

Modelagem Matemática Aplicada à Dinâmica da Covid-19 no Estado do Amapá e Região Metropolitana

Eduardo C. Rosario¹, Analice C. Brandi²

UNESP-FCT, Presidente Prudente, SP

Simone Leal³

UNIFAP, Macapá, AP

Resumo. O benefício em estudar os modelos epidemiológicos e sua importância em analisar a maneira que uma doença pode se comportar em um meio, pode ser visto como a quantidade de pessoas suscetíveis de uma população a se infectarem com o vírus, ou o número de pessoas que podem vir a óbito durante uma epidemia. Diante disso, a disseminação do vírus SARS-COV-2 foi investigada no presente trabalho para a região metropolitana do Amapá. Os modelos epidemiológicos do tipos SIR e SIRS foram propostos acoplando-se as equações da difusão e advecção, com o objetivo de analisar a propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá. Estudar os modelos SIR e SIRS significa descrever os seus pontos de equilíbrio e suas estabilidades. Para isso, foi utilizado o método de diferenças finitas para discretização das equações dos modelos e simulações numéricas foram realizadas, com o intuito de visualizar a disseminação do vírus no Amapá. As simulações apresentaram um estudo preliminar considerando dados reais fornecidos pelas secretarias de vigilância sanitárias locais, que possibilitaram a obtenção de parâmetros e cenários mais realísticos.

Palavras-chave. Modelo Epidemiológico SIR, SIRS, Método de Diferenças Finitas, Disseminação, SARS-COV-2

1 Introdução

No decorrer do tempo, o mundo enfrentou diversas doenças de aspecto epidemiológico, tais como varíola, febre amarela, zika vírus, dengue, chikungunya, entre outras. No ano de 2019, mais especificamente no mês de novembro do mesmo ano, foi registrado um caso de infecção respiratória desconhecido, e logo depois, classificado de SARS-COV-2. O vírus pertence a uma família de vírus que teve surgimento no século XX causando síndromes respiratórias em seres humanos e animais.

A *Severe Acute Respiratory Syndrome* (SARS) causa sintomas leves e moderados, em alguns casos podendo se agravar para uma síndrome aguda grave. Segundo o Ministério da Saúde [7], a SARS-COV teve casos registrados no ano de 2002, ou seja, aproximadamente 18 anos antes de reaparecer e explodir no mundo, e apesar desse caso, o vírus chegou a contaminar 8000 mil pessoas levando 10% dessas pessoas infectadas a óbito e foi controlado no ano de 2003. Outro registro do vírus ocorreu no ano de 2012 em um país do Oriente Médio, e denominado de Middle East Respiratory Syndrome (MERS). Até o ano de 2014 foram registrados 681 casos do MERS, e de acordo com a Organização Mundial da Saúde (OMS), 29,95% foram a óbito [7].

Segundo Morawska (2006), durante o processo respiratório as gotículas produzidas durante atividades expiratórias como fala, bocejo, espirro, soluço, tosse, entre outros, são formadas ao

¹eduardo.rosario@ifap.edu.br

²analice.brandi@unesp.br

³sdelphim@gmail.com

percorrerem vias orais e nasais do ser humano, em um processo que gera partículas líquidas pela passagem de meios gasosos a uma determinada velocidade. As partículas líquidas geradas contém gotículas denominadas pesadas e leves. Tais gotículas expiratórias podem conter o vírus da SARS-COV-2, chamados de bio-contaminantes dispersos no ar e podendo ser transmitidos diretamente para outras pessoas via inalação ou por contato dessa pessoa com alguma superfície contaminada por uma gotícula pesada [8, 2].

A investigação dos modelos matemáticos epidemiológicos SIR e SIRS apresentada neste trabalho, tem como objetivo observar e compreender a contaminação de pessoas verificando sua dispersão populacional e a disseminação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá localizada na região norte do Brasil.

2 Modelos Epidemiológicos

Nesta seção apresenta-se dois modelos epidemiológicos visando compreender como ocorre a propagação do vírus SARS-COV-2. As equações destes modelos podem ser derivadas do famoso modelo epidemiológico de Kermack-McKendrick, denominado SIR (Suscetível- Infectados- Recuperados), que foi realizado por Kermack e McKendrick em 1927, muito utilizado em modelagem de transmissão de doenças infecciosas e o modelo pretende para uma doença, ajudar no estudo da dispersão das partículas contaminadas pela SARS-COV-2 [9].

