Biomatemática ***28*** *(2018), 101–114* ***ISSN 1679-365X***
Uma Publicação do Grupo de Biomatemática IMECC – UNICAMP

Modelo de sistema dinâmico de epidemia com simulação númerica em Python

Jairo C. O. Quintans[1],
IF-Sertão-PE, 56.200-000, Ouricuri/PE.

José A. Silva[2],
Depto. Informática, CI – UFPB, 58.055-000, João Pessoa/PB.

Resumo. Historicamente, a sociedade é marcada pela busca incessante por sobrevivência, aspectos como: fome, clima, guerras, predadores, causam grandes preocupações a sociedade, no entanto, a adversidade de maior preocupação para a humanidade são as epidemias, as mesmas são responsáveis por graves desastres na humanidade. Neste trabalho vamos analisar a propagação de algumas epidemias através de uma simulação numérica usando a linguagem de programação em Python, o estudo será feito por meio da modelagem de sistemas dinâmicos, tomaremos como base o modelo SIR, para o estudo utilizaremos as seguintes epidemias, o HIV e a gripe. Iremos considerar determinadas situações iniciais e analisar a propagação das doenças.

Palavras-chave: *Epidemia; simulação numérica; sistema dinâmico.*

1. Objetivos

- Descrever um modelo de sistema dinâmico usando equações diferencias que mostre o comportamento de doenças específicas sob certas condições;
- Fazer uma análise dos pontos fixos do sistema estudando a estabilidade dos mesmos;
- Simular numericamente usando a linguagem de progamação em Python para assim podermos descrever o que acontecerá com a doença a medida que o tempo passa.

[1]jairo.oliveira@ifsertao-pe.edu.br
[2]aluisiomatematica@gmail.com

2. Introdução

Epidemia é a concentração excessiva de determinados casos de uma doença em um mesmo local e época. Segundo Ferreira (1986), "epidemia é doença que surge rápida num lugar e acomete simultaneamente grande número de pessoas. Surto de agravação duma endemia".

Historicamente um dos surtos epidêmicos mais conhecidos é o da peste negra que levou a morte um quarto da população Europeia entre os anos 1346–1350, a história aponta que 80% das pessoas infectadas apos 6 a 10 dias morriam. Outros surtos como peste bubônica, variola, gripes, entre outras, afetaram gravemente a população mundial, vindo a exterminar grupos étnicos. Algumas pandemias podem resultar em um grande número de infecções graves.

Segundo o Ministério Saúde (2018) a pandemia mais notória que se tem registro é a gripe espanhola de $1918 - 1919$ que causou mundialmente cerca de 5% de mortes da população naquela época. Pandemias subsequentes em 1957 e 1968 resultaram em menor número de mortes apesar de uma grande quantidade da população mundial ser suscetível.

Atualmente, o vírus HIV (human immunodeficiency virus), o agente causador da AIDS (acquired immunodeficiency syndrome), passou a ter um significante impacto nos índices de mortalidade tanto em países ricos quanto em países pobres. Estudo apresentado pela revista Lancet (2016) aponta que existia cerca de 38,8 milhões de pessoas vivendo com HIV. No brasil até junho de 2016 existia cerca de 550 mil pessoas infectas. O numero de mortes por ano de pessoas que morrem de doenças relacionadas à AIDS chega a aproximadamente 1,2 milhões (mundialmente) e 800 mil (brasileira).

Outra epidemia em destaque na atualidade é o vírus Influenza sazonal que evolui continuamente, sendo só dois subtipos do vírus Influenza A (H1N1 e H3N2) que estão atualmente em circulação entre as pessoas.

Vírus H1N1 sofreu mutações desde 2010, porém mutações mais relevantes com algum impacto na resposta imunológica só foram detectadas recentemente. O impacto das epidemias de influenza é reflexo da interação entre a variação antigênica viral, o nível de proteção da população para as cepas circulantes e o grau de virulência dos vírus. Dados de Influenza no Brasil, no ano de 2016 - de acordo com Dantas (2017) o tipo H1N1 matou 1.982 pessoas sendo feitas 10.625 notificações, no total o conjunto dos vírus influenza vitimaram 2.220 pacientes, quase alcançando os números de 2009, quando o H1N1 se tornou

uma pandemia e matou 2.060 brasileiros.

