

Uma Solução Semianalítica de Modelos Compartimentais Simples para transmissão de doenças infecciosas

A Semi-analytical Solution of Compartmental Models Simple for transmission of infectious diseases

Pedro Henrique Arriada Beskow¹, Claudio Zen Petersen², Jorge Rodolfo Silva Zabadal³

RESUMO

Neste trabalho propõe-se uma solução semianalítica para modelos compartimentais simples, mais especificamente para o Modelo SIR. A partir do próprio sistema de equações diferenciais ordinárias, com uma mudança de variável através de um mapeamento baseado em domínio estendido, busca-se construir um compartilhamento das trajetórias de soluções através de uma função campo, gerada por uma equação diferencial parcial. Com a utilização do método das características obtém-se a solução exata dessa equação em termos de uma função arbitrária cujo argumento está na forma integral. Uma vez que a integral resultante não tem solução exata, uma quadratura adequada de Newton Cotes é utilizada e reconstrói-se as variáveis originais do sistema pelas respectivas mudanças de variável. Simulações hipotéticas são propostas a fim de se analisar a plausibilidade e satisfação das condições iniciais, limite e final das populações.

Palavras-chave: Solução semianalítica. Modelo SIR. Método das Características. Integração Numérica.

ABSTRACT

In this work, we propose a semi-analytical solution for Simple Compartmental Models, more specifically for the SIR Model. From the system of ordinary differential equations itself, with a change of variable through an extended domain-based mapping, we seek to build a sharing of solutions paths through a field function, generated by a partial differential equation. Using the characteristic method, we obtain the exact solution of this function in terms of an arbitrary function whose argument is in integral form. Since the resulting integral has no exact solution, a suitable Newton Cotes quadrature is used and the original system variables are reconstructed by the respective variable changes. Hypothetical simulations are proposed to analyze the plausibility and satisfaction of initial, limit, and final conditions of populations.

Keywords: Semi-analytical Solution. SIR model. Characteristics Method. Numerical Integration.

¹ Engenharia de Controle e Automação. Universidade Federal de Pelotas.

ORCID: 0000-0002-6440-9994

² Doutor Engenharia Mecânica. Universidade Federal do Rio Grande do Sul. E-mail: claudio.petersen@ufpel.edu.br

ORCID: 0000-0002-4720-6888

³ Doutor Engenharia Mecânica. Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

ORCID: 0000-0002-1237-390X

1. INTRODUÇÃO

A imensa necessidade de compreender a proliferação de doenças infecciosas do ponto de vista dinâmico fez surgir uma área da ciência denominada Epidemiologia Matemática. Ela propõe modelos que possam ajudar a traçar políticas de controle dessas doenças.

O fator mais importante no estudo de doenças infecciosas está relacionado com a melhoria do controle epidêmico, de forma a erradicá-las o mais rápido possível. Com isto surgem os modelos matemáticos, ferramentas poderosas nesta abordagem, que nos permitem otimizar o uso de recursos financeiros ou simplesmente direcionar para medidas de controle mais eficientes. Na literatura, podemos encontrar diferentes tipos de medidas de controle que funcionam de modo a reduzir a quantidade média da transmissão entre indivíduos Infecciosos e Suscetíveis. As estratégias de controle são utilizadas de diferentes modos, dependendo sempre de qual tipo de doença é enfrentada, quem é o hospedeiro e as características de cada região (KEELING, 2008).

A modelagem matemática em Epidemiologia é feita através do estudo de equações diferenciais que descrevem a interação entre a população e o ambiente, resultando numa análise detalhada a respeito da doença. A importância desse estudo se dá ao fato de que quanto mais se conhece a respeito da doença e o modo como ela se propaga, mais eficazes são os métodos para impedir sua transmissão, e até mesmo o estudo de ações preventivas, como por exemplo, o isolamento social.