O estudo de epidemias possui uma característica fundamental, sendo a determinação de um fator que explique a magnitude da doença e sua propagação na população. O modelo SIR propõe uma forma mais geral, o fato de que uma pessoa infectada com SARS-COV-2 foi introduzida em uma população de suscetíveis (S), isso gera uma rede onde a pessoa que está infectada transmite a doença para uma pessoa não infectada (suscetível), ocorrendo assim a disseminação do vírus SARS-COV-2 [9]. Nesse contexto, a população de suscetíveis tende a diminuir com o decorrer do tempo, no entanto, em uma grande população e no cenário de pandemia as populações tendem a permanecer constantes [3].

Este modelo supõe que a latência é muito próxima de zero, considerando os indivíduos suscetíveis, sendo o modelo SIR dado por

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N_h}, \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I, \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I. \quad (3)$$

O parâmetro γ seria clínico, equivalente ao inverso do tempo de infecção, isto é,

$$\gamma = \frac{1}{T_{inf}}. \quad (4)$$

O modelo SIRS é composto e derivado inicialmente do modelo SIR clássico, no entanto, o modelo SIRS é um modelo epidemiológico que divide os habitantes (N_h) em três populações, suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R), igualmente ao SIR [4]. A diferença entre os modelos SIR e SIRS está na parcela de contaminados que se recuperam da doença (ρR), e retornam para a população de suscetíveis novamente, ou seja, quem se recupera pode contrair o vírus novamente e propagar ainda mais a doença.

A partir dessa informação foi realizada adaptações no modelo SIR clássico para obter o modelo epidemiológico SIRS, sendo o novo sistema de equações dado por

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N_h} + \rho R, \quad (5)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I, \tag{6}$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \rho R. \tag{7}$$

A parcela de pessoas que se recuperam da infecção do vírus SARS-COV-2 ou Covid-19, identificado na equação como ρR é adicionado no sistema de equações devido a possibilidade de se infectarem novamente pela SARS, esse estudo de reinfeção vem sendo estudado depois do surgimento de casos de reinfeção em alguns países.

2.1 Simulações

Os modelos SIR e SIRS aplicados na região metropolitana do Estado do Amapá mostram os dados obtidos através das simulações numéricas, com o intuito de analisar o comportamento das curvas das populações de infectados, recuperados e suscetíveis, como mostra a Figura 1.

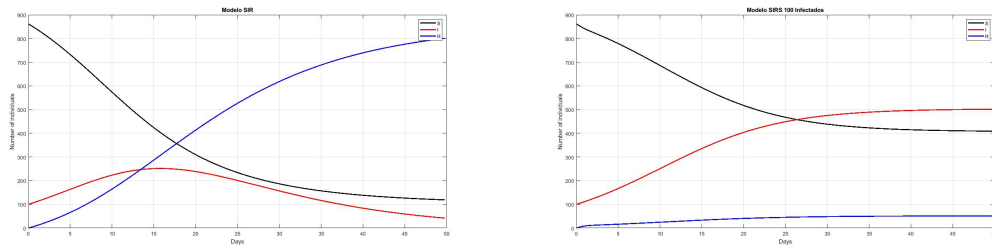


Figura 1: Modelos SIR e SIRS aplicados na população total da região metropolitana do Estado do Amapá.

3 Modelo Proposto

O modelo utiliza um sistema de equações diferenciais parciais não lineares que modelam a difusão e a advecção, com o objetivo de analisar como ocorre a disseminação do vírus SARS-COV-2 e como é transportado em um determinado espaço unidimensional [5]. Neste modelo as três populações variam em função do tempo, as equações que compõem o modelo são dadas por

$$\frac{\partial u}{\partial t} - \underbrace{\alpha \Delta u}_{\text{Difusivo}} + \underbrace{\nu \nabla u}_{\text{Advectivo}} = \underbrace{\psi f}_{\text{Fonte}}. \tag{8}$$

Sendo:

- u é uma função e variável dependente de (x, t) .
- α é a taxa de difusão.
- ν possível tendência de migração, neste caso, o vírus SARS-COV-2.
- ψ é a taxa do crescimento das populações.
- f é a fonte dada através do modelo logístico entre as populações.

