(1, nmax):
11        S[n] = S[n-1]*(1 - dt*beta/N*I[n-1]) + dt * \
12            gamma*I[n-1] + mu*dt*(N - S[n-1])
13        I[n] = I[n-1]*(1 + dt*(beta/N*S[n-1])) - dt*gamma*I[n-1] - dt*mu
14        *I[n-1]
15    return S, I
16
17 def grafico_SIS_nascimento():
18     N = 1000                                # Tamanho populacao
19     nmax = 1000                              # quantidade de amostras
20     IO = 1                                   # qtd. infectados p/ n = 0
21     beta = 1/7                               # taxa de transmissao / dia
22     gamma = 0.03                             # taxa de recuperacao / dia
23     mu = 0.02                                # taxa de natalidade e mortalidade
24     dt = 0.1/beta                            # periodo de amostragem
25     S, I = SIS_nascimento(N, IO, dt, beta, gamma, mu, nmax)
26     Ttotal = numpy.linspace(0, dt*nmax, nmax)
27     fig = plt.figure()
28     ax = fig.add_subplot(1, 1, 1)
29     ax.plot(Ttotal, S, 'g--', label='suscetiveis')
30     ax.plot(Ttotal, I, 'r--', label='infectados')
31     ax.set_ylabel('Pessoas infectadas')
32     ax.set_xlabel('Tempo (dias)')
33     ax.grid()
34     ax.legend()
35     plt.xlim(0, 200)
36     plt.show()
37
38
39 grafico_SIS_nascimento()

```

10 O modelo SIR aplicado à epidemia de influenza A (H1N1) ocorrida em 2009 no Brasil

Inicialmente, o surto de influenza A originou-se no México em março de 2009 e espalhou por mais de 80 países, sendo um deles o Brasil. No dia 07 de maio de 2009, em um pronunciamento o ministro da Saúde confirmou que o Brasil tinha quatro casos de pessoas infectadas pelo A(H1N1). (CAETANO, 2010 (accessed July 14, 2020))

Com o intuito de descrever o comportamento desta epidemia, utiliza-se do modelo SIR, dividindo a população em três classes individuais: os suscetíveis (S), sendo aqueles que podem se infectar com o vírus; os infectados propriamente dito (I), classe composta pelos os indivíduos doentes e que podem disseminar a doença; e os recuperados (R), caracterizados como aqueles que já foram infectados e tornaram-se imunes ou faleceram. A partir desse instante, é possível estabelecer o fluxo unidirecional, de classe para classe, do modelo igual ao que já foi estabelecido em 2:

$$S(t) \longrightarrow I(t) \longrightarrow R(t)$$

Além do fluxo acima, tem-se, também, o diagrama de fluxo do modelo SIR para a epidemia:

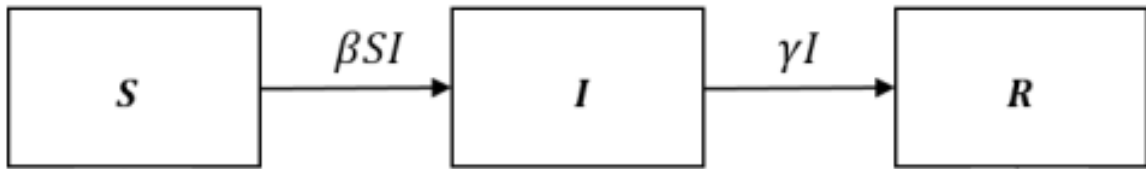


Figura 7 – Diagrama de Fluxo do modelo SIR para a epidemia de Influenza A ocorrida em 2009 no Brasil

Neste diagrama 7, é possível observar o aparecimento das variáveis β e γ , as quais são responsáveis por representarem as taxas de infecção e remoção respectivamente. Além disso, é possível notar também que, para o estudo deste modelo para epidemia, não consideram-se as taxas de natalidade e mortalidade natural. Deste modo, o sistema de equações para a dinâmica da figura 7 pode ser escrito como:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (61)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (62)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (63)$$

Baseado neste sistema, é possível determinar a taxa de reprodutibilidade (R_0), a qual é responsável por contabilizar a média de indivíduos que uma pessoa contaminada pode infectar. Do ponto de vista da saúde pública, este fator é crucial para compreender a ocorrência da epidemia, principalmente para os casos onde ($R_0 > 1$).