Um dos modelos mais estudados é o modelo denominado SIR (Suscetível - Infeccioso - Recuperado) (KERMACK, 1927). Este modelo nos permite analisar determinadas características dessas doenças infecciosas, tais como: a fase epidêmica, o patamar endêmico em que a doença se encontra e a existência de limiares nas taxas de propagação, para possibilitar a erradicação de doenças infecciosas pela análise dos pontos de equilíbrio do sistema, bem como pela análise das curvas, traçando estratégias de controle.

Desde então, outros estudos de modelagem têm sido aperfeiçoados para entender a dinâmica de transmissão temporal de doenças infecciosas causadas por outros vírus. Como exemplo, mais recentemente, podemos citar os diversos modelos propostos para tentar prever e estimar a propagação do novo Coronavírus tais como (YANG, 2021; DIN, 2021; TOMOCHI, 2021).

A grande maioria dos trabalhos que resolvem o modelo SIR e suas derivações (SEIR, SEIQR ou SEIQRD) usam métodos numéricos para resolver o sistema de equações

diferenciais ordinárias resultante. A característica do sistema de equações diferenciais ordinárias desses modelos acoplados é a não linearidade e, ao que tudo indica, também possuem uma característica especial chamada *stiffness* (ou rigidez), uma vez que as escalas dos parâmetros epidemiológicos podem ser bem distintas. Para resolver problemas de valor inicial rígidos, métodos numéricos adequados devem ser aplicados de modo que a solução numérica seja estável e convergente a um custo computacional aceitável. Embora o tratamento de problemas rígidos seja bastante frequente, não há uma definição matematicamente precisa que descreva essa característica. Normalmente, são adotados termos mais práticos com base em experimentos numéricos.

Ultimamente, percebe-se um interesse crescente na tarefa de buscar soluções analíticas e semianalíticas de problemas lineares e não lineares por parte da comunidade científica. Além da elegância matemática, essas soluções possuem uma aptidão relevante para gerar soluções *benchmark* para validar resultados de códigos computacionais. Além disso, essas propostas de soluções, em certo sentido, eliminam ou pelo menos mitigam a tarefa matemática de avaliação de erros exigida por métodos numéricos, exceto o erro de arredondamento. Dentre esses podemos citar os trabalhos voltados à resolução de equações diferenciais ordinárias não lineares e lineares em sistemas de equações, tais como (PETERSEN et al., 2011; TUMELERO et al., 2016; ZANDONÁ et al., 2020).

Apesar da tentativa, esses métodos ou apresentam uma solução pouco ortodoxa ou parecem excessivamente complicados para aplicações em outros modelos e, em alguns casos, totalmente desnecessários. Além dos métodos anteriormente citados, há vários outros sendo continuamente desenvolvidos pela comunidade científica, tais como formas iterativas de resolução, utilizando métodos baseados em split, aplicação de simetrias, mapeamentos das equações originais em sistemas mais simples, com geração de condições auxiliares, bem como tantos outros métodos analíticos (ZWILLINGER, 1992). Esses podem transformar um sistema de equações diferenciais aparentemente insolúvel em outro cuja solução é conhecida ou facilmente obtida. Estas formas de manipulação não geram obrigatoriamente soluções gerais para os sistemas de equações estudados, porém os casos nos quais são aplicadas podem impor que as soluções obtidas possam descrever de forma adequada os fenômenos físicos, obedecendo às condições iniciais do problema.

Nesse sentido, neste trabalho propõe-se a resolução do modelo SIR desacoplando a não linearidade através de uma manipulação algébrica. Através de um mapeamento baseado em domínio estendido busca-se construir um compartilhamento das trajetórias de soluções através de uma função campo, gerada por uma equação diferencial parcial

(SANTIAGO, 2007). Com a utilização do método das características (LOGAN, 2014), obtém-se a solução exata dessa função em domínio estendido em termos de uma função arbitrária cujo argumento está na forma integral. Uma vez que a integral resultante não tem solução exata, uma quadratura adequada de Newton Cotes é utilizada e reconstrói-se as variáveis originais do sistema pelas respectivas mudanças de variável.