Segundo a Organização Mundial da Saúde a influenza ocorre durante todo o ano, mas é mais frequente nos meses do outono e inverno, quando as temperaturas caem, principalmente no sul e sudeste do país. Durante uma epidemia sazonal de influenza, cerca de 5% a 15% da população é infectada, resultando em aproximadamente 3 a 5 milhões de casos graves por ano e de 250 a 500 mil mortes no mundo, principalmente entre idosos e portadores de doenças crônicas.

O presente trabalho apresenta uma abordagem do modelo dinâmico para epidemias baseado no modelo SIR proposto por Kermack e McKendrick em 1927. Posteriormente estudaremos situações relacionadas a gripe e a AIDS.

3. O Modelo SIR

O modelo SIR classifica os indivíduos em três estados: suscetíveis S, infectados I e recuperados R. Neste modelo o comportamento da epidemia é analisada por meio da estabilidade dos pontos fixos. Os pontos fixos (pontos de equilíbrio ou pontos estacionários) são calculados e a estabilidade local é avaliada, utilizando-se a matriz jacobiana e os autovalores correspondentes a cada ponto fixo.

O diagrama de fases aproximado é construído a partir da localização dos pontos fixos. Sendo β a taxa de transmissão, essa escolha pode ser justificada pelo fato de que esse parâmetro caracteriza a força de infecção de uma doença e combina fatores biológicos, sociais e ambientais.

Assim, é possível intervir no valor de β a partir de campanhas de vacinação, isolamento de indivíduos infectados, até ações públicas de saneamento e combate a desigualdade social, entre outras.

Considere o modelo descrito em Nepomuceno (2005) e Strogatz (1994) por

$$\dot{X} = \mu N(1-p) - \mu X - \frac{\beta Y X}{N} \tag{3.1}$$

$$\dot{Y} = \frac{\beta Y X}{N} - \gamma Y - \mu Y \tag{3.2}$$

$$\dot{Z} = \gamma Y - \mu Z + p\mu N \tag{3.3}$$

$$X(0) = X_0 \geq 0; \qquad Y(0) = Y_0 \geq 0; \qquad Z(0) = Z_0 \geq 0.$$

em que X, Y e Z representam o número de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, respectivamente, p é a proporção de indivíduos imunizados. N é o número total de indivíduos, β é a taxa de transmição, μ é a taxa de novos suscetíveis sendo que para manter a população constante faz-se a taxa de mortalidade $d = \mu$, γ é a taxa de indivíduos infectados que são recuperados e $X(t) + Y(t) + Z(t) = N$. Dividindo as equações (3.1), (3.2) e (3.3) por N e desconsiderando Z, que pode ser obtido por $Z = N - X - Y$ obtemos

$$\begin{aligned} \dot{x} &= \mu(1-p) - \mu x - \beta y x \\ \dot{y} &= \beta y x - \gamma y - \mu y \\ x(0) &= x_0 \geq 0 \\ y(0) &= y_0 \geq 0 \end{aligned}$$

3.1. Estabilidade do Sistema

Vamos fazer a análise do sistema, como apresentado em Strogatz (1994), com relação a β que é a taxa de transmissão, primeiramente vamos obter os seus pontos fixos, ou seja,

$$\begin{aligned} \dot{x} &= f(x) = 0 \\ \dot{y} &= g(y) = 0 \end{aligned}$$

que nos dá o seguinte sistema

$$\begin{cases} \mu - \mu x - \beta y x = 0 \\ \beta y x - \gamma y - \mu y = 0 \end{cases}$$

Da segunda equação obtemos

$$(\beta x - \gamma - \mu) y = 0 \Rightarrow y = 0$$

substituindo na primeira equação temos

$$\mu - \mu x = 0 \Rightarrow \mu x = \mu \Rightarrow x = 1$$

Temos assim um ponto fixo em $P_1(x^\star,\ y^\star) = (1,\ 0)$

Vamos verificar se ainda existem outros pontos fixos. Da segunda equação obtemos

$$\beta y x = \gamma y + \mu y \Rightarrow x = \frac{\gamma + \mu}{\beta},$$

substituindo este valor de x na primeira equação obtemos

$$\mu-\mu\left(\frac{\gamma+\mu}{\beta}\right)-\beta y\left(\frac{\gamma+\mu}{\beta}\right)=0 \Rightarrow y(\gamma+\mu)=\mu-\mu\left(\frac{\gamma+\mu}{\beta}\right) \Rightarrow y=\frac{\mu}{\gamma+\mu}-\frac{\mu}{\gamma}$$