Então, para obter esta taxa, inicialmente, considera-se duas hipóteses heurísticas: as equações 61 e 63 são descartadas, além de analisar apenas a variação de infectados, ao invés de todos eles. Então, utiliza-se da taxa de incidência de infectados por mês (I_R) na expressão 62 desmembrada:

$$\frac{dI_R}{dt} = \beta S I_R \quad (64)$$

$$\frac{dI_R}{dt} = -\gamma I_R \quad (65)$$

onde a solução da equação 64 é descrita por $I_R = I_{R_0} = e^{\beta S t}$ e corresponde ao intervalo do início ao da epidemia até o número máximo de casos. Além desta, a solução da equação 65 é dada por $I_R = I_{R_0} = e^{-\gamma t}$ e está relacionada ao intervalo do número máximo de casos até o fim da epidemia. A partir destas respostas e mais manipulações nas exponenciais, é possível obter as constantes βS e γ de forma analítica. Assim, a taxa de reprodutibilidade (R_0) pode ser descrita como:

$$R_0 = \frac{\beta S}{\gamma} \quad (66)$$

onde pode se considerar epidemia quando $R_0 \geq 1$ e ausência de epidemia para $R_0 < 1$.

Após definido a taxa de reprodutibilidade e todo o modelo SIR para a influenza A, por meio da obtenção dos dados reais referentes a doença e de softwares, é possível obter a modelagem matemática da epidemia. Para isso, Então, primeiramente, tem-se a figura a seguir, que contém os dados referentes a H1N1 no Brasil:

STATES	BS	μ	R_0'	Prevalence year of 2009 (/100.000 habitants)
Rondônia	0,0302	0,027	1,12	5,0
Acre	0,0279	0,026	1,07	34,6
Roraima	0,041	0,045	0,91	16,6
Pará	0,0448	0,033	1,36	18,5
Amapá	0,0256	0,031	0,83	5,1
Maranhão	0,0409	0,081	0,50	1,7
Piauí	0,0286	0,031	0,92	7,9
Paraíba	0,0387	0,05	0,77	4,0
Pernambuco	0,0443	0,026	1,70	7,1
Sergipe	0,0284	0,021	1,35	3,2
Bahia	0,0377	0,037	1,02	4,4
Minas Gerais	0,044	0,036	1,22	30,6
Espírito Santo	0,0444	0,057	0,78	13,7
Rio de Janeiro	0,0464	0,05	0,93	40,0
São Paulo	0,0477	0,027	1,77	53,7
Paraná	0,0628	0,025	2,51	393,0
Santa Catarina	0,0614	0,043	1,43	82,1
Rio Grande do Sul	0,0499	0,033	1,51	49,2
Mato Grosso do Sul	0,0384	0,043	0,89	14,3
Mato Grosso	0,0319	0,035	0,91	10,3
Goiás	0,0398	0,025	1,59	21,7
BRASIL	0,0511	0,025	2,04	50,2

(*) Não houve crescimento.

Figura 8 – Constantes βS , γ e R_0 dos estados que apresentaram um surto epidêmico. (KOCK et al., 2017 (accessed July 14, 2020))

Sob posse dos dados, a próxima etapa é utilizar as equações de diferenças para discretizar as expressões 61, 62 e 63. Depois de discretizadas, estas são implementadas em um algoritmo na linguagem Python, para plotar o comportamento da epidemia em um gráfico.