Assim, o principal objetivo deste trabalho é a busca de uma solução semianalítica para os modelos compartimentais simples para transmissão de doenças infecciosas de fácil aplicação, desenvolvimento, entendimento e implementação, a fim de se obter estimativas das populações, bem como a realização testes para verificar, tanto a capacidade do modelo, quanto a do método a ser empregado. Além disso, com as simulações almejam-se prever situações específicas que sejam plausivelmente aceitas, respeitando as condições iniciais e definindo limites de validade do modelo, além de propiciar estudos avançados e aprimoramentos na solução do modelo SIR.

2. METODOLOGIA

Um dos modelos compartimentais mais simples para estudos em epidemiologia possui três compartimentos: Suscetível, Infeccioso e Recuperado, mais conhecido como modelo SIR. Indivíduos Suscetíveis entram em contato com indivíduos Infecciosos e são infectados. Após algum período de tempo, os indivíduos Infecciosos recuperam-se, deixam de ser infecciosos e têm imunidade permanente. O processo pode ser descrito como um conjunto de transições.

Grande parte dos modelos propostos para a disseminação de epidemias baseiam-se em uma variação do modelo clássico SIR. Então partindo do referido modelo, sem perda de generalidade, considerando os parâmetros epidemiológicos constantes por janela epidemiológica analisada, sem considerar nascimentos e mortes, temos:

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \alpha I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \alpha I(t)\end{aligned}\tag{1}$$

com condições iniciais dadas por

$$S(0) = S_0, \quad I(0) = I_0, \quad R(0) = 0\tag{2}$$

e população total considerada como

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) \quad , \quad (3)$$

onde N é a população total, S representa a classe de indivíduos Suscetíveis; I representa a classe de indivíduos Infecciosos, R representa a classe de indivíduos recuperados; β é a taxa de transmissão da doença e α é a taxa de recuperação devido a doença, S_0 é a população inicial de Suscetíveis com $S_0 \neq 0$, I_0 é a população inicial de Infecciosos com $I_0 \neq 0$. Note que a não linearidade deste problema está nas duas primeiras equações. Ao se conseguir uma solução para os Suscetíveis e Infecciosos encontramos diretamente a solução dos Removidos. Então, dividindo a equação dos Infecciosos pelos Suscetíveis temos:

$$\frac{I'(t)}{S'(t)} = \frac{\beta S(t)I(t) - \alpha I(t)}{-\beta S(t)I(t)} = -1 + \frac{\alpha}{\beta S(t)} \quad (4)$$

ou seja,

$$I'(t) = \left(-1 + \frac{\alpha}{\beta S(t)} \right) S'(t) \quad . \quad (5)$$

Aplicando o operado integral em (5) resulta em

$$I(t) = -S(t) + \frac{\alpha}{\beta} \ln(S(t)) + C \quad . \quad (6)$$

Com a condição inicial $I(0) = I_0$ aplicada em (6), podemos encontrar a constante C , resultando em

$$C = I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \ln(S_0) \quad . \quad (7)$$

Substituindo (7) em (6) chega-se em

$$I(t) = -S(t) + \frac{\alpha}{\beta} \ln(S(t)) + I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \ln(S_0) \quad . \quad (8)$$

Substituindo (8) na Equação (1) dos Infecciosos tem-se

$$S'(t) = -\beta S(t) \left(-S(t) + \frac{\alpha}{\beta} \ln(S(t)) + C_1 \right) \quad , \quad (9)$$

onde $C_1 = I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \ln(S_0)$, que resulta em uma única EDO não linear da forma

$$S'(t) = \beta S^2(t) - \alpha S(t) \ln(S(t)) - \beta S(t) C_1 \quad . \quad (10)$$

