

## Modelagem de uma epidemia de sarampo usando SIR

Lucas da Silva Costa<sup>1</sup>  
 Edyvana G. da S. Teixeira<sup>2</sup>  
 Arthur da Costa Almeida<sup>3</sup>  
 UFPA/FACMAT, Castanhal, PA

O sarampo é uma doença endo-epidêmica, altamente contagiosa e de transmissão direta, causada por um ácido ribonucleico (ARN) vírus do gênero *Morbillivirus*, pertencente à família *Paramyxoviridae*. Ele possui uma estrutura composta basicamente por duas partes: o nucleocapsídeo, parte não infectante do vírus onde está contido seu único genoma ARN, e um envólucro externo lipídico-glicoprotéico, o qual tem potencial infectante. Uma vez dentro do organismo, o vírus estabelece ligações com os receptores celulares, os quais podem ser células CD150, moléculas de nectina-4 ou CD46 (para o vírus atenuado). A presença do microrganismo invasor estimula a produção de anticorpos, as imunoglobulinas IgM e IgG, responsáveis por sua neutralização [1].

A motivação para o estudo da dinâmica temporal do sarampo, partiu do fato de o Brasil, mesmo possuindo uma vacina gratuita e eficaz, quase perder seu certificado de erradicação da doença, concedido pela Organização Mundial da Saúde (OMS) em 2016. O objetivo é fazer um exercício de modelagem matemática, comparando resultados analíticos e numéricos, além de uso de computador, como auxiliar cada vez mais indispensável na pesquisa científica.

Para esta pesquisa foram analisados modelos compartimentais contínuos e discretos com e sem estrutura etária e com cobertura vacinal, como os propostos em [2] e [3]. Apresentaremos um modelo Suscetível-Infectado-Recuperado (SIR) contínuo com vacinação constante, no qual a população está dividida em três compartimentos: suscetíveis, infectados e recuperados, como desenvolvido em [3].

O Sistema é dado por:

$$\begin{cases} \frac{d}{dt}S(t) &= \mu N(1-v) - (\lambda(t) + \mu)S(t) \\ \frac{d}{dt}I(t) &= \lambda(t)S(t) - (\mu + \gamma)I(t) \\ \frac{d}{dt}R(t) &= \mu Nv + \gamma I(t) - \mu R(t) \end{cases} \quad (1)$$

Tais que  $\lambda(t) = \beta \frac{I(t)}{N}$  é a taxa de transmissão, com número de contatos potencialmente infectantes  $\beta = 0.9$ . Com base no estudo das características da doença e nos índices de [4], definimos: a taxa de mortalidade/natalidade  $\mu = 0.0131$  para uma esperança de vida igual a 76.3 anos, a taxa de recuperação  $\gamma = 0.466$  para um período infeccioso de 10 dias, uma cobertura vacinal  $v = 0.5763$  e  $N = 1000$  para população total. A simulação foi realizada utilizando a linguagem *Python*, sob as condições iniciais:  $S(0) = 999$ ,  $I(0) = 1$  e  $R(0) = 0$ . Obtivemos uma reprodutibilidade basal

---

<sup>1</sup>lcsilva17.ls@gmail.com

<sup>2</sup>edyvanateixeira@gmail.com

<sup>3</sup>arthur@ufpa.br

$R_0 = 1.8785$ , e os pontos de equilíbrio  $P_0(s^*, i^*) = (423.7, 0)$  e  $P_*(s^*, i^*) = (532.3, -2.93)$ . Como  $P_*$  não possui sentido biológico, avaliamos o ponto  $P_0$ . O qual têm como autovalores  $\lambda_1 = -0.0131$  e  $\lambda_2 = 0.0977$ . Os autovetores associados são, respectivamente,  $v_1 = (1, 0)$  e  $v_2 = (-0.9602, 0.279)$ .

Devido aos autovalores  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$  serem dois valores reais, distintos e de sinais opostos, temos que  $P_0$  é um ponto de sela instável. A figura 1 ilustra a solução numérica para o sistema (1), o comportamento da curva de infectados gerada pelo modelo e da curva referente aos dados reais estão representados na Figura 2.

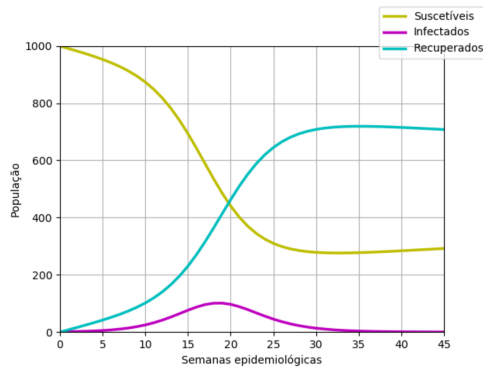


Figura 1: Aproximação numérica por Séries de Taylor.

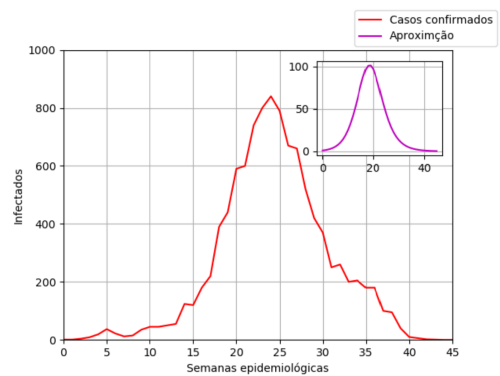


Figura 2: Comparativo entre as curvas de infectados.

Verificou-se que a modelagem matemática usando algoritmos numéricos e discretos, implementados em uma linguagem de programação, forneceu resultados semelhantes aos obtidos de forma analítica. Além disso, sabe-se que esses métodos numéricos funcionam bem, mesmo nos casos em que a solução analítica fechada é desconhecida ou difícil de ser encontrada, o que justifica o seu conhecimento e domínio por parte da nova geração de pesquisadores e matemáticos.

## Referências

- [1] Ali, S. A. R. A. Caracterização genética dos vírus do sarampo genótipo D4 detectados no Brasil no período de 2003-2012. Dissertação de Mestrado, Instituto Oswaldo Cruz, 2012.
- [2] Cristovão, R. B. Modelo SIR: Uma aplicação à Hepatite A. Monografia, USP, 2015.
- [3] Farias, A. V. Um estudo da modelagem epidemiológica SIR usando conceitos de derivadas de ordem inteira e fracionária. Monografia, UFRG, 2017.
- [4] IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Tábua completa de mortalidade para o Brasil - 2018. Rio de Janeiro, 2019.