11 Implementação digital para o modelo da influenza A

11.1 Equações de diferenças

Para a implementação do modelo digital SIR sem nascimentos, é necessário transformar as equações 61, 62 e 63 para equações de diferenças. Isso é feito expandindo as derivadas na forma de limite. Para a equação 61, temos:

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = -\beta S(t)I(t) \quad (67)$$

Considerando Δt como sendo o período de amostragem do nosso sinal contínuo, temos então:

$$\frac{S([n + 1]T) - S(nT)}{T} = \frac{-\beta}{N} S(nT)I(nT) \quad (68)$$

Discretizando nT e passando T para o lado direito, temos então:

$$S[n + 1] - S[n] = \frac{-\beta}{N} TS[n]I[n] \quad (69)$$

Realizando o mesmo procedimento para as outras equações, obtemos:

$$I[n + 1] - I[n] = \frac{-\beta}{N} TS[n]I[n] - \gamma I[n] \quad (70)$$

$$R[n + 1] - R[n] = T\gamma I[n] \quad (71)$$

11.2 Algoritmo em Python

A implementação digital deste modelo em Python, é a mesma explicitada no subtópico 7.2.

12 Resultados

Para a geração dos resultados a seguir, considera-se uma população fictícia de tamanho 1000 para simulação dos modelos digitais. Vale ressaltar que, todas as constantes utilizadas estão explicitadas nos algoritmos em Python:

