

Modelos matemáticos epidemiológicos da tuberculose em Codó-MA

Raimundo S. Marcolino¹,

IMECC – UNICAMP, 13.083-859, Campinas/SP.

Graciele P. Silveira,²

DFQM – UFSCar, 18.052-780, Sorocaba/SP.

Resumo. Este trabalho tem como propósito apresentar um estudo de alguns modelos matemáticos epidemiológicos da tuberculose, utilizando dados da cidade de Codó-MA. A modelagem matemática epidemiológica constitui em uma ferramenta importante para análises do comportamento de doenças, como formas de propagação e podem auxiliar na discussão de meios eficazes para a prevenção e erradicação dessas doenças. A modelagem realizada foi feita por meio de sistemas de equações diferenciais não lineares, que descrevem a interação entre a população e a doença. Os objetivos foram estudar modelos epidemiológicos, que poderiam ser aplicado a essa doença, analisar a dinâmica da tuberculose nos modelos propostos e inserir dados do município, referente ao período entre 2001 e 2014, para estimar valores para os parâmetros dos sistemas. Assim, determinamos o número de reprodução basal $R_0 < 1$ que significa que o número de infectados está decrescendo. Portanto, a tuberculose está sendo erradicada, embora essa tendência pareça ainda ser lenta.

Palavras-chave: Modelos matemáticos; epidemiologia; tuberculose.

1. Introdução

A tuberculose é uma doença infecciosa causada por uma bactéria que afeta principalmente os pulmões, em geral causada por uma infecção por *Mycobacterium Tuberculosis* ou Bacilo de Koch (BK). Estima-se que um terço da

¹raimundo.marcolino@ifma.edu.br

²gracimat@gmail.com

população mundial esteja infectada com o bacilo causador da doença e que em, 2013, ocorreram 9 milhões de casos novos e 1 milhão de óbitos.

O Brasil faz parte do grupo dos 22 países de alta carga priorizados pela Organização Mundial da Saúde (OMS), ocupando a 16^a posição em número absoluto de casos. Nesses países concentram-se 80% dos casos de tuberculose no mundo (Brasil, 2015) e (Sabino, 2011). Percebe-se, portanto, que a tuberculose é uma doença que causa preocupações no mundo todo, o que tem feito com que a comunidade científica procure entender melhor suas características e comportamentos a partir de modelos matemáticos.

A modelagem matemática é atualmente uma das principais estratégias para o conhecimento das relações epidemiológicas, principalmente nos casos de relação entre indivíduos infectados e suscetíveis de uma população (Bassanezi, 2014). Vários modelos matemáticos, descritos por sistemas de equações diferenciais ordinárias não lineares, têm sido apresentados nos últimos anos com o objetivo de determinar os tipos, as particularidades, características e o comportamento de doenças, e a tuberculose é uma das doenças que pode ser estudada através desses modelos matemáticos. Entre diversas estratégias de controle, podemos citar a utilizada por (Sabino, 2011), que descreveu a formulação de um modelo matemático envolvendo o estudo da dinâmica de transmissão da tuberculose, levando-se em consideração o contágio, a evolução e desenvolvimento da doença, usando a vacina gênica. Em outros trabalhos, como em (Rodrigues, 2013), que escreveu sobre os efeitos de idade na propagação da tuberculose, apresentando um modelo computacional e em (Aparicio e Chavez, 2009), apresentaram diferentes modelos que foram usados para estudar a dinâmica de longo prazo da doença, incluindo modelos compartimentais simples, com padrão de incidência, modelos de cluster agregados, modelos estruturados e idade.

Os objetivos deste trabalho foram estudar modelos matemáticos epidemiológicos, que poderiam ser aplicado a essa doença, analisar a dinâmica da tuberculose nos modelos propostos e inserir dados do município, referente ao período entre 2001 e 2014, para estimar valores para os parâmetros dos sistemas, a fim de conhecer um pouco mais o que está ocorrendo, no caso da tuberculose na cidade. O município de Codó localizado no Estado do Maranhão, apresenta um dos mais altos índices de prevalência da doença no Estado, o que motivou o início desse estudo.

