

Modelo SIR baseado em grafos

Fausto A. F. De Moraes¹ Mary E. S. Alencastro²

Bacharelado em Ciência da Computação, UTFPR, Santa Helena, PR

Evandro Alves Nakajima³

COCIC/UTFPR, Santa Helena, PR

Quando uma nova infecção surge, sua dinâmica de transmissão e evolução epidemiológica são desconhecidas e, sendo assim, modelos matemáticos têm grande importância na estimação de cenários possíveis da disseminação da enfermidade e os efeitos das medidas preventivas adotadas, auxiliando na tomada de decisões das políticas públicas de saúde.

O modelo SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*) é o modelo mais famoso e paradigmático da epidemiologia matemática [1], sendo a população dividida em compartimentos de indivíduos suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R). O sistema de equações diferenciais que descreve o modelo é dado pela equação (1):

$$\frac{dS}{dt}(t) = -\bar{\beta}\frac{S(t)I(t)}{N}, \quad \frac{dI}{dt}(t) = \bar{\beta}\frac{S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t), \quad \frac{dR}{dt}(t) = \gamma I(t) \quad (1)$$

onde N é o número total de indivíduos, $\bar{\beta}$ é a taxa de transmissão da doença e γ a taxa de recuperação. No modelo baseado em grafos a taxa de transmissão da doença pode ser descrita como $\bar{\beta} = \beta K$, em que K é a conectividade média dos vértices do grafo [2].

Metodologia e Resultados

O programa foi desenvolvido na linguagem C++, utilizando-se o modelo de Erdős-Rényi $G(N, p)$ para gerar um grafo aleatório. Cada indivíduo (nó) é representado por uma entidade *node* que possui características *id* (enumerando cada indivíduo), *visited* (indica se o nó foi visitado durante uma iteração), *neighbors* (coleção de indivíduos que possuem arestas/contato com o indivíduo em questão) e *status* (suscetível, infectado ou recuperado). Para gerar as arestas, o programa percorre cada vértice testando a criação de uma conexão com cada vértice posterior, com uma probabilidade $p = \frac{1}{K}$, em que K foi escolhido como 5, 50 e 100 para que a proporção de nós conectados, dada pela raiz da equação (2) [3], seja próxima a 1.

$$z = 1 - e^{-Npz} \quad (2)$$

O processo de infecção inicia-se pelo primeiro indivíduo infectado. Para esse indivíduo é aplicada a função *Infect* que analisa cada um de seus vizinhos, sendo que: se o vizinho for suscetível, é contabilizado o número de vizinhos infectados (k) deste último e seu status poderá ser alterado para Infectado com probabilidade P , descrita pela equação (3). Caso o indivíduo analisado esteja infectado, procede-se de maneira recursiva, aplicando a função *Infect* a esse novo indivíduo.

$$p = 1 - (1 - \beta)^k. \quad (3)$$

¹faustomoraes@alunos.utfpr.edu.br

²maryalencastro@alunos.utfpr.edu.br

³enakajima@utfpr.edu.br

A cada indivíduo infectado o algoritmo aplica a função *Recover* que altera o *status* do indivíduo para Recuperado à uma taxa $\gamma = 0,07$ (correspondente ao período médio de aproximadamente 14 dias de infecção). O número de indivíduos foi fixado em 1000. O valor de β foi escolhido como $\frac{0,5}{K}$. Para cada valor de K foram gerados 100 grafos e as simulações foram realizadas para 120 dias.

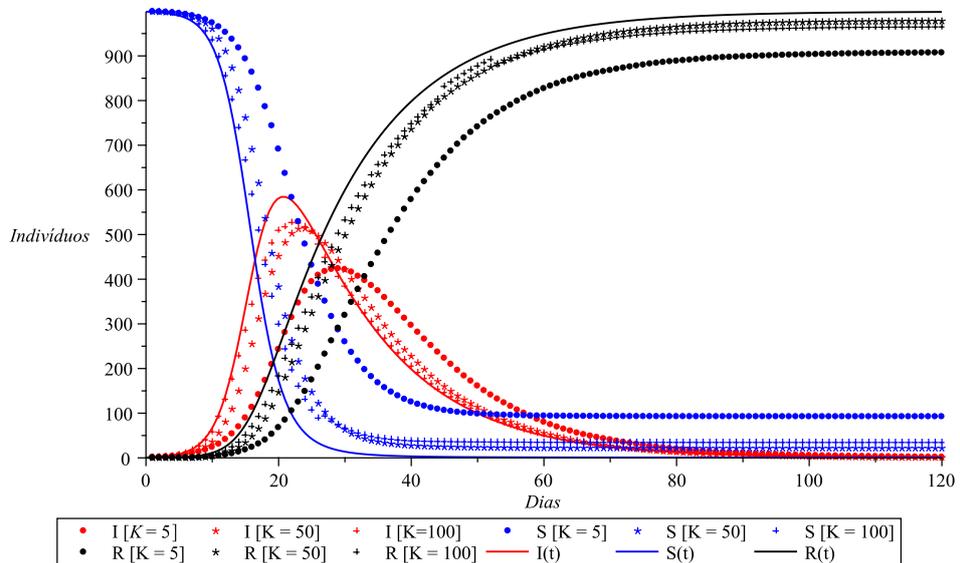


Figura 1: Gráficos de S , I e R para $K = 5, 50, 100$ e o modelo SIR.

A Figura 1 apresenta uma comparação entre o modelo SIR determinado pelo sistema apresentado na equação (1) e as médias dos 100 resultados obtidos pelo algoritmo implementado neste trabalho para cada K . É possível observar um comportamento semelhante entre o modelo diferencial e o modelo baseado em grafos para $K = 100$. A média dos erros relativos ao modelo de equações diferenciais, para a função I , foi de 52,68, 19,61 e 7,46 para $K = 5, 50$ e 100 respectivamente.

O algoritmo também foi executado para $K = 150$, gerando um erro relativo igual à 24,82, sendo superior ao erro para $K = 100$. Esse comportamento é esperado uma vez que a taxa de infecção individual diminui enquanto a taxa de recuperação é constante, fazendo com que diversos testes sejam interrompidos pois o primeiro infectado se recupera antes de infectar outros vértices. Como trabalho futuro pretende-se estudar o comportamento do algoritmo ao gerar novas arestas (excluindo-se as antigas) a cada iteração, gerando assim um modelo dinâmico do ponto de vista do contato entre os indivíduos.

Referências

- [1] A. Huppert e G. Katriel. “Mathematical modelling and prediction in infectious disease epidemiology”. Em: **Clinical Microbiology and Infection** 11 (2013), pp. 999–1005. DOI: <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12308>.
- [2] A. Barrat, M. Barthélemy e A. Vespignani. **Dynamical Processes on Complex Networks**. New York: Cambridge University Press, 2008. ISBN: 9780511455582.
- [3] A. L. Lloyd e S. Valeika. “Network models in epidemiology”. Em: **Complex Population Dynamics**. Ed. por B. Blasius, J. Kurths e L. Stone. Vol. 7. World Scientific Publishing, 2007. Cap. 8, pp. 189–214. DOI: https://doi.org/10.1142/9789812771582_0008.