12.1 Modelo SIR

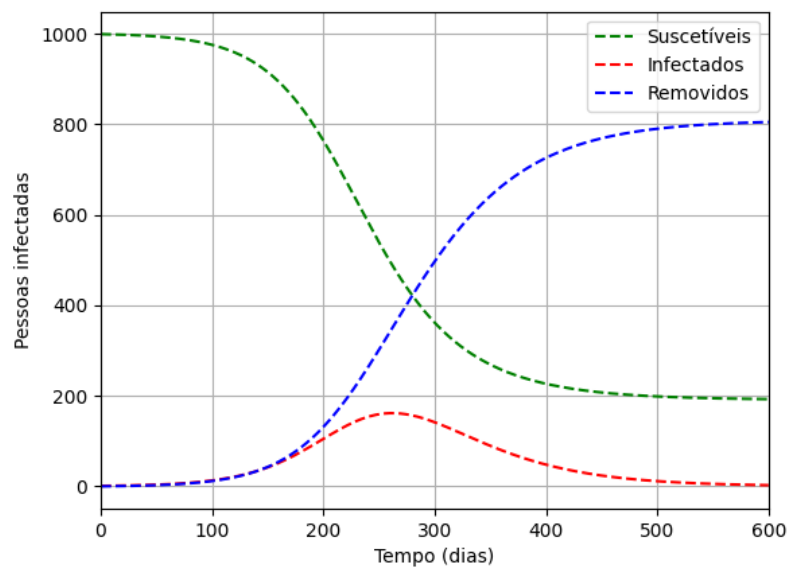


Figura 9 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIR em Python, para $\beta = 0.0477$, $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 2.1 dias. Este resultado aplica-se para o modelo da influenza A abordado no tópico 10 deste relatório

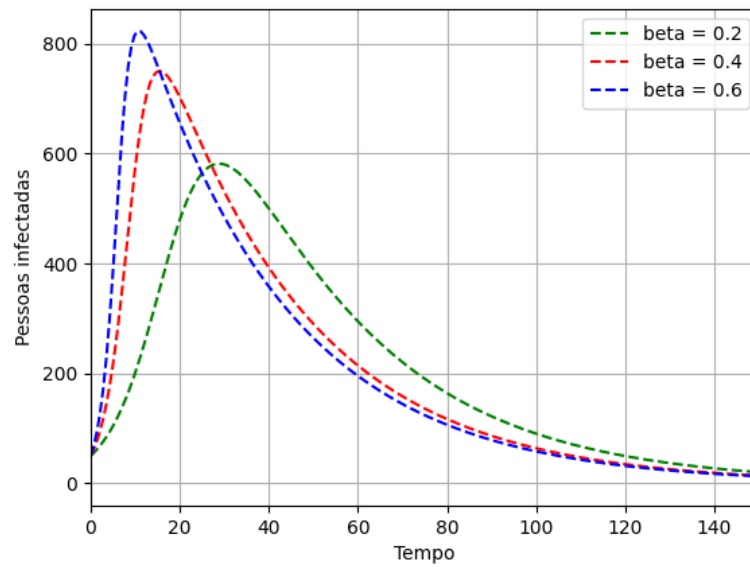


Figura 10 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIR em Python, para diversos valores de β , $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 0.7 dia

12.2 Modelo SIR com nascimentos e mortes

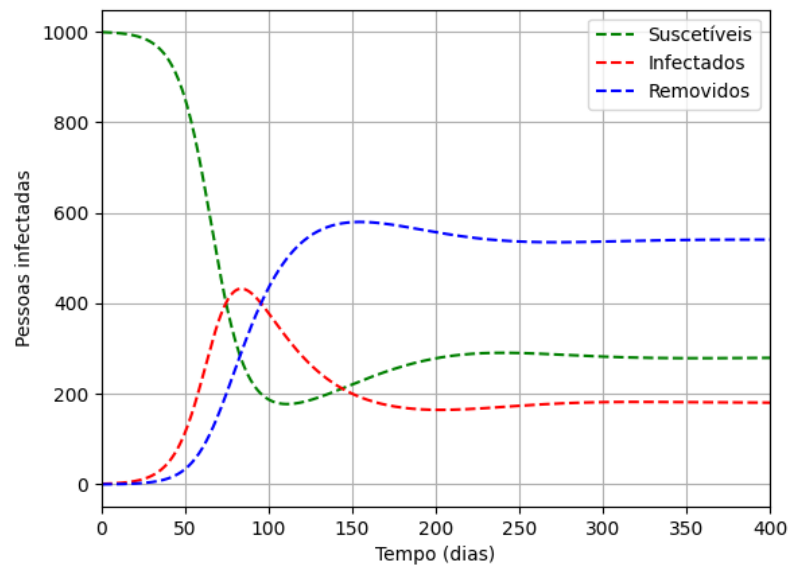


Figura 11 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIR com nascimentos e mortes em Python, para $\beta = 1/7$, $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 0.7 dia

12.3 Modelo SIRS

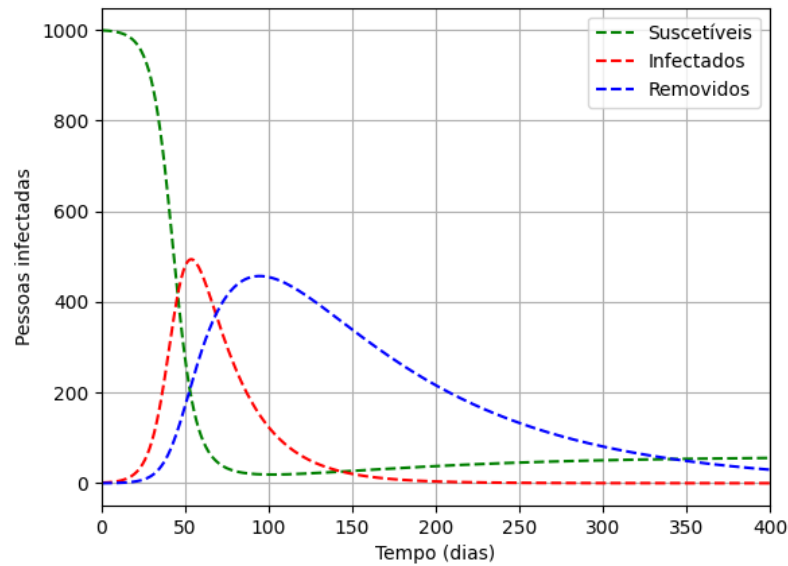


Figura 12 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIRS em Python, para $\beta = 1/7$, $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 0.7 dia

12.4 Modelo SIS

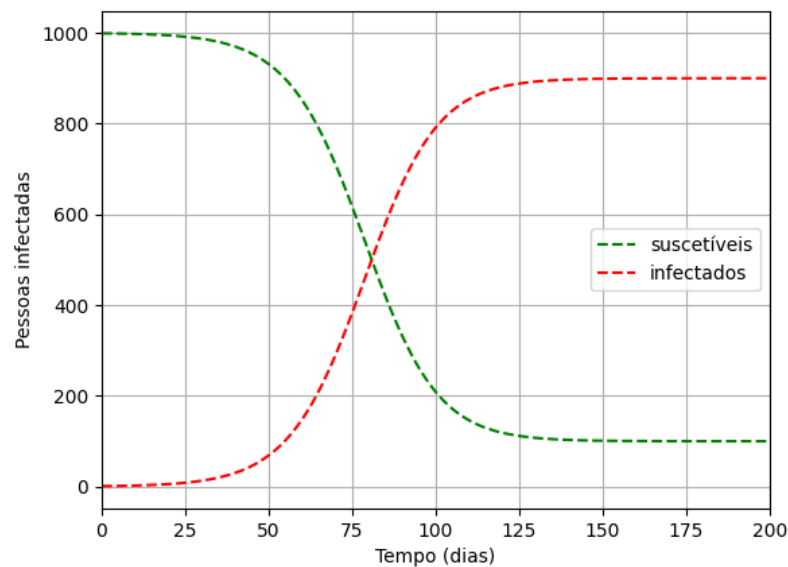


Figura 13 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIS em Python, para $\beta = 0.1$, $\gamma = 0.01$ e período de amostragem de 1 dia