O modelo contém as seguintes equações diferenciais parciais não lineares, com $x \in \Omega \subset \mathbb{R}$ domínio espacial unidimensional e com $t \in W = (0, t_f)$ para $S = S(x, t)$, $I = I(x, t)$ e $R = R(x, t)$. Sendo assim, é atribuído ao modelo condições de contorno de Neumann, então

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = 0 & \text{para } \partial\Omega, \\ \frac{\partial I}{\partial t} = 0 & \text{para } \partial\Omega, \\ \frac{\partial R}{\partial t} = 0 & \text{para } \partial\Omega. \end{cases}$$

O modelo proposto surge de um acoplamento do modelo epidemiológico SIR e SIRS, com as equações da difusão e advecção [5]. A inclusão da difusão no modelo SIR deve ser tratado com cuidado, uma vez que deve-se analisar os parâmetros adequados para uma futura análise numérica.

3.1 Modelo SIR

Os estudos de dispersão populacional com base no modelo epidemiológico SIR, com o intuito de avaliar a propagação do vírus SARS-COV-2 na região metropolitana do Estado do Amapá, é dado como um sistema de equações [8]. O modelo SIR de acordo com o modelo proposto considerando a fonte como sendo nula, é dado por

$$\left(-\frac{\beta SI}{N_h} \right) - \alpha_s \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial S}{\partial x} = \psi f_S, \tag{9}$$

$$\left(\frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I \right) - \alpha_I \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial I}{\partial x} = \psi f_I, \tag{10}$$

$$\left(\gamma I \right) - \alpha_R \frac{\partial^2 R}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial R}{\partial x} = \psi f_R, \tag{11}$$

onde as equações são estabelecidas na fronteira ω para as variáveis dependentes no modelo.

3.2 Modelo SIRS

O modelo SIRS que é utilizado com base na proposta de modelo para a região do Estado do Amapá com fonte nula, é dado por

$$\left(-\frac{\beta SI}{N_h} + \rho R \right) - \alpha_s \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial S}{\partial x} = \psi f_S, \tag{12}$$

$$\left(\frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I \right) - \alpha_I \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial I}{\partial x} = \psi f_I, \tag{13}$$

$$\left(\gamma I - \rho R \right) - \alpha_R \frac{\partial^2 R}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial R}{\partial x} = \psi f_R. \tag{14}$$

O objetivo principal dos modelos é a análise da propagação do vírus por meio de uma difusão em uma região do Estado do Amapá, considerando a dispersão das populações como fator principal dessa propagação [7, 8]. O estudo com dispersão acoplados aos modelos epidemiológicos permite um estudo e uma discussão sobre o assunto.

A dispersão das populações são consideradas um meio de propagação para doenças respiratórias, e um dos principais fatores de contaminação para pessoas suscetíveis que estão nos meios de prevenções adequados. As equações das seções 3.1 e 3.2 são importantes para observar o comportamento da dispersão da doença. Aqui será utilizado um método numérico para aproximação de sua solução e análise do comportamento de ambos os modelos SIR e SIRS [6].

4 Discretização

A discretização dos modelos permitirá obter resultados aproximados para as equações das seções 3.1 e 3.2, e um estudo numérico da propagação do vírus SARS-COV-2. O método de diferenças finitas é utilizado para aproximar as equações do problema.

4.1 Discretização do Modelo SIR

Aplicando o método de diferenças finitas nas equações do modelo SIR, com o objetivo de analisar o comportamento da propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá, sendo considerada inicialmente a fonte nula. Sendo assim, pode-se obter as equações discretizadas do modelo proposto SIR, que foram implementadas com o auxílio da ferramenta computacional MATLAB, para a realização de testes numéricos.

$$S_{i,j+1} = S_{i,j} \left(1 - \frac{\beta k I_{i,j}}{N_h} + 2\omega_S - \vartheta_S \right) - \left(\omega_S S_{i-1,j} \right) + S_{i+1,j} (-\omega_S + \vartheta_S), \quad (15)$$

$$I_{i,j+1} = I_{i,j} \left(1 + \frac{\beta k S_{i,j}}{N_h} + 2\omega_I - \vartheta_I - \gamma k \right) - \left(\omega_I I_{i-1,j} \right) + I_{i+1,j} \left(-\omega_I + \vartheta_I \right), \quad (16)$$

$$R_{i,j+1} = R_{i,j} \left(1 + 2\omega_R - \vartheta_R \right) + \left(\gamma k I_{i,j} \right) - \omega_R R_{i-1,j} + R_{i+1,j} \left(-\omega_R + \vartheta_R \right). \quad (17)$$

