

Projeção da população de infectados em uma Epidemia pelo Modelo SIR

Pedro Henrique Arriada Beskow¹; Claudio Zen Petersen²

¹ Universidade Federal de Pelotas – pedrohbeskow@gmail.com

² Universidade Federal de Pelotas – claudio.petersen@ufpel.edu.br

1. INTRODUÇÃO

A modelagem matemática em Epidemiologia é feita através do estudo de equações diferenciais que descrevem a interação entre a população e o ambiente, resultando numa análise detalhada a respeito da doença. A importância desse estudo se dá pelo fato de que quanto mais se conhece a respeito da doença e o modo como ela se propaga, mais eficazes são os métodos para impedir sua transmissão, e até mesmo o estudo de ações preventivas como, por exemplo, o isolamento social (KEELING; ROHANI, 2008).

A imensa necessidade de compreender a proliferação de doenças infecciosas do ponto de vista dinâmico fez surgir uma nova área da ciência denominada de Epidemiologia Matemática. Ela propõe modelos que possam ajudar a traçar políticas de controle dessas doenças. Um dos modelos mais estudados é o modelo denominado SIR (Suscetível - Infectado - Recuperado), na qual, a partir deste modelo, é possível extrair informações da população de infectados tais como a fase epidêmica, o patamar endêmico em que a doença se encontra e a existência de limiares nas taxas de propagação, para possibilitar a erradicação de doenças infecciosas pela análise dos pontos de equilíbrio do sistema. Além disso, é possível projetar essa população em um intervalo de tempo (KEELING; ROHANI, 2008).

Nesse sentido, outros estudos de modelagem têm sido aperfeiçoados para entender a dinâmica da transmissão espaço-temporal de doenças infecciosas usadas para prever futuras epidemias ou pandemias causadas por outros vírus com características de disseminação semelhantes (DIN; ALGEHYNE, 2021; JEWELL; LEWNARD; JEWELL, 2020). Desta forma, o objetivo deste trabalho é estimar a população de infectados através do modelo SIR em um período de tempo da pandemia COVID 19, considerando simplesmente uma manipulação algébrica do próprio sistema de equações e aplicando o operador integral.

2. METODOLOGIA

Grande parte dos modelos propostos para a disseminação de epidemias baseiam-se em uma variação do modelo clássico SIR. Então, partindo do referido modelo, sem perda de generalidade, considerando os parâmetros epidemiológicos constantes por janela epidemiológica analisada, sem considerar nascimentos e mortes, temos:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t); \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t); \frac{dR(t)}{dt} = \alpha I(t) \quad (1)$$

com condições iniciais dadas por

$$S(0) = S_0; I(0) = I_0; R(0) = 0 \quad (2)$$

e população total considerada como

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) \quad (3)$$

onde N é a população total, S representa a classe de indivíduos Suscetíveis; I representa a classe de indivíduos Infectados, R representa a classe de indivíduos recuperados; β é a taxa de transmissão da doença e α é a taxa de recuperação devido a doença, S_0 é a população inicial de Suscetíveis com $S_0 \neq 0$, I_0 é a população inicial de Infectados com $I_0 \neq 0$.

Note que a não linearidade deste problema está nas duas primeiras equações. Se conseguirmos uma solução para a população de suscetíveis e infectados encontraremos diretamente a solução dos removidos. Então, dividindo a equação dos infectados pelos suscetíveis temos:

$$\frac{I'(t)}{S'(t)} = \frac{\beta S(t)I(t) - \alpha I(t)}{-\beta S(t)I(t)} = -1 + \frac{\alpha}{\beta S(t)} \quad (4)$$

Uma vez que a Equação 4 é separável, podemos separar as variáveis e aplicar o operador integral em (5), resultando em

$$I(t) = -S(t) + \frac{\alpha}{\beta} \ln(S(t)) + C \quad (5)$$

Com a condição inicial $I(0) = I_0$ aplicada em (5), algumas considerações matemáticas e algebrismos, podemos encontrar a constante C e uma expressão para a população de infectados máxima dada por

$$I_{max} = -\frac{\alpha}{\beta} + \frac{\alpha}{\beta} \left(\ln\left(\frac{\alpha}{\beta}\right) \right) + S_0 + I_0 - \frac{\alpha}{\beta} (\ln(S_0)) \quad (6)$$