Dividindo toda a equação (10) por $S(t)$ tem-se

$$\frac{S'(t)}{S(t)} = \beta S(t) - \alpha \ln(S(t)) - \beta C_1 . \quad (11)$$

Propondo uma mudança de variável do tipo

$$u = \ln(S(t)) , \quad (12)$$

podemos reescrever (11), obtendo o seguinte Problema de Valor Inicial:

$$\frac{du(t)}{dt} = \beta e^u - \alpha u - \beta C_1, \quad u(0) = \ln(S_0) . \quad (13)$$

Para garantir solução de (13), basta construir uma aplicação $f : E \rightarrow R^n$ um campo de classe C^1 no aberto $E \subseteq R^n$ e $u : V(u) \rightarrow R^n$.

Para cada par (t, u) tal que $t \in V(u)$ vale para algum $u \in E$,

$$\phi(t, u) = u(t) = \phi_t(u) = k , \quad (14)$$

onde $u : V(u) \rightarrow E$ é a trajetória f que passa por u em $\phi : \Omega \rightarrow R^n$, denominado fluxo do campo de vetores f em E . Desse modo, o fluxo $\phi(t, u)$ é um campo que nos dá uma informação global do comportamento de todas as trajetórias das soluções.

Assim, por simplicidade, não escrevendo as dependências e tomando a derivada material em (14), pela regra da cadeia temos que

$$\frac{\partial \phi}{\partial t} + \frac{du}{dt} \frac{\partial \phi}{\partial u} = 0 . \quad (15)$$

Substituindo (13) em (15) fica-se com

$$\frac{\partial \phi}{\partial t} + (\beta e^u - \alpha u - \beta C_1) \frac{\partial \phi}{\partial u} = 0, \quad \phi(0, u) = u(0) . \quad (16)$$

Substituindo C_1 em (16) e fazendo algumas manipulações algébricas obtém-se:

$$\frac{\partial \phi}{\partial t} + [\beta(e^u - I_0 - S_0) - \alpha u + \alpha \ln(S_0)] \frac{\partial \phi}{\partial u} = 0, \quad \phi(0, u) = u(0) , \quad (17)$$

que é uma EDP linear de 1ª ordem.

Fazendo

$$f(u) = \beta(e^u - I_0 - S_0) - \alpha u + \alpha \ln(S_0) \quad (18)$$

podemos reescrever a equação (18) como

$$\frac{\partial \phi}{\partial t} + f(u) \frac{\partial \phi}{\partial u} = 0, \quad \phi(0, u) = u(0) . \quad (19)$$

Com o auxílio das curvas características planas [Logan, 2014] e de uma curva auxiliar que as interceptam transversalmente (Método das Características), pode-se fazer uma mudança de variável na qual tais curvas são soluções de

$$du - f(u) dt = 0, \quad (20)$$

para $f(u) \neq 0$. Assim, é possível obter uma solução para ϕ da forma

$$\phi(t, u) = k_1 \left(-t + \int \frac{1}{f(u)} du \right), \quad (21)$$

onde k_1 é qualquer função arbitrária. Observando a função $f(u)$, dada pela equação (20), percebe-se que a integral da equação (21) não tem solução analítica. Então, fazendo