4.2 Discretização do Modelo SIRS

Aplicando o método de diferenças finitas nas equações do modelo SIRS, com o objetivo análogo ao modelo SIR de investigar a propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá, onde agora as pessoas podem se reinfectar. A maneira é análoga ao caso anterior, apenas com a diferença na parcela de recuperados que retorna para a população de suscetíveis, como segue,

$$S_{i,j+1} = S_{i,j} \left(1 - \frac{\beta k I_{i,j}}{N_h} + 2\omega_S - \vartheta_S \right) + \left(\rho k R_{i,j} - \omega_S S_{i-1,j} \right) + S_{i+1,j} \left(-\omega_S + \vartheta_S \right), \quad (18)$$

$$I_{i,j+1} = I_{i,j} \left(1 + \frac{\beta k S_{i,j}}{N_h} + 2\omega_I - \vartheta_I - \gamma k \right) - \left(\omega_I I_{i-1,j} \right) + I_{i+1,j} \left(-\omega_I + \vartheta_I \right), \quad (19)$$

$$R_{i,j+1} = R_{i,j} \left(1 + 2\omega_R - \rho k - \vartheta_R \right) + \left(\gamma k I_{i,j} - \omega_R R_{i-1,j} \right) + R_{i+1,j} \left(-\omega_R + \vartheta_R \right). \quad (20)$$

A implementação das equações é realizada com o auxílio da ferramenta computacional MATLAB. Espera-se que através do modelo proposto e seus resultados, a propagação da doença em uma determinada região seja avaliada. Podendo também ser utilizada para outras situações futuras em outras doenças que venham a surgir. Apesar de ser uma maneira um pouco menos sofisticada de ser observar o comportamento de uma propagação de determinada doença, pode ser utilizada para casos como H1N1, gripe aviária, entre outras doenças SARS.

5 Simulações Numéricas

A região metropolitana do Estado Amapá, segundo o censo do IBGE contém um número de 669.633 pessoas vivendo nos municípios que a compõem, isso é mais de 80% do total da população do Estado todo. Estes municípios foram escolhidos, pois além de estarem contidos na região

metropolitana os habitantes dos mesmos transitam entre eles diariamente, e analisando ambos juntos podem nos auxiliar em uma colocação para todo o Estado do Amapá.

Na Figura 2 considerou-se as populações dos três municípios para as pessoas suscetíveis, o total de pessoas infectadas foi de 364 pessoas, e estima-se ainda que esse número fosse maior nesse período. A taxa de crescimento considerada da doença foi $\beta = 0.216$, a taxa de recuperados $\gamma = 0.102$, $R_0 = 2.11$, e mantendo todos os demais parâmetros incluindo a distribuição de parâmetros normais $k = 50$, e os termos difusivos e advectivos foram de $\alpha = 0.5$, e $\vartheta = 0.5$, podendo assim, visualizar e analisar os municípios como um todo.