2. Os Modelos

Os modelos que apresentamos são do tipo SIR e SIS sem dinâmica vital e SIS com dinâmica vital, com imunidade de curta duração, uma vez que no modelo SIS os recuperados voltam para classes dos suscetíveis e não levamos em consideração nenhum tipo de controle. A população de humanos está subdividida em três classes de estado: suscetíveis, infectados e removidos (Soares, 2010) e (Macufa, 2011).

- $S(t)$: representa as proporções de indivíduos suscetíveis
- $I(t)$: representa proporções de indivíduos infectados
- $R(t)$: representa proporções de indivíduos recuperados
- β : representa a taxa de transmissão da infecção da doença
- α : representa a taxa de retorno dos infecciosos ao grupo dos suscetíveis
- μ : representa a constante de proporcionalidade dos números de nascidos e mortos que ocorrem de forma proporcional a população.

2.1 Modelo SIS sem dinâmica vital

O modelo *SIS* sem dinâmica vital é descrito pelo seguinte sistema de equações diferenciais não lineares

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI + \alpha I \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \alpha I \end{cases}, \quad (2.1)$$

com as condições iniciais, $S(0) \geq 0$ e $I(0) \geq 0$, como a população total é constante, logo $N(t) = S(t) + I(t)$ e $\frac{dN}{dt} = 0$. Uma solução para o número de infectados é dada por

$$I(t) = \frac{(\beta N - \alpha)I_0 e^{(\beta N - \alpha)t}}{\beta S_0 - \alpha + \beta I_0 e^{(\beta N - \alpha)t}}, \quad (2.2)$$

onde S_0 e I_0 representam respectivamente as proporções iniciais de indivíduos suscetíveis e infectados.

2.2 Modelo SIS com dinâmica vital

O modelo epidemiológico com dinâmica vital é aquele em que se consideram os nascimentos e as mortes na população. Considera-se nesse modelo a hipótese de que as taxas de mortalidade e natalidade sejam iguais, como também foram desconsiderados os fatores externos que influenciam no tamanho da população, como imigração e emigração. As equações que regem o modelo, são equações diferenciais ordinárias não lineares, descritas por:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu + (\alpha - \beta S)I - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = (\beta S - \alpha - \mu)I \end{cases}, \quad (2.3)$$

com as condições iniciais, $S(0) \geq 0$ e $I(0) \geq 0$, como a população total é constante, logo $N(t) = S(t) + I(t)$ e $\frac{dN}{dt} = 0$.

Uma solução para o número de infectados desse modelo é dada por

$$I(t) = \frac{(\beta N - (\alpha + \mu))I_0 e^{(\beta N - (\alpha + \mu))t}}{\beta S_0 - (\alpha + \mu) + \beta I_0 e^{(\beta N - (\alpha + \mu))t}}, \quad (2.4)$$

sendo que S_0 e I_0 são respectivamente as proporções iniciais de indivíduos suscetíveis e infectados.

2.3 Modelo SIR sem dinâmica vital

O modelo *SIR* sem dinâmica vital é descrito pelo seguinte sistema de equações diferenciais não lineares

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I \end{cases}, \quad (2.5)$$

com as condições iniciais, $S(0) \geq 0$, $I(0) \geq 0$, $R_0 = 0$ e $N = S_0 + I_0 + R_0$, sendo que, N representa a população total.

A solução desse modelo para o número de infectados em função do tempo é dado por

$$I(t) = I_0 e^{(\beta S - \alpha)t}, \quad (2.6)$$

onde S_0 , I_0 e R_0 representam respectivamente as proporções iniciais de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados.

3 Análise dos modelos

3.1 Determinação dos pontos de equilíbrio

Os pontos de equilíbrio podem ser classificados como:

1. O ponto de equilíbrio livre da doença $P_1 = (N, 0)$, que determina o ponto onde a doença é erradicada, ou seja, não existe nenhum indivíduo infectado na população.
2. O ponto de equilíbrio endêmico $P_2 = (S, I)$, no qual representa uma população em equilíbrio com indivíduos suscetíveis e infecciosos.