$$\frac{1}{f(u)} = g(u), \quad (22)$$

propõe-se aproximar a integral (21) por uma quadratura numérica da forma

$$I = \int_a^b g(u) du = \sum_{k=0}^r w_k g(u_k) + E_{r+1}(g), \quad (23)$$

onde w_k são denominados pesos, $g(u_k)$ são valores funcionais de g , sendo em número de $r+1$, a é o limite de integração inferior e b o limite de integração superior. Os pesos w_k e os pontos de integração x_k , $k=0,1,2,\dots,r$ são determinados de tal forma que o erro de truncamento E_{r+1} se anule, se g for um polinômio de grau menor ou igual a certo número natural p . Escolhendo uma função arbitrária k_1 , tamanho do passo de integração h e uma fórmula apropriada de Newton Cotes, é possível encontrar $\phi(t, u)$ para todo intervalo t de interesse. Com isso é possível encontrar u no intervalo temporal desejado. Uma vez varrido todo o intervalo pode-se reconstruir u através de uma interpolação polinomial e com a substituição $u = \ln(S(t))$ encontrar a curva dos Suscetíveis. Após isso, encontra-se a curva dos Infecciosos dada pela Equação (8) e, por fim, obtém-se a população dos Removidos pela solução analítica clássica da forma

$$R(t) = \alpha \int_0^t I(\tau) d\tau. \quad (24)$$

Assim, obtém-se a solução do problema original (1) para todo o tempo t desejado.

Cabe ressaltar que os limites da integração (25) são estabelecidos pela relação $u = \ln(S(t))$, que leva a $u(0) = \ln(S(0)) = \ln(S_0)$ e $u(t) = \ln(S(t))$, onde t seria o tempo final escolhido ou o tempo limite do final da epidemia. Essa condição está intimamente

ligada com a medida global, chamada de número de reprodução básico (R_0), que estabelece uma relação com a população de Suscetíveis num tempo limite S_∞ .

2.1 Relação Entre R_0 e S_∞

Partindo da Equação (1), sem considerar as dependências, percebe-se que a população de Infecciosos é crescente se $\beta S - \alpha > 0$, ou seja, se

$$\frac{\beta S}{\alpha} > 1, \quad (25)$$

para $\alpha \neq 0$. O número dado pela Equação (25) é o chamado número de reprodução básico, que fornece o número de casos secundários que um indivíduo Infeccioso produz por unidade de tempo. Como em $t = 0 \Rightarrow S_0 \cong N$ tem-se

$$R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}, \quad (26)$$

que é uma medida global, que nos fornece se há ou não uma epidemia. Se somarmos as duas primeiras equações em (1) (Suscetíveis e Infecciosos) tem-se

$$(S + I)' = -\alpha I. \quad (27)$$

Admitindo que S e I são funções suaves, então $(S + I)$ é uma função suave decrescente não negativa para todo t . Então existe um limite quando $t \rightarrow t_\infty$, dado por

$$\lim_{t \rightarrow t_\infty} (S + I) = S_\infty, \quad (28)$$

pois $\lim_{t \rightarrow t_\infty} I(t) = 0$. Assim,

$$\int_0^{t_\infty} (S + I)' dt = -S_\infty + S_0 + I_0 = \alpha \int_0^{t_\infty} I dt. \quad (29)$$

Como $N = S_0 + I_0$, pode-se reescrever a Equação (29) como

$$N - S_\infty = \alpha \int_0^{t_\infty} I dt. \quad (30)$$

Além disso, pela Equação (1) sabe-se que

$$S' = -\beta SI. \quad (31)$$

Dividindo a Equação (31) por S e integrando até um tempo limite t_∞ fica-se com

$$\int_0^{t_\infty} \left(\frac{S'}{S} \right) dt = -\int_0^{t_\infty} \beta I dt, \quad (32)$$

que implica em

$$\ln\left(\frac{S_0}{S_\infty}\right) = \beta \int_0^{t_\infty} I dt. \quad (33)$$

Substituindo a relação de (30) na Equação (33), resulta em

$$\ln\left(\frac{S_0}{S_\infty}\right) = \beta \left(\frac{N - S_\infty}{\alpha}\right). \quad (34)$$

Utilizando a definição (26) pode-se reescrever a Equação (34) como

$$R_0 = \frac{\ln\left(\frac{S_0}{S_\infty}\right)}{1 - \frac{S_\infty}{N}}. \quad (36)$$