12.5 Modelo SIS com nascimentos e mortes

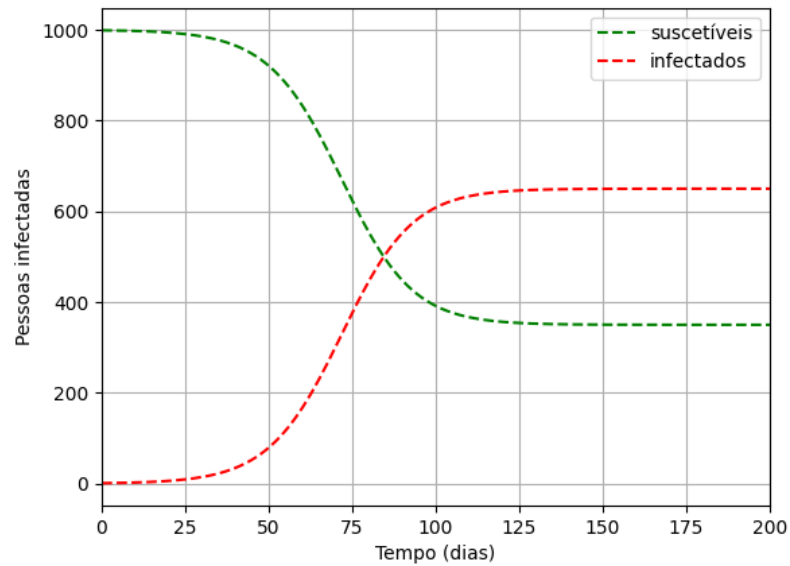


Figura 14 – Gráfico gerado pela implementação do modelo SIS com nascimentos e mortes em Python, para $\beta = 1/7$, $\gamma = 0.03$ e período de amostragem de 0.7 dia

13 Conclusão

Baseado nos gráficos gerados a partir da simulação em Python, foi possível interpretar o comportamento dos sistemas. Esses sistemas, de modo geral, são não lineares, e portanto é muito difícil encontrar uma solução analítica para resolvê-los. Uma possibilidade foi encontrar soluções numéricas para estes sistemas, discretizando as variáveis e iterando. Apesar de hoje em dia existirem algumas soluções analíticas para alguns modelos de sistemas não lineares, como o SIR, o método numérico ainda é o mais utilizado por de fácil implementação.

Para o gráfico da figura 9, podemos perceber a dinâmica transitória da população. Primeiramente quase toda população está saudável, e conforme o decorrer do tempo, o número de infectados tende a subir. Conforme o número de infectados aumenta, proporcionalmente também aumentam os casos recuperados/mortos, de forma que no fim quase toda população se torna recuperada/morta.