Assim, temos o ponto fixo $P_2(x^\star,\ y^\star)=\left(\frac{\gamma+\mu}{\beta},\ \frac{\mu}{\gamma+\mu}-\frac{\mu}{\beta}\right)$

Calculando a matriz jacobiana associada ao sistema temos

$$J=\begin{bmatrix} \frac{\partial f}{\partial x} & \frac{\partial f}{\partial y} \\ \frac{\partial g}{\partial x} & \frac{\partial g}{\partial y} \end{bmatrix}=\begin{bmatrix} -\mu-\beta y & -\beta x \\ \beta y & \beta x-(\gamma+\mu) \end{bmatrix} \tag{3.4}$$

Calculando a matriz jacobiana nos pontos P_1 e P_2 obtemos

$$J_{P_1}=\begin{bmatrix} -\mu & -\beta \\ 0 & \beta-(\gamma+\mu) \end{bmatrix} \tag{3.5}$$

$$J_{P_2}=\begin{bmatrix} -\frac{\mu\beta}{\gamma+\mu} & -(\gamma+\mu) \\ \frac{\mu\beta}{\gamma+\mu}-\mu & 0 \end{bmatrix} \tag{3.6}$$

Afim de analisar a estabilidade dos pontos fixos, vamos calcular os autovalores associados as matrizes J_{P_1} e J_{P_2}.

Com relação a matriz J_{P_1}, temos

$$\tau=-\mu+\beta-(\gamma+\mu)=\beta-\gamma-2\mu$$

$$\Delta=-\mu(\beta-(\gamma+\mu))=-\mu\beta+\mu\gamma+\mu^2$$

Se $\Delta<0$ temos $\beta-\gamma-\mu>0 \Rightarrow \beta>\mu+\gamma$ teremos então que P_1 é um ponto de sela nesse caso podemos concluir que o sistema não vai para este ponto fixo que é o caso em que temos 100% de suscetíveis e 0% de infectados (ver figuras 1 e 2).

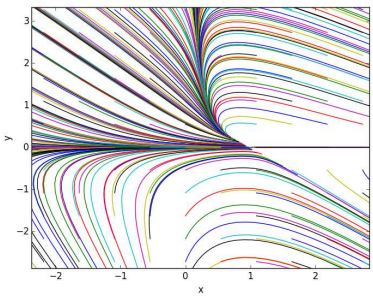

Figura 1: Diagrama de fase.

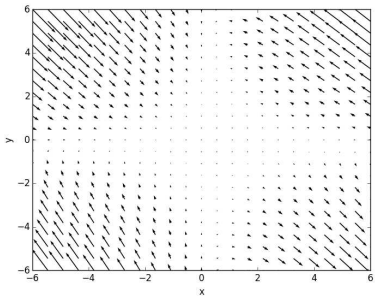

Figura 2: Diagrama do campo vetorial.

Se $\Delta > 0$ temos $\beta < (\gamma + \mu)$ e $\tau^2 - 4\Delta > 0$, como $\beta < (\gamma + \mu)$ garante que $\tau < 0$, neste caso, o ponto fixo é um nó estável como mostra a figura 3.

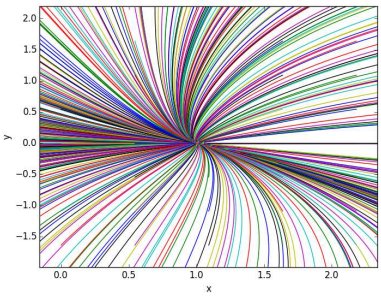

Figura 3: Diagrama de fase.

