

Modelos Estocásticos de Propagação de Doenças: ganhos e perdas na compreensão da dinâmica.

Vitor C. Ramalho¹ Walter C. da S. Pires²

DM/UFJF, Juiz de Fora, MG

A história da humanidade tem sido marcada por diversas epidemias e pandemias. Com o surgimento de micro-organismos patogênicos, como bactérias, vírus e suas mutações, a população global teve que se adaptar e se organizar a fim de mitigar os impactos sociais, econômicos, de saúde e políticos causados por esses agentes infecciosos [3].

Uma forma de auxiliar na prevenção e no controle dessas doenças é por meio da modelagem matemática. Segundo BASSANEZI (2004), em [1], a modelagem matemática é um processo dinâmico utilizado para obtenção e validação de modelos matemáticos. É uma forma de obtenção e generalização com a finalidade de previsão de tendências. A modelagem, segundo o autor, consiste, essencialmente, na arte de transformar situações da realidade em problemas matemáticos cujas soluções devem ser interpretadas na linguagem usual. SEGEL e ELDESTEINKESHET (2013), em [6], afirmam que um modelo epidemiológico pode ser considerado como uma caricatura de um sistema do mundo real, ou seja, uma representação simplificada da realidade.

A modelagem matemática pode ser aplicada a qualquer sistema, seja biológico ou não. Dentre os diversos modelos matemáticos que buscam descrever fenômenos físicos, um grupo de grande destaque são os modelos epidemiológicos; os quais visam descrever a dinâmica da propagação de doenças. Por meio desses modelos, torna-se possível obter informações importantes sobre a dinâmica de uma patologia infecciosa como, por exemplo, a eficácia de estratégias de controle propostas graças a políticas públicas governamentais.

Em 1927, os escoceses Kermack e McKendrick, em [2], propuseram o modelo matemático Suscetível-Infetado-Removido, ou simplesmente SIR, no qual buscaram descrever a dinâmica de transmissão direta de uma doença em termos de um sistema de equações diferenciais ordinárias (EDO's). Este modelo tornou-se fundamental e serviu de base para inúmeros outros modelos epidemiológicos compartimentais.

No entanto, para formular o modelo, algumas suposições foram levadas em consideração como, por exemplo, a homogeneidade da distribuição da população de indivíduos suscetíveis, infectados e removidos. Quando se realiza esse tipo de suposição, as mudanças de comportamento dos indivíduos, por exemplo, não são captadas durante a simulação do modelo. Logo, este tipo de suposição limita o modelo, no sentido de descrever parcialmente o fenômeno. Buscando solucionar o problema, alguns modelos agregam essas alterações nos parâmetros fazendo com que eles mudem ao longo do tempo; no entanto, é sabido que determinar parâmetros é um desafio.

Uma outra forma pela qual se pode incorporar as mudanças de cenário e comportamento dos indivíduos é considerar variáveis aleatórias, isto é, descrever o modelo epidemiológico por meio das equações diferenciais estocásticas (EDE's). Dessa maneira, o modelo pode tornar-se mais realista, uma vez que ele capta mudanças durante a dinâmica da doença.

Logo, para compreender a dinâmica de propagação de doenças por meio de modelos estocásticos estudamos o modelo proposto em [4] no qual considera a população fechada, homogeneamente misturada, normalizada e válida a lei de ação das massas. A população foi subdivida em três compartimentos, são eles: suscetíveis (s), infectados (i), e recuperados (r), ou seja,

$$s + i + r = 1.$$

¹vitocr5@hotmail.com

²waltercesar0@gmail.com

Daí, o modelo estocástico desacoplado é dado por

$$\begin{cases} ds = (\mu - \beta si - \mu s) dt + B_{11}dW_1, & s(0) = s_0 \geq 0 \\ di = (\beta si - \gamma i - \mu i) dt + B_{22}dW_2, & i(0) = i_0 \geq 0, \end{cases} \quad (1)$$

onde W_1 e W_2 são processos estocásticos que agregam características do processo de Wiener, também conhecido como movimento browniano, e o vetor B é a raiz quadrada da matriz de covariância dada por

$$COV = \sum p_i \lambda_i \lambda_i^T = \begin{bmatrix} \mu - \mu s - \beta i & -\beta si \\ -\beta si & \beta is - \gamma i - \mu i \end{bmatrix} \quad (2)$$

em que λ_i é a mudança de estado e p_i fornece a probabilidade de mudança ou permanência no compartimento de suscetíveis e infectados. Todos os parâmetros do modelos são positivos e são determinados empiricamente. O parâmetro β representa a taxa de transmissibilidade da doença, o parâmetro μ representa a taxa de natalidade e mortalidade da população e γ é a taxa de recuperação dos indivíduos infectados.

Assim, o objetivo deste trabalho é estudar numericamente e qualitativamente o modelo epidemiológico compartimental SIR clássico e o modelo SIR estocástico. Para realizar as simulações numéricas da EDE utilizamos o método de Monte-Carlo, no qual se baseia em amostragens aleatórias massivas tanto no número de suscetíveis quanto de infectados [5]. Por sua vez, as simulações da EDO com parâmetros constantes utilizamos o método Runge-Kutta clássico de quarta ordem. Utilizamos os mesmos parâmetros tanto para o modelo clássico quanto para o modelo estocástico.

Concluimos que o modelo estocástico proposto comporta-se qualitativamente semelhante ao modelo clássico SIR. Ademais, percebemos que ao compararmos as médias da população de suscetíveis e infectados obtidas pelo modelo estocástico com o resultado obtido no caso clássico, ou seja, analisando a dinâmica assintótica dos modelos estocásticos, ele possui o mesmo comportamento do modelo clássico.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio parcial da CAPES, da Pró-Reitoria de Graduação da UFJF e a Rede Mineira de Matemática (RED-00133-21).

Referências

- [1] R.C. Bassanezi. **Ensino-aprendizagem com modelagem matemática**. São Paulo: Contexto, 2004.
- [2] W.O. Kermack e A.G. McKendrick. “A contribution to the mathematical theory of epidemics”. Em: **Proceedings of the Royal Society A** 115 (1927), pp. 700–721. URL: <https://royalsocietypublishing.org/doi/epdf/10.1098/rspa.1927.0118>.
- [3] N. Lepad. **Visualizing the History of Pandemics**. <https://www.visualcapitalist.com/history-of-pandemics-deadliest/>. Acesso em 17 de mar. de 2023.
- [4] A. V. Macedo, E. Morais e G. E. Nepomuceno. “Modelos Compartimentais Investigados por Processos Estocásticos”. Em: **Proceeding Series of the Brazilian Society of Applied and Computational Mathematics** 1.1 (2013).
- [5] B. Manly. **Randomization, bootstrap and Monte Carlo methods in biology**. New York: chapman e hall/CRC, 2018.
- [6] L. Segel e L. Edelstein-Keshet. **A Primer on Mathematical Models in Biology**. Philadelphia: SIAM, 2013.