Para o gráfico da figura 10, podemos ver a importância do achatamento da curva de infectados em uma dinâmica de epidemia. Simulamos para diferentes taxas de transmissão o comportamento da curva de infectados. Podemos perceber que para taxas de transmissão elevadas, como o caso de $\beta = 0.6$, a curva tem um pico bem elevado e mais curto. Já para uma taxa de transmissão mais moderada, como $\beta = 0.2$, a curva tende a ser mais suave, com um pico menor. Podemos perceber então a importância no controle da taxa de transmissão de uma doença. No cenário atual de 2020, este assunto se tornou muito recorrente com a pandemia da COVID-19. Com um pico de infectados elevado, o Sistema de Saúde pode ter sérios problemas em realizar o atendimento desses doentes. Então podemos perceber a importância de medidas de controle de propagação da doença, como o isolamento social. É de fundamental importância estudarmos essas medidas para que a epidemia possa ser controlada.

Para o gráfico da figura 11, que representa o modelo SIR com nascimentos e mortes constantes, os gráficos são semelhantes ao modelo SIR comum. Entretanto, podemos perceber que para regime permanente, a curva de infectados se torna constante em um valor positivo. Isso nos indica que há pessoas novas suscetíveis entrando na dinâmica do sistema, bem como pessoas morrendo de igual maneira. Para esta simulação, foram utilizados os parâmetros da tabela 8 relativos ao Brasil, entretanto com uma população fictícia.

Para o gráfico da figura 12, referente a implementação digital do modelo SIRS, podemos notar que até os 100 dias primeiros dias da simulação, ele comporta-se de forma similar ao modelo SIR, demonstrado pela a figura 9. Após esse primeiro instante, os indivíduos recuperados não se imunizam da doença e tornam-se suscetíveis novamente, o que justifica a queda da curva de removidos a partir do centésimo dia e o crescimento dos infectados

neste mesmo período.

Para o gráfico da figura 13, que representa o modelo SIS, podemos perceber que há uma dinâmica entre os infectados e os suscetíveis, na qual o número de infectados começa a crescer exponencialmente e os de suscetíveis começa a decair. Entretanto, após passar um certo tempo, o número de infectados e suscetíveis se torna constante. Isso não significa que as pessoas infectadas pararam de transmitir a doença, mas sim que houve um equilíbrio entre a transmissão e a recuperação. Esse equilíbrio depende das constantes β e γ . É válido ressaltar que o modelo SIS é linear e possui uma solução analítica.

Para o gráfico da figura 14, que representa o modelo SIS com nascimentos e mortes constantes, percebemos que seu comportamento se assemelha com o modelo SIS tradicional, no qual, em equilíbrio, apresenta o número de infectados e sensíveis constante.

No mais, percebemos que a solução numérica discretizada dos modelo epidêmicos é muito útil para analisar o comportamento das epidemias em uma população ao longo do tempo, transformando de tempo contínuo para tempo discreto através das equações de diferenças, sendo então um método prático e de fácil implementação.

Referências Bibliográficas

CAETANO, M. T. P. **Modelagem Matemática da Influenza A(H1N1)**. [S.l.], 2010 (accessed July 14, 2020). Disponível em: <http://repositorio.unicamp.br/bitstream/REPOSIP/307205/1/Caetano_MarcoTulioPeres_M.pdf>. Citado na página 28.

KOCK, K. de S.; TAVARES, E. G.; TRAEBERT, J. L.; MAURICI, R. **Cálculo da taxa de reprodutividade (R_0) através da simplificação do modelo SIR aplicado à epidemia de influenza A (H1N1) ocorrida em 2009 no Brasil**. [S.l.], 2017 (accessed July 14, 2020). Disponível em: <<https://online.unisc.br/seer/index.php/epidemiologia/article/download/7685/5965>>. Citado 2 vezes nas páginas 3 e 30.

VIEIRA, A. de O. **Estudo sobre Modelos Matemáticos Aplicados à Epidemiologia: Modelo SIR, SIR com vacinação e SIRS**. [S.l.], 2016 (accessed July 14, 2020). Disponível em: <https://eadcampus.spo.ifsp.edu.br/pluginfile.php/275765/mod_data/content/3618/Aline%20de%20Oliveira%20Vieira.pdf>. Citado 2 vezes nas páginas 3 e 11.