

Colégio Martha Falcão

Lucca Carramanho, Caio Sadocci, Samyr Uchoa, Adriano Robert, Levi
Campelo

Modelo SIR

Manaus-AM

2020

Lucca Carramanho, Caio Sadocci, Samyr Uchoa, Adriano Robert, Levi Campelo

Modelo SIR

Este relatório tem como objetivo,
A apresentação escrita para a feira
De ciências colégio Martha Falcão.

Manaus-AM

2020

Sumário

1	Introdução-----	04
2	Desenvolvimento-----	05
3	Conclusão-----	08
4	Bibliografia -----	09

Introdução

Um modelo de epidemia é uma forma simplificada de descrever a transmissão de do O surto e propagação da doença têm sido questionados e estudados durante muitos anos. A capacidade de fazer previsões sobre doenças poderia permitir aos cientistas avaliar os planos de vacinação ou isolamento e poderem ter um efeito significativo sobre a taxa de mortalidade de uma epidemia particular. A modelagem de doenças infecciosas é uma ferramenta que tem sido utilizada para estudar os mecanismos pelos quais as doenças se espalham, para prever o curso futuro de um surto e avaliar estratégias para controlar uma epidemia (Daley e Gani, 2005).

O primeiro cientista que tentou sistematicamente para quantificar as causas de morte foi John Graunt, no seu livro *Natural and Political Observations made upon the Bills of Mortality*, em 1662. Os projetos de lei que ele estudou estavam listados em números e causas de mortes publicadas semanalmente. A análise das causas de morte de Graunt é considerado o início da "teoria de riscos competitivos", que de acordo com Daley e Gani é " uma teoria que está agora bem estabelecida entre epidemiologistas modernos" .

O primeiro relato de modelagem matemática de propagação da doença foi realizado em 1766 por Daniel Bernoulli. Treinado como médico, Bernoulli criou um modelo matemático para defender a prática de inoculação contra a varíola (Hethcote, 2000). Os cálculos deste modelo mostraram que a inoculação universal contra a varíola poderia aumentar a expectativa de vida de 26 anos e 7 meses para 29 anos e 9 meses (de Bernoulli & Blower, 2004).

O trabalho de Daniel Bernoulli, é claro, precedido à compreensão moderna da teoria dos germes, e não foi até à pesquisa de Ronald Ross na propagação da malária, que a epidemiologia teórica moderna começou. Isso foi logo seguido pelo aclamado trabalho de AG McKendrick e WO Kermack, cujo papel "Uma Contribuição para a Teoria Matemática da Epidemias" foi publicado em 1927. Um modelo simples determinista (compartimental) foi formulado neste trabalho. O modelo foi bem sucedido em predizer o comportamento dos surtos muito semelhante ao observado em muitas epidemias gravadas (Brauer & Castillo - Chavez, 2001).

Desenvolvimento

Modelo epidemiológico SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado) (McKendrick e Kermack, 1927, 1932, 1933, republicados em 1991). Este modelo simples, porém, considerado robusto para modelar epidemias como o COVID-19, é bem conhecido na literatura e mostra a evolução de uma população suscetível S, infectada I e recuperada R. O modelo SIR tem sido amplamente utilizado para modelar o COVID-19. O conjunto de equações mais simples do modelo SIR é dada por:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta IS}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

onde β e γ são positivos, sendo β a taxa de infecção e γ a taxa de recuperação dos indivíduos, e $N = S + I + R$ é o total da população. O código computacional foi desenvolvido em linguagem SCILAB.

Suscetíveis: indivíduos ainda não expostos e que podem adquirir a infecção.

Infetados: indivíduos infectados, doentes ou não, que podem transmitir para outras pessoas.

Recuperados/Removidos: indivíduos que se infectaram e se recuperaram, adquirindo imunidade; ou os que morreram em decorrência da doença.