Os pontos de equilíbrio do sistema (2.1) são dados quando toma-se

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI + \alpha I = 0 \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \alpha I = 0 \end{cases} \quad (3.7)$$

- Se $I = 0$ e tomando $I + S = 1$ no sistema (3.7), temos $P_1 = (1, 0)$
- Se $I \neq 0$, tem-se então $P_2 = (\frac{\alpha}{\beta}, 1 - \frac{\alpha}{\beta})$

Os pontos de equilíbrio do sistema (2.3) são dados quando toma-se:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu + (\alpha - \beta S)I - \mu S = 0 \\ \frac{dI}{dt} = (\beta S - \alpha - \mu)I = 0 \end{cases} \quad (3.8)$$

- Se $I = 0$ no sistema (3.8), obtemos $P_1 = (1, 0)$
- Se $I \neq 0$, tem-se então $P_2 = (\frac{\alpha + \mu}{\beta}, \frac{\beta - \mu - \alpha}{\beta})$

Os pontos de equilíbrio do sistema (2.5) são dados quando tem-se:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI = 0 \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \alpha I = 0 \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I = 0 \end{cases} \quad (3.9)$$

Percebe-se que no sistema (3.9) para $I = 0$, o sistema tem um número infinito de soluções, ou seja, isso implica que qualquer solução na forma $(S, 0)$, representa um ponto de equilíbrio. Por outro lado, não há equilíbrio com o número de infectados diferente de zero. A conclusão que se pode chegar é que, como nesse modelo não foi considerada a dinâmica populacional no hospedeiro, não há possibilidade da doença atingir nível endêmico. Apesar disso, ainda se pode fazer um estudo nos pontos de estabilidade. Para isto é preciso estender um pouco a mais sobre como ocorre a sua dinâmica (Júnior, 2015).

3.2 Número de reprodutividade basal dos modelos

O número básico de reprodução da doença é um parâmetro representado por R_0 e é definido como sendo o número médio de novos infectados gerados por um único infeccioso, quando exposto a uma população em que todos indivíduos são suscetíveis à doença. Este número básico é muito importante para epidemiologia, pois mede a velocidade inicial da epidemia.

1. Se $R_0 > 1$, haverá uma epidemia;
2. Se $R_0 < 1$, a doença está indo para extinção.
3. Se $R_0 = 1$, tem-se uma endemia.

Usando a segunda equação dos sistemas (2.1) e (2.5) e fazendo $\frac{dI}{dt} > 0$, tem-se: $\beta SI - \alpha I > 0$, obtemos $S > \frac{\alpha}{\beta}$, e se no início consideramos $N \cong S$, então $\frac{\beta N}{\alpha} > 1$, ou seja $R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$.

Mais usando a segunda equação do sistema (2.3) fazendo $\frac{dI}{dt} > 0$, tem-se: $\beta SI - (\alpha I + \mu I) > 0$, se no início consideramos $N \cong S$, então $\frac{\beta N}{\alpha} < S$, obtemos $R_0 = \frac{\beta N}{\alpha + \mu}$.

3.3 Análise da estabilidade dos pontos de equilíbrio

Pode-se encontrar os pontos de equilíbrio quando tomando-se o sistema bidimensional dado por (Júnior, 2015) e (Soares, 2010):

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = F(S, I) \\ \frac{dI}{dt} = G(S, I) \end{cases} \quad (3.10)$$

e considerando as derivadas do sistema (3.10) nulas, $\frac{dS}{dt} = \frac{dI}{dt} = 0$, isto é, $F(S, I) = G(S, I) = 0$.

Portanto para analisar a estabilidade dos pontos de equilíbrio encontrados, observa-se os autovalores λ_1 e λ_2 da matriz Jacobiana

$$J(S, I) = \begin{bmatrix} F_S(S, I) & F_I(S, I) \\ G_S(S, I) & G_I(S, I) \end{bmatrix}.$$

Os autovalores λ_1 e λ_2 da matriz Jacobiana são a solução da equação

$$\lambda^2 - \lambda T + D = 0$$

com $\Delta = T^2 - 4D$, T o traço e D o determinante da matriz Jacobiana.

Se $D = 0$, temos um autovalor zero e o outro autovalor será positivo se $T > 0$ e negativo se $T < 0$. Neste caso o ponto de equilíbrio é considerado não isolado, isto é, não se pode ter certeza da estabilidade deste ponto.

Usa-se a Tabela 1 para classificar os pontos de equilíbrio

Tabela 1: Estabilidade dos pontos de equilíbrio, com auxílio do determinante D e do traço T .