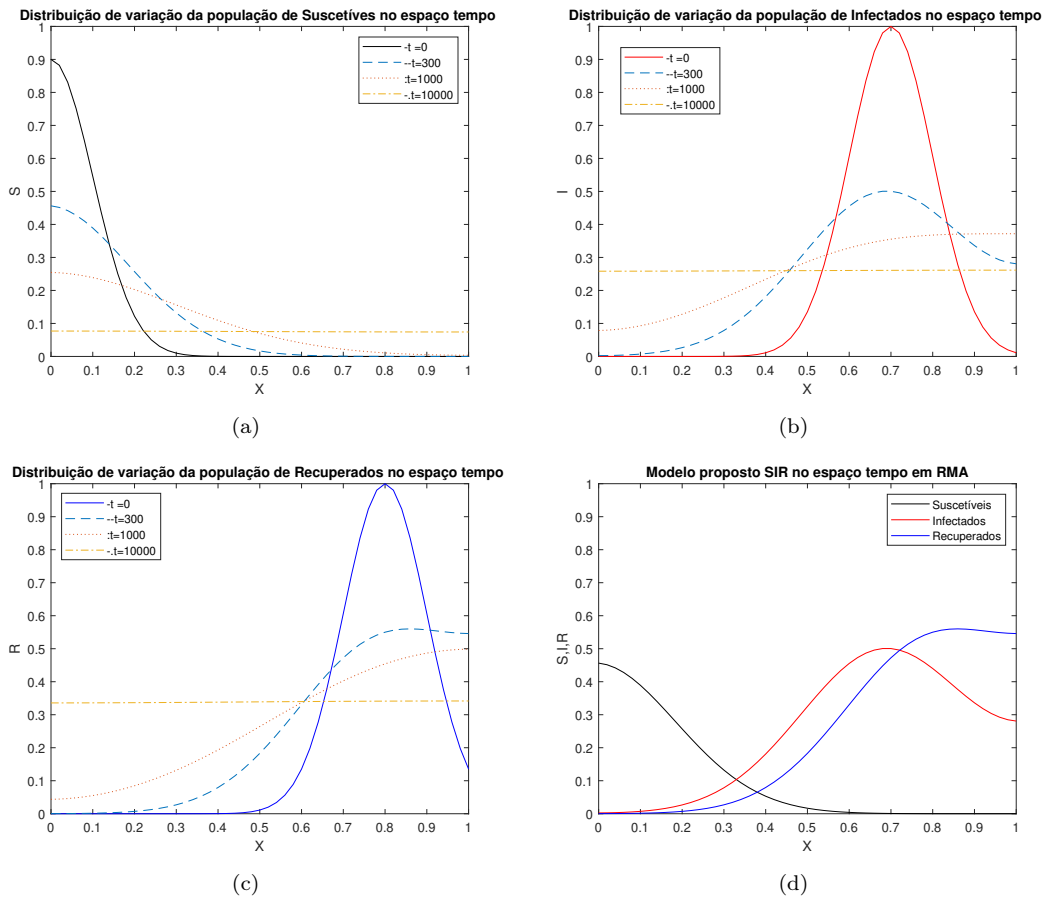


Figura 2: Modelo proposto SIR aplicado na população da região metropolitana do Estado do Amapá.

Ainda observando a Figura 2 nota-se que:

- Em (a) e (b) tem-se as curvas de suscetíveis e infectados do modelo SIR proposto, onde pode-se observar as demais curvas representando dispersão e transporte em ambas as populações.
- No gráfico (c) nota-se a curva da população de recuperados e as demais curvas representam a dispersão e transporte dessa população.
- No gráfico (d) obtém-se as curvas das populações de suscetíveis, infectados e recuperados,

é importante ressaltar que a população de suscetíveis tende a zero, análogo ao resultado do modelo SIR inicial, devido a infecção da população.

6 Considerações Finais

Os modelos epidemiológicos propostos SIR e SIRS foram apresentados com o objetivo de investigar a propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá e discutir os resultados simulados numericamente. A utilização do modelo proposto com o auxílio do método de discretização de diferenças finitas, possibilitou investigar a contaminação do vírus em uma determinada região por meio das equações de difusão e advecção acopladas aos modelo epidemiológicos.

Referências

- [1] A. G. Troyo. "Modelo SIR em rede e parâmetro de infecção que depende periodicamente do tempo". Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Rio de Janeiro. 2013.
- [2] C.Y.H. Chao. and Wan, M.P. "A study of the dispersion of expiratory aerosols in unidirectional downward and ceiling-return type airflows using a multiphase approach". **Journal compilation a Blackwell Munksgaard**. Department of Mechanical Engineering, The Hong Kong University of Science and Technology.2006.pp:296–312
- [3] S. Leal e N. Dias e E. Silva. "Nota técnica para propagação da Sars-Cov-2no Amapá por modelagem Matemática - SIR". UNIFAP.2020
- [4] M. M. F. Marta . "Endemias com Espalhamento Geográfico: Modelagem Matemática e Simulações Computacionais, um Estudo Sobre Malária na Província de Sofala, Moçambique". Tese de Doutorado. Universidade Estadual de Campinas 2017.
- [5] M. M. F. Marta. "Modelos epidemiológicos alternativos da malária". Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual de Campinas. São Paulo. 2011.
- [6] M. J.Messias e A. C. José. **Discretização de equações diferenciais parciais: Técnicas de Diferenças Finitas, 1a. edição**. SBM, Rio de Janeiro, 2013.ISBN:97885833700505
- [7] Ministério da Saúde. **Informe técnico - MERS-COV (novo coronavírus)**. SBM. 2014.
- [8] L. Morawska. "Droplet fate in indoor environments, or can we prevent the spread of infection?". School of Physical and Chemical Sciences, and International Laboratory for Air Quality and Health, Queensland University of Technology, Brisbane, Qld, Australia. 2006.
- [9] M.H. Oliveira. "Análise do modelo SIR: Comportamento da curva de infectados em relação à inclusão de novas semanas epidemiológicas". Monografia. Universidade de São Paulo. 2018.