Um modelo matemático se apoia em premissas e hipóteses sobre o fenômeno estudado, no qual são inseridas informações de parâmetros. Inicialmente os parâmetros são estimados com base no conhecimento acumulado em epidemias anteriores ou, da própria epidemia e do seu desenvolvimento em outros locais. No decorrer da epidemia os parâmetros vão sendo melhor definidos e os modelos tornam-se mais robustos, uma vez que o conhecimento e a característica da epidemia ficam mais claros.

No modelo SIR temos dois parâmetros importantes: a taxa de transmissão β (para quantas pessoas, em média, um indivíduo infectado pode transmitir a doença) e a taxa de recuperação γ . Neste modelo, considera-se que indivíduos já infectados não podem ser infectados novamente.

Medidas de distanciamento social e de conscientização da população acerca dos sintomas do Covid-19 aumentam as chances de que as pessoas permaneçam em suas casas, reduzindo a exposição, independente de terem sintomas. Também aumentam as chances de que pessoas com sintomas respiratórios evitem transitar nas ruas, mantendo-se em auto quarentena,

evitando a transmissão para outras pessoas. Uma observação importante é que as medidas de isolamento ou restrições não são observadas imediatamente no número de casos, pois existe uma defasagem entre o momento da infecção e o aparecimento de sintomas (período de incubação). O tempo de incubação do COVID-19 é de 5 a 14 dias (tendo referências que citam 5 a 18 e 5 a 21 dias).

Na literatura encontram-se três cenários, considerando um período distinto em que indivíduos infectados se mantêm em circulação, podendo transmitir o vírus para pessoas suscetíveis, em função das medidas de distanciamento social: 5, 14 e 21 dias. Resultados apontam que as medidas de distanciamento social têm como consequência não apenas a diminuição do número total de casos, mas, principalmente, do número de casos ativos. Isto diminui a pressão sobre os serviços de saúde e é conhecido como fenômeno de “achatamento da curva”.

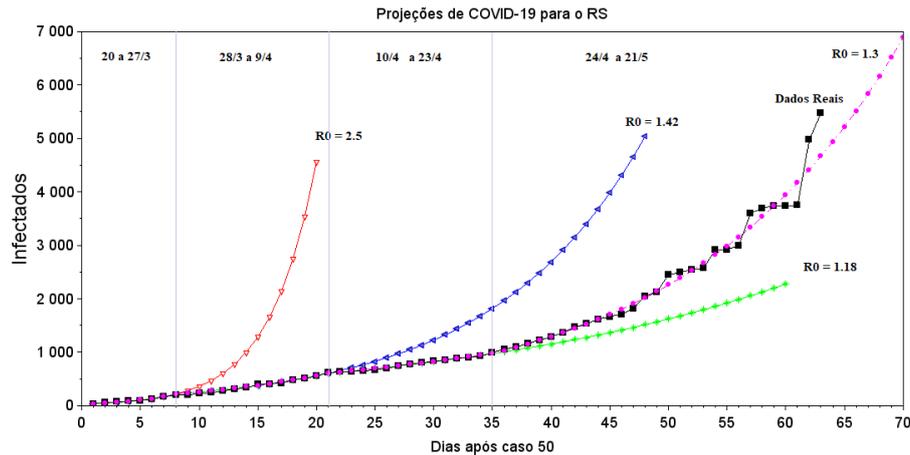
Nas simulações da expansão da Epidemia no Brasil, considerou-se um período de infecção de 5.2 dias (taxa de recuperação $\gamma = 1/5.2$), uma vez que restrições quanto à circulação, como fechamento de universidades e escolas iniciaram a ser tomadas em torno do dia 16 de março em diversos Estados.

A reprodutibilidade basal é medida pelo parâmetro R_0 (taxa de reprodução) e significa o número médio de pessoas que são infectadas por um único indivíduo, $R_0 = \beta/\gamma$. Segundo publicação recente do Imperial College e de outras fontes da literatura, este valor varia entre 2 e 4 (2.6 a 3.5), no caso do COVID-19. Este valor se modifica ao longo do desenvolvimento da epidemia. Se $R_0 < 1$, então o número de infectados será decrescente e a epidemia se erradicará. No caso em que $R_0 > 1$ a epidemia persistirá na população. Conhecendo R_0 e γ podemos encontrar a taxa de infecção β .