$\Delta = \mathbf{T}^2 - 4\mathbf{D}$	Traço	Determi- nante	Tipo de Ponto Crítico	Estabi- lidade
$\Delta > 0$	$T > 0$	$D > 0$	Nó	Instável
$\Delta > 0$	$T < 0$ $T < 0$	$D > 0$	Nó	Estável
$\Delta > 0$	ou $T > 0$	$D < 0$	Ponto de Sela	Instável
$\Delta = 0$	$T > 0$	$D > 0$	Nó	Instável
$\Delta = 0$	$T < 0$	$D > 0$	Nó	Estável
$\Delta < 0$	$T > 0$	$D > 0$	Ponto Espiral	Instável
$\Delta < 0$	$T < 0$	$D > 0$	Ponto Espiral	Estável
$\Delta < 0$	$T = 0$	$D > 0$	Centro	Estável

No modelo (2.1) o traço e o determinante das matrizes Jacobianas referente a os pontos P_1 e P_2 , são respectivamente, $T = \beta - \alpha$, $D = 0$ e $T = -\beta + \alpha$, $D = 0$.

Um autovalor zero e o outro autovalor será positivo se $T > 0$ e negativo se $T < 0$ e $D = 0$. Neste caso os pontos de equilíbrio é considerado não isolado, isto é, não se pode ter certeza da estabilidade destes pontos.

É possível fazer um análise do modelo (2.3) a partir do valor de R_0 , de seus pontos de equilíbrio P_1 e P_2 e dos valores de D e T de suas respectivas matrizes jacobianas, ou seja $T = \beta - \alpha - 2\mu$, $D = -\beta\mu + \alpha\mu + \mu^2$ e $T = -\beta + \alpha$, $D = \beta\mu - \alpha\mu - \mu^2$.

Percebe-se que nas resoluções das equações, o Δ é positivo para os dois pontos. Portanto analisando R_0 , a partir dos pontos P_1 e P_2 e como a população total $N(t) = S(t) + I(t)$ é constante, pode-se considerar $N = 1$.

1. $R_0 > 1$ (Haverá uma epidemia, ou seja doença em nível epidêmico).

No ponto P_1 , tem-se $\Delta > 0$, $T < 0$ ou $T > 0$ e $D < 0$. Portanto conforme

a Tabela 1, $P_1 = (0, 1)$ é o ponto de sela (Ponto Instável).

Já no ponto P_2 , temos $\Delta > 0$, $T < 0$ e $D > 0$. Portanto conforme a Tabela 1, $P_2 = \left(\frac{\alpha+\mu}{\beta}, \frac{\beta-\alpha-\mu}{\beta}\right)$ é um Nó (Ponto Estável).

2. $R_0 < 1$ (Haverá uma erradicação, ou seja população livre da doença).

Começando com o ponto P_1 , obtemos $\Delta > 0$, $T < 0$ e $D > 0$, conforme a Tabela 1, $P_1 = (1, 0)$ é um Nó (Ponto Estável).

No ponto P_2 , tem-se $\Delta > 0$, $T > 0$ e $D < 0$, logo conforme a Tabela 1, o ponto $P_2 = \left(\frac{\alpha+\mu}{\beta}, \frac{\beta-\alpha-\mu}{\beta}\right)$ é um ponto de sela (Ponto Instável).

4 Tuberculose em Codó-MA

Nesse estudo vamos usar os dados da tuberculose no município (Sistema de informação de agravos de notificação-SINAN-Codó-MA. Neste município a situação tem sido preocupante, não só para as autoridades da saúde e do governo, como também para outras áreas envolvidas, pois é onde se concentra a maior incidência de casos da doença no Maranhão. A Tabela 2 ilustra os casos de infectados pela tuberculose e a população de Codó de 2001 a 2014.

Tabela 2: Número de Infectados por Tuberculose e População de Codó. Fonte: Sistema de informação de agravos de notificação-SINAN-Codó-MA e IBGE (Brasil, 2014).

