

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Aplicação do Modelo SIR à Influenza A (H1N1)

Luiz E. S. Xavier¹

Departamento de Matemática Pura, UFRJ, Rio de Janeiro, RJ

1 Introdução

Diariamente convivemos com diversos tipos de doenças, todas com variados meios de propagação e infecção. Tais doenças como a Síndrome da Imunodeficiência Adquirida (AIDS) e Influenzas em geral, possuem surtos com uma certa frequência, o que nos faz questionar como funciona a dinâmica de propagação da doença, e como podemos a combater de forma eficiente.

Em particular, a Influenza A (H1N1) tem chamado atenção dado seu recente surto, principalmente pelo fato da doença ter associada uma taxa de mortalidade relevante. Neste trabalho modelaremos a doença usando um modelo proposto por Kermack e McKendric, e faremos sua análise numérica, afim de entender o comportamento de tal enfermidade.

2 Modelagem

O estudo foi feito baseado nos modelos de Kermack e McKendric, que considera o seguinte sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \dot{S} &= -\beta SI \\ \dot{I} &= \beta SI - \mu I \\ \dot{R} &= \mu I \end{cases} \quad (1)$$

Onde S, I e R representam, respectivamente, os Suscetíveis, os Infeciosos e os Removidos, e β representa a transmissibilidade da doença, e μ a taxa de remoção da doença.

3 Resultados

Através de dados registrados entre as semanas 21 e 22 de 2016 pelo Ministério da Saúde, pôde-se calcular os valores de β e μ da seguinte forma:

$$\beta = \frac{N^{\circ} \text{ de Infectados}}{P \times \Delta t} \text{ e } \mu = \frac{N^{\circ} \text{ de Removidos}}{P \times \Delta t} \quad (2)$$

¹lesxavier@ufrj.br

Onde P é a população total do Estado do Rio de Janeiro, obtida através de dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, e Δt é o tempo passado entre uma medição e outra dos dados da doença pelo Ministério da Saúde.

Com os dados obtidos anteriormente pôde-se fazer uma simulação do sistema de equações (1) utilizando o método de Runge-Kutta de Ordem 4 para equações diferenciais, obtendo-se a simulação da Figura (1) a seguir.

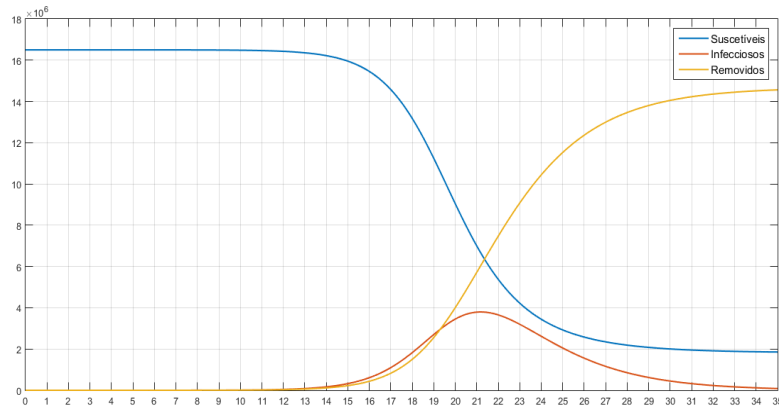


Figura 1: Simulação Numérica do Modelo com RK-4

Conclusões

Apesar das limitações do modelo, além dos erros de aproximação numérica, o resultado obtido mostra uma tendência da doença de poder infectar uma maioria das pessoas, isto quer dizer que, apesar do crescimento repentino de casos da doença ela atingirá seu ápice muito antes de infectar a toda a população.

Agradecimentos

Gostaria de agradecer às professoras Juliana Valério (DCC-UFRJ) e Begoña Alarcón (IME-UFF) por suas indispensáveis orientações e apoio.

Referências

- [1] R. L. Devaney and M. W. Hirsch and S. Smale *Differential Equations, Dynamical Systems, and an Introduction to Chaos*. Elsevier, New York, 2004.
- [2] J. M. Ortega and G. H. Golub, *Scientific Computing and Differential Equations: An Introduction to Numerical Methods*. Academic Press, New York, 1991.