Para o Brasil considerou-se $R_1 = 3.2$ até 8 dias depois do caso 50, $R_2 = 2.08$ de 9 a 18 dias, $R_3 = 1.72$ de 19 a 30 dias e $R_4 = 1.4$ para o restante dos dias.

Para o RS considerou-se $R_1 = 2.5$ até 8 dias depois do caso 50, $R_2 = 1.42$ de 9 a 21 dias, $R_3 = 1.18$ de 22 a 35 dias e $R_4 = 1.30$ para o restante dos dias (no gráfico temos um exemplo de como seria o crescimento da curva, se fosse mantido o R_0 de cada período)

Para Porto Alegre considerou-se $R_1 = 1.67$ até 9 dias depois do caso 50, $R_2 = 1.17$ de 10 a 23 dias, $R_3 = 1.08$ para o restante dos dias.



Os dados confirmados da epidemia são disponibilizados online. Neste trabalho são utilizados os dados disponibilizados pela Universidade John Hopkins (EUA), pela Organização Mundial de Saúde (OMS), secretarias estaduais, a Wikipedia e Ministério da Saúde do Brasil. Os dados confirmados da epidemia são comparados com o modelo matemático SIR.

Em uma entrevista para a rede americana CNN no dia 29 de março, o infectologista Anthony Fauci, um dos mais respeitados do mundo, declarou que a pandemia é um “alvo em movimento”. Assim, pequenas mudanças nos números divulgados pelas autoridades, ou nos parâmetros utilizados no modelo epidemiológico, irão causar grandes variações no número de infectados no futuro. Lembrando que a tendência estimada da curva pode ser alterada conforme as ações implementadas pelo governo.

Inicialmente é preciso deixar claro que quando falamos de COVID-19 estamos nos referindo à doença causada pelo vírus SARS-CoV-2, um tipo de coronavírus que infectava, originalmente, animais silvestres e passou a infectar humanos.

Como mencionado anteriormente, a ecologia é uma ciência que possui muitas conexões com a presente pandemia, desde sua origem, relacionada ao desequilíbrio das relações da espécie humana com a natureza, até as projeções do futuro pós pandemia. Aqui vamos tratar especificamente de uma analogia entre a transmissão do vírus e sua disseminação pelo planeta, e a teoria de dinâmica de populações.

Em ecologia, tratamos de dois tipos de crescimento populacional, o crescimento exponencial e o logístico. O crescimento exponencial ocorre quando uma população se encontra em condições ótimas de crescimento, com recursos ilimitados, o que resulta em uma taxa reprodutiva per capita máxima e uma mortalidade mínima. Nessa situação, a taxa de crescimento intrínseco (r) é máxima. O modelo de crescimento exponencial está ilustrado na Figura 1, em que dN/dt representa a mudança no tamanho da população por unidade de tempo (t); r representa a taxa de crescimento intrínseco; e N é o tamanho da população.

Conclusão

Apresentamos resultados numéricos onde comprovamos os resultados teóricos de estabilidade e comparamos as soluções usando ordem inteira e fracionária. Assim, vimos que ao variar a ordem do sistema, obtemos um amortecimento da convergência quando o sistema converge para o ponto de equilíbrio endêmico E_1 . Concluimos que o modelo de ordem fracionária apresenta propriedade de memória, a qual está presente em qualquer fenômeno infeccioso. Foi possível também demonstrarmos, através de simulações numéricas, que existe uma proporção mínima de vacinação capaz de erradicar uma doença contagiosa, governando assim o sistema SIR para o ponto de equilíbrio livre de doença.

Bibliografia

https://pt.wikipedia.org/wiki/Modelo_epid%C3%AAmico

<https://avr.ifsp.edu.br/files/A%20Teoria%20da%20Dinamica%20de%20Populacoes%20e%20a%20Pandemia.pdf>

<https://wp.ufpel.edu.br/fentransporte/2020/04/09/a-evolucao-epidemica-do-covid-19-modelo-sir/>