Ano	População	Nº de Infectados	Ano	População	Nº de Infectados
2001	111.587	108	2008	113.768	50
2002	112.271	116	2009	113.937	48
2003	112.793	90	2010	118.072	42
2004	113.889	65	2011	118.567	43
2005	114.496	96	2012	119.079	30
2006	115.098	80	2013	119.641	65
2007	110.574	89	2014	119.962	34

5 Simulações com dados reais de Codó-MA

Para obter-se a solução numérica dos modelos (2.1), (2.3) e (2.5) com dados reais de Codó-MA, é necessário determinar-se seus parâmetros. Então,

através dos dados disponíveis na Tabela 2 determinou-se os valores dos parâmetros α , β e μ . Considera-se o valor de β , conforme o proposto por (Gay, 1996), onde o autor destaca o número total de infectados como sendo o produto da taxa da força de infecção pelo número total de indivíduos suscetíveis, ou seja a população total. N° de Casos confirmados = força de infecção \times População total de indivíduos suscetíveis a doença.

$$\beta = \frac{I}{N}$$

sabendo que N é o número total da população suscetível à infecção, I é o número de indivíduos infectados, e β é a taxa da força de infecção. O parâmetro β foi determinado utilizando-se os dados da população e do número de infectados da cidade de Codó-MA, no período de 2001 a 2014, Tabela 2.

Tomando-se o quociente entre o número médio de infectados e o número médio da população total dos suscetíveis a doença, obtem-se $\beta = 0,00059$, conforme a Tabela 3.

A Tabela 3 mostra a média do n° de infectados, a média da população de Codó e a taxa de infectados no período de 2001 a 2014.

Tabela 3: Taxa de Infectados no período de 2001 a 2014.

Ano	População	Nº de Infectados	$\frac{I}{N}$
2001	111.587	108	0,000968
2002	112.271	116	0,001033
2003	112.793	90	0,000798
2004	113.889	65	0,00058
2005	114.496	96	0,000838
2006	115.098	80	0,000695
2007	110.574	89	0,000805
2008	113.768	50	0,000439
2009	113.937	48	0,000421
2010	118.072	42	0,000356
2011	118.567	43	0,000363
2012	119.079	30	0,000252
2013	119.641	65	0,000543
2014	119.962	34	0,000283
Média	115.267	68	0,00059

Para estimar o parâmetro α aplicou-se a técnica de análise de um ajuste linear com o objetivo de verificar a existência de uma relação entre o número de casos confirmados de tuberculose na população de Códó-MA com o tempo, portanto com o auxílio do Software Excel, e dos dados *tempo por número de infectados /10⁵ hab*, foi possível encontrar o ajuste linear cuja expressão da reta é da forma $I = at + b$, dos números de casos da doença, observa-se que a população de Códó está na ordem das centenas de milhares.

Quando se faz um ajuste linear não se sabe, a priori, se a reta encontrada é de fato o melhor modelo de ajuste para relacionar duas variáveis; neste caso, número de infectados e o tempo. A verificação da existência e do grau de relação entre essas variáveis é objeto do estudo da correlação. A correlação será tanto mais forte quanto mais próximo R^2 estiver de 1 ou de -1 , portanto conforme a Figura 1, a correlação é considerada boa.

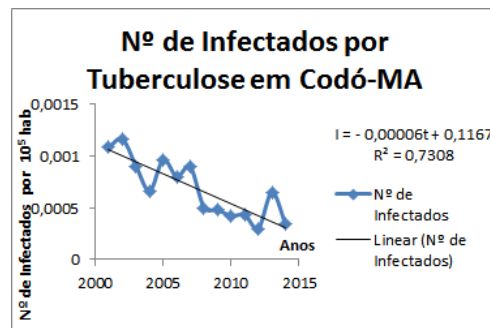


Figura 1: Ajuste linear do *número de Infectados por tuberculose/10⁵ hab em função do tempo*.

Na Figura 1, a equação encontrada foi:

$$I = -0,00006t + 0,1167. \quad (5.11)$$

Tendo em vista a equação da reta de ajuste (5.11), usou-se seu coeficiente angular, como sendo a variação da população dos infectados no tempo t , ou seja

$$\frac{dI}{dt} = a = -0,00006 \quad (5.12)$$

sendo a o coeficiente angular da equação (5.11).