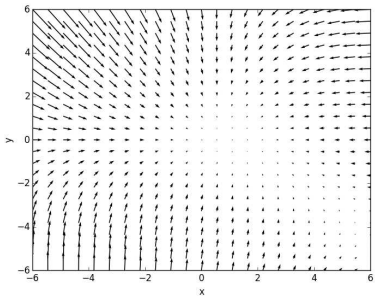

Figura 4: Diagrama do campo vetorial.

Se $\Delta > 0$ e $\tau^2 - 4\Delta < 0$, então $\lambda_{(1,2)}$ são números complexos e conjugados, neste caso, se $\tau > 0$, o ponto fixo é uma espiral instável e se $\tau < 0$, temos uma espiral estável e se $\tau = 0$ temos um centro.

Vamos realizar a mesma análise para o ponto P_2, em que temos

$$\tau = -\frac{\mu\beta}{\gamma + \mu}$$

$$\Delta = -\left(\frac{\mu\beta}{\gamma + \mu} - \mu\right)(-(\gamma + \mu)) = \beta\mu - \mu(\gamma + \mu)$$

Assim, temos

Se $\Delta < 0$, então $\beta < \gamma + \mu$ nesta faixa de valores o ponto fixo é uma sela e, assim, instável. Neste caso, o valor de β apresenta um ponto de equilíbrio endêmico.

Se $\Delta > 0$ então $\beta > (\gamma + \mu)$ e $\tau^2 - 4\Delta > 0$ como $\tau < 0$, $\forall\beta$ temos que para esta região o ponto P_2 é um nó estável.

Se $\Delta > 0$ temos $\beta > (\gamma + \mu)$ e $\tau^2 - 4\Delta < 0$. Neste caso, temos uma espiral estável.

De fato temos que:

$$\begin{aligned}
\tau^2 - 4\Delta &= \left(\frac{\mu\beta}{\gamma+\mu}\right)^2 - 4(\beta\mu - \mu(\gamma+\mu)) > \\
&> \left(\frac{\mu(\gamma+\mu)}{\gamma+\mu}\right)^2 - 4(\beta\mu - \mu(\gamma+\mu)) = \\
&= \mu^2 - 4(\beta\mu - \mu(\gamma+\mu)) = \\
&= \mu^2 - 4(\beta\mu - \mu\gamma + \mu^2) = \\
&= \mu^2 - 4\beta\mu + 4\mu\gamma - 4\mu^2 = \\
&= -4\beta\mu + 4\mu\gamma - 3\mu^2 \\
&< -4(\gamma+\mu)\cdot\mu + \mu\gamma - 3\mu^2 = \\
&= -4\gamma\mu - 4\mu^2 + 4\gamma\mu - 3\mu^2 = \\
&= -7\mu^2 < 0
\end{aligned}$$

Epidemiologicamente, $\beta > \gamma + \mu$ significa que a taxa de transmissão de infectados é suficientemente alta para manter a população de infectados acima de zero. Por outro lado, para $\beta < \gamma + \mu$ a taxa de novos indivíduos infectados é menor que a mortalidade dos indivíduos infectados, fazendo com que a população de indivíduos infectados seja reduzida assintoticamente a zero.

4. Aplicações

Nesta seção, vamos analisar a aplicação do modelo SIR em duas epidemias estudaremos o comportamento da gripe e do HIV.

Observação: Para os exemplos a seguir, a fim de tornar a população constante vamos considerar o número de mortes igual ao número de nascidos.

4.1. Análise do modelo para o virus da gripe

Uma cidade (C) está contaminada com a gripe H1N1 e foi observado que em um dia a propagação do vírus era de 30.000 suscetíveis e três dias depois os números eram 29.700 suscetíveis e 650 infectados e que de cada 600 infectados 30 se recuperavam a cada três dias. Sabendo que uma cidade (A) possui 18.000 habitantes e uma cidade (B) possui 80.000 habitantes e que existem 10 e 30 pessoas, nas respectivas cidades, infectadas pelo mesmo vírus da cidade (C), deseja-se saber o que acontecerá com a população das cidades (A) e (B), sendo

que, a taxa de propagação da gripe, ocorre nos mesmos parâmetros da cidade (C). Exceto para o número de recuperados para a cidade (A) que para 600 infectados, 50 ficam recuperados, a cada três dias.

