

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Estimando Parâmetros para a Modelagem de Doenças Virais

Thaís Madruga de Oliveira Mendonça¹Nathalia Kathleen Santana Reyes²Douglas Souza de Albuquerque³Josiane Cordeiro⁴Claudia Mazza Dias⁵

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro- UFRRJ

1 Introdução

A modelagem matemática em epidemiologia é ferramenta consagrada no entendimento da propagação e do controle de doenças. Quando se trata de doenças virais, principalmente aquelas que atingem o indivíduo e sua infância, seu estudo ganha também importância social. Para citar alguns exemplos, hoje nosso país lida com alarmante número de casos de Sarampo, doença que já era considerada erradicada na maior parte de nosso território [3]. Outra doença não menos preocupante, mas pouco conhecida do grande público, é a Síndrome da Rubéola Congênita (SRC), uma doença decorrente da infecção da mãe pelo vírus da Rubéola durante as primeiras semanas da gravidez, causando grande influência no desenvolvimento da criança [5]. Como exemplo também citamos a Coqueluche, doença infecciosa aguda do trato respiratório, cujo número de casos é considerado grande pelos especialistas [1]. Todas estas doenças podem ser estudadas e descritas por modelos determinísticos, mas um desafio sempre presente nestes modelos é a estimativa dos seus parâmetros. Este trabalho tem como objetivo estudar diferentes técnicas de estimação estatística dos parâmetros envolvidos nesses modelos.

2 Estimativa de Parâmetros

A partir de dados disponíveis publicamente para algumas das doenças citadas e utilizando-se técnicas de inferência estatística, clássica ou bayesiana, é possível obter estimativas de valores dos parâmetros necessários aos modelos que decrevem as dinâmicas populacionais. Neste contexto, a inferência clássica é mais comumente utilizada, sendo que os principais

¹m.thais04@gmail.com

²kathleen.ksr@gmail.com

³dougdealbu@gmail.com

⁴josicordeiro@gmail.com

⁵mazzaclaudia@gmail.com

métodos são dados através de otimizações de funções objetivos, tais como o método de mínimos quadrados para modelos lineares e o método da máxima verossimilhança [4]. Nos métodos de estimação bayesiana, geralmente, não é necessária a otimização de funções objetivos, que podem ter caráter muito complexo, dificultando a otimização. Neste caso, são utilizados algoritmos estatísticos de sorteio de distribuições, como por exemplo o método de Monte Carlo via Cadeias de Markov [2] e o *Randomized Maximum Likelihood* [6], para obtermos amostras da distribuição *a posteriori* dos parâmetros, que é o objetivo principal na abordagem bayesiana.

3 Conclusões

A modelagem de doenças virais é de fundamental importância para o entendimento dos processos envolvidos e planejamento de ações de controle. A obtenção eficiente dos parâmetros a partir das bases históricas de dados e utilizando técnicas estatísticas adequadas, permite ao modelador uma melhor qualidade na obtenção de cenários futuros. Além disso, o estudo de tais técnicas de inferência estatística clássica e bayesiana no contexto de modelos determinísticos é assunto novo e interessante na formação dos estudantes do curso de bacharelado em matemática.

Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer o CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), pela bolsa de Iniciação Científica do discente da UFRRJ Douglas Souza de Albuquerque. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Referências

- [1] Boletim Epidemiológico da Secretaria de Vigilância em Saúde do Ministério da Saúde. 47(32), 2016.
- [2] D. Gamerman and H. F. Lopes. *Markov Chains Monte Carlo: Stochastic Simulation for Bayesian Inference. 2nd edition*. Chapman & Hall/CRC, Florida, 2006.
- [3] Matéria de O Globo. <https://g1.globo.com/am/amazonas/noticia/manaus-tem-85-novos-casos-de-sarampo-confirmados-diz-semsa.ghtml>. Acesso em: 23/06/18.
- [4] H. S. Migon, D. Gamerman and F. Louzada, *Statistical Inference: An Integrated Approach. 2nd edition*. CRC Press, Florida, 2014.
- [5] Ministério da Saúde. <http://portalms.saude.gov.br/>. Acesso em 05/02/19.
- [6] D. S. Oliver, A. C. Reynolds and N. Liu. *Inverse theory for petroleum reservoir characterization and history matching. 1st edition*. Cambridge University Press, 2008.