Substituindo a expressão (5.12) na segunda equação do sistema (2.1), tem-se:

$$\beta SI - \alpha I = -0,00006. \quad (5.13)$$

Para encontrar o valor de α , consideramos o valor médio β , N a média da população total de Codó (por centenas de milhares), I a média dos Infectados (por centenas de milhares) e S a diferença entre a população total e o número de infectados (por centenas de milhares), portanto em (5.13), obtém-se $\alpha = 0,08891177$.

Substituindo os parâmetros α e β , os valores da população total, dos suscetíveis e infectados na expressão (2.2), encontramos a solução para o modelo (2.1) que é dado por:

$$I(t) = \frac{-6,0e^{0,08823169t}}{-0,08823210 + 0,0000004e^{0,08823169t}}. \quad (5.14)$$

Número básico de reprodução da tuberculose - modelo (2.1)

Considerando $N \cong S$, ou seja uma população em que todas as pessoas são suscetíveis, pois conforme a Tabela 2, sabe-se que o número de infectados por tuberculose é relativamente pequeno em relação a população total, entretanto não podemos adotar para qualquer doença, então $R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$. Substituindo os valores dos parâmetros e da população obtém-se:

$$R_0 = \frac{0,00059 \times 1,15267}{0,08891177} = 0,007648878.$$

Logo, a doença está lentamente indo para extinção e terá sua extinção a partir do ano 2057, conforme o modelo.

No modelo SIS com dinâmica vital (2.3), consideramos os nascimentos e as mortes na população, nesse modelo considera-se, que a hipótese de que as taxas de mortalidade e natalidade sejam iguais, como também foram desconsiderados os fatores que influenciam no tamanho da população, como imigração e emigração.

Usa-se a segunda equação do sistema (2.3), e com base nos dados da Tabela 2 os parâmetros α e β , os valores de S e I , que foram usados no modelo anterior, encontramos o parâmetro $\mu = 0,00000319$.

Para encontrar uma solução para esse modelo substitui-se os parâmetros α , β , μ e os valores de N , S e I , na expressão (2.4), que é dado por

$$I(t) = \frac{-6,0e^{-0,08823489t}}{-0,08823529 + 0,0000004e^{-0,08823489t}}. \quad (5.15)$$

Número básico de reprodução da tuberculose - modelo (2.3)

Usando os mesmos argumentos que foram usados para encontrar o número de reprodutividade basal do modelo (2.1), ou seja considerando $N \cong S$, tem-se $R_0 = \frac{\beta N}{\alpha + \mu}$. Portanto substituindo os valores dos parâmetros e da população obtém-se:

$$R_0 = \frac{0,00059 \times 1,15267}{0,08891177 + 0,00000319} = 0,007648604.$$

Logo, a doença está lentamente indo para extinção, conforme o modelo (2.3), pois $R_0 < 1$ e terá sua extinção a partir de 2057.

No modelo SIR sem dinâmica vital (2.5), que consiste de uma epidemia em que um indivíduo deve ser isolado, podendo ser curado e tornar-se imune à doença ou morrer, usamos os parâmetros α , β e os valores de S e I , e substituindo esses valores na expressão (2.6), encontra-se:

$$I(t) = 68e^{-0,08823210t}. \quad (5.16)$$

O número básico de reprodução da tuberculose do modelo (2.5), coincide com o modelo (2.1), portanto $R_0 = 0,007648878$, ou seja a doença está indo para extinção.

É possível encontrar valores para os modelos usando as soluções finais (5.14), (5.15) e (5.16), em função do tempo, ou seja t representa anos passados após o ano 2000.

Portanto com auxílio do Software Excel, na Tabela 4, encontra-se os valores dos modelos juntamente com o n° de infectados em Codó-MA.

Tabela 4: Infectados \times Modelos no período de 2001 a 2014.

Ano	Nº de Infectados	modelo(2.1)	modelo(2.3)	modelo(2.5)
2001	108	62,25982576	62,25737563	62,25728802
2002	116	57,00188434	56,99945873	56,99955753
2003	90	52,18798599	52,18559823	52,18585103
2004	65	47,78063019	47,77829119	47,77866998
2005	96	43,74548346	43,74320201	43,74368262
2006	80	40,0511119	40,04889497	40,04945659
2007	89	36,66873631	36,66658927	36,66721403
2008	50	33,57200798	33,56993484	33,57060743
2009	48	30,73680342	30,734807	30,73551435
2010	42	28,14103642	28,13911856	28,13984955
2011	43	25,76448604	25,7626477	25,76339292
2012	30	23,58863901	23,58688045	23,58763196
2013	65	21,59654559	21,59486644	21,5956176
2014	34	19,77268746	19,77108684	19,77183213

Nas Figuras 2, 3 e 4 observa-se o comparativo dos números de infectados na cidade de Codó-MA e os modelos (2.1), (2.3) e (2.5).