Sabendo dos dados de C, concluímos que a taxa de infecção $\beta = \dfrac{200}{30000 \times 600 \times 3}$ e a taxa de infecção $\gamma = \dfrac{30}{600 \times 3}$. Veja na figura 7 o gráfico de propagação da doença.

A seguir, vamos fazer a análise do ponto fixo e da propagação da doença no tempo.

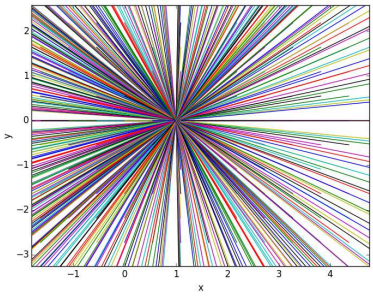

Figura 5: Diagrama de fase.

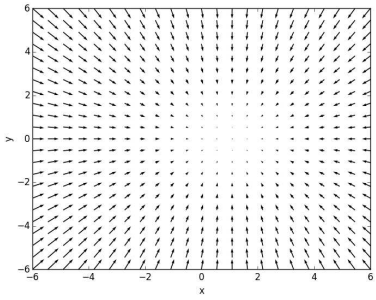

Figura 6: Diagrama do campo vetorial.

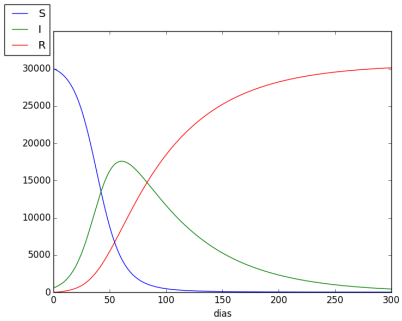

Figura 7: $\beta = \frac{200}{30000 \times 600 \times 3}$, $\mu = 1$ e $\gamma = \frac{30}{600 \times 3}$

4.2. Aplicando a cidade A

Observemos que beta permanece o mesmo, no entanto, γ será: $\gamma = \dfrac{50}{600 \times 3}$.

A seguir, vamos fazer a análise do ponto fixo e da propagação da doença no tempo.

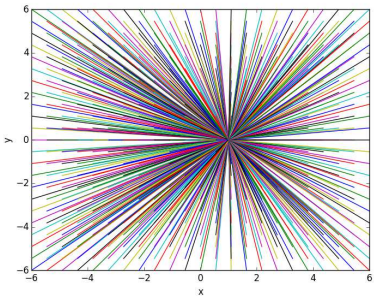

Figura 8: Diagrama de fase.

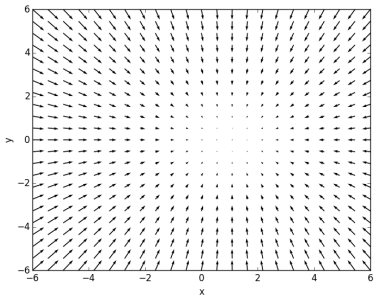

Figura 9: Diagrama do campo vetorial.

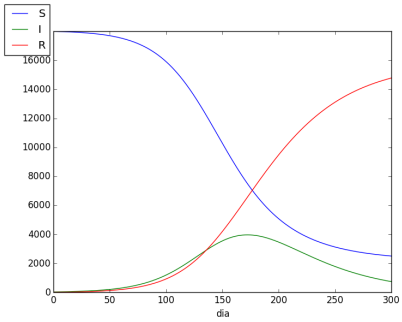

Figura 10: Cidade A, parâmetros: $\beta = \frac{200}{30000 \times 600 \times 3}$, $\mu = 1$ e $\gamma = \frac{30}{600 \times 3}$

Observe que a epidemia não contaminou toda a população, inicialmente S decresce lentamente, enquanto I e R crescem lentamente, e com taxas muito próximas o que controla a doença, por volta de 50 dias I começa se distanciar de R, o que aparenta um descontrole, mas dias depois R predomina sobre I. Aproximadamente com 170 dias I alcança o seu ponto máximo, neste período temos

o ponto mais crítico da epidemia, em seguida, I começa a decair lentamente, na medida que R cresce mais rápido, vindo assim a controlar a epidemia.