Além disso, partindo da Equação (1), sem considerar as dependências, percebe-se

que a população de infecciosos é crescente se $\beta S - \alpha > 0$, ou seja, se $\frac{\beta S}{\alpha} > 1$,

para $\alpha \neq 0$. Essa relação é o chamado número de reprodução básico, que fornece o número de casos secundários que um indivíduo Infecioso produz por unidade de

tempo. Como em $t = 0 \Rightarrow S_0 \cong N$ tem-se $R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os dados necessários para gerar os resultados foram retirados dos sites Painel COVID Pelotas, Painel COVID Brasil e Biblioteca Virtual em Saúde. Para o período em análise foi utilizado o período de seis meses (01/01/2021 à 01/06/2021) referentes a cidade de Pelotas. Os dados de entrada do modelo proposto foram: a população total, casos acumulados, casos novos e o número de reprodução básico em janelas temporais (R_t) (Painel COVID Pelotas, 2021; Painel COVID Brasil, 2021). As populações consideradas neste trabalho foram normalizadas pela população total. Além disso, para os parâmetros epidemiológicos foram utilizados: $\alpha = 0,142857140$ (constante para todo o período), $\beta = R_t \times \alpha$ (variável para cada janela temporal), população de infectados e suscetíveis iniciais atualizada para cada nova janela temporal.

Os resultados obtidos através da formula (6) são apresentados na Figura 1.



Figura 1. População de Infectados normalizada fornecida pelo Modelo SIR para três períodos temporais considerados para cidade de Pelotas.

4. CONCLUSÕES

Neste trabalho, a partir do modelo SIR, obtemos uma expressão para a curva dos infectados pela simples manipulação algébrica da equação diferencial e aplicação do operador integral. A não linearidade foi desacoplada, a fim de se obter uma expressão para a população dos infectados em função dos suscetíveis e dos parâmetros epidemiológicos. Embora o modelo sendo simples, ele já é capaz de nos fornecer uma ideia da projeção da curva das populações envolvidas em uma epidemia. Observamos que os resultados fornecidos pelo modelo é muito influenciado pela entrada de dados, principalmente pelo parâmetro epidemiológico β , que é a taxa de transmissão da doença. Além disso, com os resultados apresentados para a curva

dos infectados, considerando a pandemia COVID19, para um período de 01/01/2021 á 30/06/2021, na cidade de Pelotas, notamos que a curva gerada pelos gráficos se comportou, em alguns pontos, como o esperado pelos dados observados e, em outros não. Portanto, nos fez inferir que esses modelos epidemiológicos provavelmente devem funcionar melhor em janelas temporais mais curtas, ou em janelas em que os parâmetros epidemiológicos não variam tanto, principalmente o β , que é intimamente ligado ao R_t da doença. Estamos cientes que o modelo SIR tenta estimar as populações ao longo do tempo e é muito influenciado pelos dados e parâmetros epidemiológicos de uma doença, o que é um desafio em obtê-los de forma precisa. Nesse sentido, em trabalhos futuros vamos confrontar essa proposta de solução, considerando outros cenários realistas de uma epidemia e acrescentar outros compartimentos para perceber a validade e plausibilidade dos modelos, para tentar prever o comportamento das populações e verificar suas limitações de uso. Estamos cientes que esses modelos devem funcionar para pequenas janelas epidemiológicas, no entanto já percebemos que pequenas medidas de controle nos parâmetros epidemiológicos (diminuição da taxa de transmissão) já fornecem mudanças bem perceptíveis nas curvas dos infectados, população mais importante de se analisar o comportamento numa epidemia e fundamental para medidas de ordem pública de controle da mesma. Assim, para trabalhos futuros vamos considerar janelas temporais diversas e acrescentar outras populações no modelo.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. KEELING, M. J.; ROHANI, P. *Modeling infectious diseases in humans and animals*. Princeton University Press, 2008.
2. DIN, R. U.; ALGEHYNE, E. A. **Mathematical analysis of COVID-19 by using SIR model with convex incidence rate**. Results in physics, v.23, p. 103970, 2021.
3. JEWELL, N. P.; LEWNARD, J. A.; JEWELL, B. **Predictive mathematical models of the COVID-19 pandemic**. J Am Med Assoc, v. 323(19), p.1893–94, 2020.
4. Painel COVID Pelotas, Pelotas. Acessado em 07 ago. 2022. Online. Disponível em <http://painel-covid.pelotas.com.br/>.
5. CoronaVírus Brasil, Brasil. Acessado em 07 ago. 2022. Online. Disponível em <https://covid.saude.gov.br/>.
6. Biblioteca Virtual em Saúde, Brasil. Acessado em 07 ago. 2022. Online. Disponível em <https://bvsms.saude.gov.br/novo-coronavirus-covid-19-informacoes-basicas/>