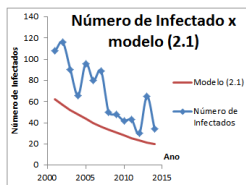


Figura 2: modelo(2.1)

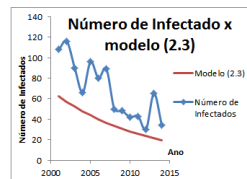


Figura 3: modelo(2.3)

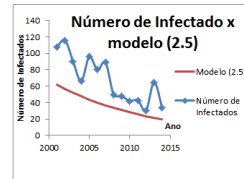


Figura 4: modelo(2.5)

6. Conclusões

Neste trabalho, foram apresentados alguns modelos matemáticos epidemiológicos SIS com e sem dinâmica vital e SIR sem dinâmica vital, utilizando o estudo e aplicação de sistemas de equações diferenciais não lineares, com o objetivo de aplicar os casos de tuberculose de Codó-MA, no período entre 2001 e 2014.

Analisando os modelos e utilizando os dados dos casos confirmados da

doença (Fornecido por Sistema de Informação de Agravos de Notificação - SINAN) e da população da Cidade (fornecidos pelo IBGE (Brasil, 2014)), foi possível determinar os parâmetros α , β e μ , sendo os parâmetros obtidos através de uma regressão linear. Logo, foi possível ajustar a curva da dinâmica aos casos confirmados da tuberculose, assim determinamos o número de reprodução basal $R_0 < 1$.

Quanto aos modelos apresentados é possível observar que o número de infectados está decrescendo, isso deve-se ao fato de que o número de reprodução basal $R_0 < 1$. Isto significa que a doença está sendo erradicada, embora essa tendência pareça ainda a ser lenta.

Referências

- Aparicio, J. P. e Chavez, C. C. (2009). Mathematical modelling of tuberculosis epidemics. *Mathematical Biosciences and Engineering.*, 62:209–237.
- Bassanezi, R. C. (2014). *Ensino-aprendizagem com modelagem matemática*. Ed. Contexto, S.Paulo.
- Brasil (2014). Instituto brasileiro de geografia e estatística. URL: <http://downloads.ibge.gov.br/downloads-estatisticas.htm/> Acesso em: 05/10/2015.
- Brasil (2015). Ministério da Saude: Secretaria de Vigilância em Saúde. Detectar. Tratar e Curar: Desafios e Estratégias Brasileiras Frente à Tuberculose. In: Boletim Epidemiológico. Volume 46, N° 9 - ISSN 2358-9450. URL:<http://portalsaude.saude.gov.br/index.php/o-ministerio/principal/leia-mais-o-ministerio/197-secretaria-svs/11955-boletins-epidemiologicos-arquivos>. Acesso, em : 29/10/2015.
- Gay, N. J. (1996). A model of long-term decline in the transmissibility of an infectious disease: Implications for the incidence of hepatitis A. *Int. J. Epidemiol.*, 25:854–861.
- Júnior, F. P. P. (2015). Modelagens alternativas para a meningite no maranhão. Dissertação de Mestrado, IMECC–UNICAMP, Campinas/SP.
- Macufa, M. M. M. (2011). Modelos epidemiológicos alternativos da malária. Dissertação de Mestrado, IMECC–UNICAMP, Campinas/SP.

- Rodrigues, C. C. G. (2013). Efeitos de idade na propagação da tuberculose .
Dissertação de Mestrado, UFF, Votta Redonda/RJ.
- Sabino, M. R. (2011). Efeitos da vacinação e do tratamento na dinâmica da
transmissão da tuberculose. Dissertação de Mestrado, IMECC–UNICAMP,
Campinas/SP.
- Soares, A. L. O. (2010). Modelagem alternativa para sistemas epidemiológicos.
Dissertação de Mestrado, UFABC, Santo André/SP.