

Modelo SIR: do Contínuo ao Discreto

Matheus Elis da Silva¹

INPE, São José dos Campos, SP

Vander Luis de Souza Freitas²

UFOP, Ouro Preto, MG

Matheus de Moraes Gonçalves Correia³

INPE, São José dos Campos, SP

UFOP, Ouro Preto, MG

Leonardo Bacelar Lima Santos⁴

INPE, São José dos Campos, SP

Na data de 17-11-2019, foi registrado o primeiro caso de COVID-19 no mundo na cidade de Wuhan [5]. Desde então, a doença causada pelo vírus SARS-CoV-2 tomou proporções de contaminação globais chegando a um número de mais de 439 milhões de casos e mais de 5,96 milhões de mortes registradas [2].

Ao longo da história diversos modelos matemáticos foram formulados para estudar e compreender a transmissão de doenças infecciosas. Esses modelos usam diversas ferramentas para modelar e representar a população, os meios de transmissão e a complexidade das doenças. Um dos modelos mais famosos e conhecidos é o modelo baseado em Equações Diferenciais formulado por Kermack e McKendrick em 1927 [4], no qual é possível dividir a população em compartimentos de acordo com sua classificação e temos uma equação para modelar a dinâmica de cada compartimento [3]. Uma outra técnica muito conhecida para trabalhar com modelos epidemiológicos é o Modelo Baseado em Indivíduos. Esta técnica é muito útil, pois podemos representar cada indivíduo da população com suas características e individualidades [6].

Com isso muitas outras abordagens foram criadas e adaptadas para tratar situações cada vez mais complexas. Dessa forma chegamos às seguintes perguntas: Qual o melhor modelo para cada situação? Com diferentes modelos conseguimos atingir o mesmo resultado? Essas duas perguntas movem o mundo da modelagem matemática, pois nem sempre os melhores e mais complexos modelos são os ideais para determinada situação, e dependendo do nível de refinamento que queremos no resultado, podemos obter conclusões consistentes de maneira simples com modelos menos refinados. Entretanto, para chegarmos nessas conclusões temos que avaliar cada caso e temos que ter em mente o que queremos atingir com nosso modelo.

Deste modo foi feita uma análise comparativa de dois modelos, sendo o primeiro modelo, um modelo baseado em equações diferenciais, dado pelas Equações (1),(2) e (3),

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\tau_c \times \frac{c}{N} \times \frac{I(t)}{N} S(t), \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \tau_c \times \frac{c}{N} \times \frac{I(t)}{N} S(t) - \gamma I(t), \quad (2)$$

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

¹matheuselis@id.uff.br

²vander.freitas@ufop.edu.br

³matheusmgc@id.uff.br

⁴santoslbl@gmail.com

em que τ_c é a taxa de infecção da doença abordada, c é o número de contatos por unidade de tempo, N é o número de indivíduos da rede, γ é a taxa de recuperação, $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ são respectivamente o número de susceptíveis, infecciosos e recuperados na rede no tempo t . O segundo modelo analisado é baseado em indivíduos, de forma que a rede de contato é uma rede aleatória de Erdős-Rényi [1] e a probabilidade de um indivíduo susceptível se tornar infeccioso é dada pela Equação (4), em que τ_D é a taxa de infecção, k_{I_i} é o número de vizinhos infecciosos do nó i e k_i o número de vizinhos total do nó i

$$p = \tau_D \times \frac{k_{I_i}}{k_i}. \quad (4)$$

Simulações dos modelos mostram que podemos obter curvas semelhantes, como mostrado na Figura 1, para modelos de abordagem diferentes, a partir da aproximação: $\tau_D \approx \tau_c \times \frac{c}{N}$. De modo que mostra que podemos obter soluções semelhantes para modelos e abordagens diferentes.

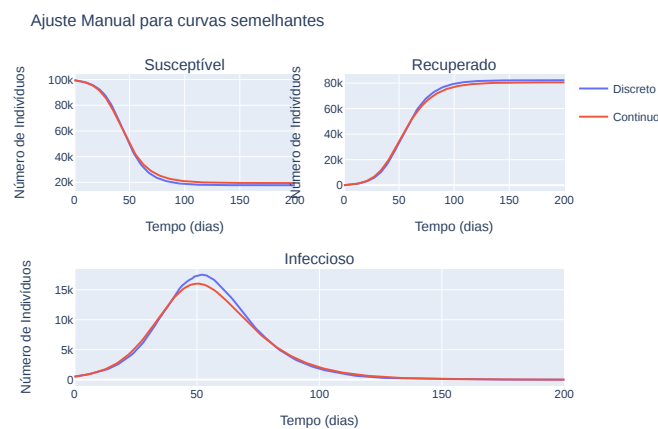


Figura 1: Comparação entre os resultados dos modelos contínuo e discreto.

Referências

- [1] A. L. Barabási e M. Pósfai. **Network Science**. Cambridge University Press, jan. de 2016. ISBN: 9781107076266.
- [2] W. Cota. “Monitoring the number of COVID-19 cases and deaths in Brazil at municipal and federative units level”. Em: **SciELOPreprints:362** (mai. de 2020). DOI: 10.1590/scielopreprints.362. URL: <https://doi.org/10.1590/scielopreprints.362>.
- [3] D. J. D. Earn et al. **Mathematical Epidemiology**. 1a. ed. Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2008.
- [4] W. O. Kermack e A. G. McKendrick. **A contribution to the mathematical theory of epidemics**. 772. 1927, pp. 700–721. DOI: <http://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>.
- [5] World Health Organization. Office of Library e Health Literature Services. **Coronavirus disease (covid-19)**. URL: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019> (acesso em 31/03/2022).
- [6] E. Massad et al. **Métodos quantitativos em medicina**. 1ª ed. Editora Manole Ltda, mai. de 2004.