4.3. Analisando o modelo para a Cidade B

A seguir vamos fazer a análise da propagação da doença no tempo.

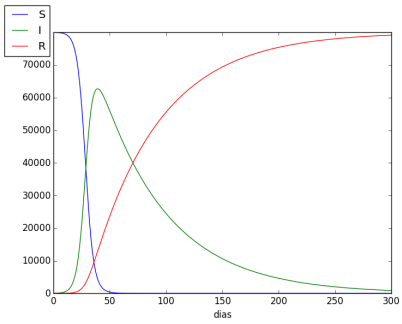

Figura 11: Cidade B.

Observe que nos 10 primeiros dias S estava praticamente constante, depois S cai rapidamente enquanto I cresce rapidamente, enquanto, R cresce lentamente o que provoca a epidemia com aproximadamente 30 dias, depois de 40 dias R começa a crescer rapidamente o que faz I se aproximar de seu maior valor e começa a decair rapidamente depois de 50 dias, por volta dos 60 dias S tem chegado a zero o que significa que toda a população foi contaminada pela doença, e assim, começa o processo de recuperação, R começa a predominar sobre I e se distanciar com uma taxa aproximada, até ser controlada novamente por volta de 300 dias.

4.4. Análise considerando o vírus HIV

Suponha que em um certo País (A), tenha uma população de 70000 mil habitantes. Em um certo ano observou-se que tinham 80 pessoas contaminadas com o vírus da Aids e que dois anos depois este número era 150. Analise a propagação desta doença no país nos seguintes casos. Primeiro, considerando que não existe uma recuperação estável. E segundo considerando que existe uma recuperação estável, onde, de cada 80 pessoa infectadas a cada dois anos 10 ficam em um estado estável da doença.

A seguir, vamos fazer a análise do ponto fixo e da propagação da doença no tempo.

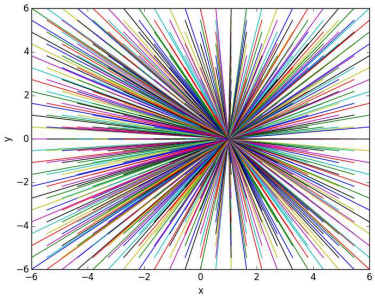

Figura 12: Diagrama de fase.

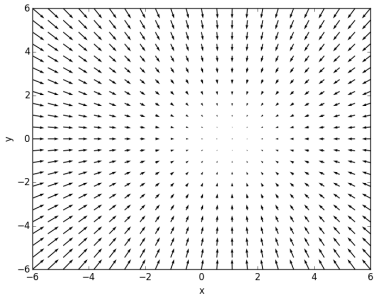

Figura 13: Diagrama do campo vetorial.

Primeiro Caso: Neste caso não existe uma recuperação, o que implica em nosso sistema a ausência do R variável de recuperação. Observemos pela figura 2, que pelo gráfico de $I = -S$, o número inicial de infectados é pequeno, a população suscetível nos anos iniciais é praticamente constatante, assim como a taxa de infectados, dos oitos aos onze anos a doença cresce quase quadrática, aos passar por um processo linear de crescimento, o que implica em uma contaminação rápida, isto ocorre entre os anos 11 e 20, depois passa por outro crescimento quadrático e, pouco tempo depois, torna-se constante o que implica em toda população está contaminada.

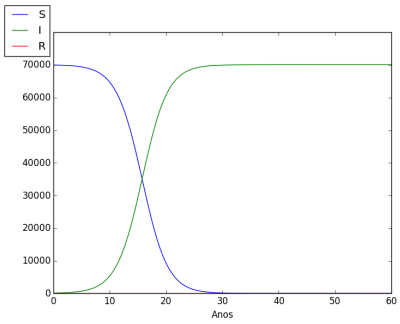

Figura 14: Primeiro caso.

Segundo Caso: Neste caso temos um parâmetro de recuperação γ

A seguir, vamos fazer a análise do ponto fixo e da propagação da doença no tempo.

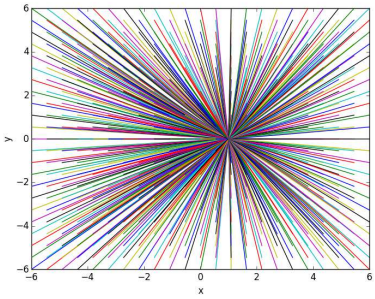

Figura 15: Diagrama de fase.

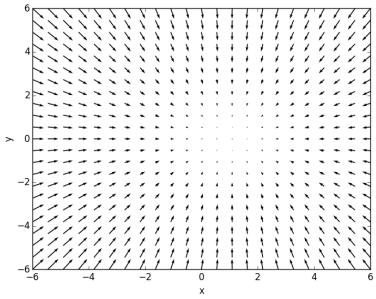

Figura 16: Diagrama do Campo Vetorial

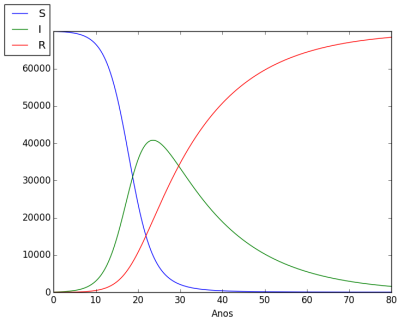

Figura 17: Segundo Caso - Parâmetros: $\beta = \frac{70}{70000 \times 80 \times 2}$, $\mu = 1$ e $\gamma = \frac{10}{80 \times 2}$

Observemos que no segundo caso, a contaminação acontece praticamente no mesmos períodos do caso anterior, no entanto, observemos que quem vai para a população limite é o numero de doentes estáveis, este processo se assemelha ao da gripe em que a população passa pela doença até retornar ao estado de saúde. Observemos que nos dez primeiros anos a doença está num estado de controle, depois S decresce exponencialmente assim como I cresce na mesma circunstância, por volta dos 28 anos I assume seu valor máximo e começa a decair, isto é efeito dos casos estáveis que começam a crescer rapidamente, como aos 45 anos toda a população já está contaminada e, daí em diante, segue o processo de pessoas entrarem no estado estável até atingir a população suporte.

5 Conclusões

De acordo com o exposto no trabalho se pode verificar a importância do modelo SIR, aplicado as mais diversas situações de epidemias, ele apresenta um diagnóstico significativo do processo de uma certa doença em uma certa população, nos exemplos ilustrativos que apresentamos no trabalho, verificamos que de acordo com uma pequena mudança de parâmetros o comportamento muda radicalmente.

Nos exemplos da gripe trouxemos um exemplo que analisava a propagação de uma gripe em duas cidades, após verificar que a propagação da doença em outra cidade em que já tinha acontecido a gripe. Neste exemplo, buscamos apresentar que o controle de doenças pode ser feito um estudo tendo conhecimento da doença em outro local, e com o conhecimento do tamanho da população se pode fazer testes para diferentes parâmetros de propagação e de recuperação, vindo assim a ter um retrato da doença na cidade ou país e, daí, tomar as medidas cabíveis de tratamento. O mesmo é valido para o exemplo dois.

Referências

Dantas, C. (2017). Brasil tem mais de 1,9 mil mortes por h1n1 em 2016, diz ministério. URL: https://g1.globo.com/bemestar/noticia/brasil-tem-mais-de-19-mil-mortes-por-h1n1-em-2016-diz-ministerio.ghtml Acesso em: 15/01/2018.

Lancet, T. (2016). Mundo tem 2,5 milhões de novos casos de hiv por ano, diz estudo. URL: http://g1.globo.com/bemestar/noticia/2016/07/mundo-tem-25-milhoes-de-novos-casos-de-hiv-por-ano-diz-estudo.html Acesso em: 20/01/2018.

Nepomuceno, E. G. (2005). *Dinâmica, Modelagem e Controle de Epidemia Belo Horizonte/MG – Brazil.* Tese de Doutorado, DELT–EEUFMG, Belo Horizonte/MG.

Saúde, M. (2018). Informações técnicas: Influenza. URL: http://portalms.saude.gov.br/saude-de-a-z/influenza/informacoes-tecnicas Acesso em: 11/05/2018.

Strogatz, S. H. (1994). *Nonlinear Dynamics–and Chaos With Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering.* Perseus Books, Massachussets.