O denominador dessa expressão representa a razão de ataque e pode-se observar que o verdadeiro R_0 se dará ao final da epidemia com S_∞ bem estabelecido, ou seja, com o número de pessoas que não se infectaram ao final da epidemia. Aqui pode-se estabelecer uma relação direta entre R_0 e S_∞ , a fim de permitir obter a população de Suscetíveis num tempo limite t_∞ , ou seja, quando $t \rightarrow t_\infty$. Além disso, cabe destacar que, com a Equação (36), é possível calcular os R_0 em janelas temporais epidemiológicas, denominados R_t . Nesse caso, S_0 seriam os Suscetíveis no início da janela epidemiológica e S_∞ a população de Suscetíveis no tempo final da respectiva janela considerada.

Os autores deste trabalho estão cientes que existem outras formas de encontrar R_0 (DIEKMANN, 1990; MARTCHEVA, 2015; BRAUER, 2019), mas a apresentada em (36), somente com a variação do número de Suscetíveis, se estabelece pela própria equação diferencial do modelo, possibilitando calcular o ritmo de contágio e uma relação direta entre R_0 e S_∞ .

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A fim de ilustrar os resultados obtidos para o modelo SIR (Suscetíveis-Infecciosos-Recuperados) para a disseminação de doenças infecciosas, apresenta-se, através de gráficos, a dinâmica das populações do modelo compartmental aqui tratado. Estamos considerando uma doença infecciosa transmitida de pessoa para pessoa, seja por contato, gotículas ou aerossóis.

Assumi-se que neste modelo ninguém morre pela doença infecciosa e que a população também está isolada, estável (nenhuma nova pessoa entra nos compartimentos por nascimento ou migração e que a população está homoganeamente distribuída). Além disso, neste modelo, a variável independente t (tempo) é dada em dias e as populações de Suscetíveis, Infecciosos e Recuperados estão normalizadas. A escala vai de 0 (representando uma população zero) a 1 (representando a população completa). Além do mais, para qualquer tempo $S + I + R = 1$, uma vez que a soma representa a população em escala total, que é 1. Além disso, considera-se que, em média, cada pessoa infectada espalha a doença para uma pessoa a cada dois dias ($\beta = 1/2$), a cada três dias ($\beta = 1/3$) e a cada quatro dias ($\beta = 1/4$), para um tempo médio de recuperação (tempo médio na classe dos infecciosos) de 5 dias, ou seja, $\alpha = 1/5$. Logo, ao todo são 3 simulações de cenários hipotéticos, a fim de análise e discussão do modelo SIR.

Note que se precisa de valores iniciais (em $t = 0$) para as populações dos Suscetíveis, Infecciosos e Recuperados. Considera-se um pequeno valor diferente de zero para a população Infecciosa inicial, de modo que $I_0 = 0,0001$. Assim, o valor inicial para a população Suscetível fica estabelecido como $S_0 = 0,9999$, uma vez que a população inicial Recuperada é nula, ou seja, $R(0) = 0$. Além do mais, vamos atribuir ao tempo limite da epidemia $t_\infty = 100$ dias, $t_\infty = 120$ dias e $t_\infty = 220$ dias para o Caso 1, Caso 2 e Caso 3, respectivamente. Para a integração numérica considera-se uma regra fechada composta de Newton Cotes de grau 4 (Regra de Bolle) (BURDEN, 2016) e um passo de integração $h = 0,0001$. Em todos os gráficos apresentados as linhas azul, vermelha e verde, representam as populações dos Suscetíveis, Infecciosos e Recuperados, respectivamente.

3.1 Caso 1: $\beta = 1/2$; $\alpha = 1/5$

Para o Caso 1, estamos considerando $\beta = 1/2$ e $\alpha = 1/5$, logo $R_0 = 2,5$, estabelecendo um $S_\infty = 0,10734$.

Na Figura 1, percebe-se que a população dos Suscetíveis satisfaz a condição inicial e decai de forma acentuada entre 20 e 40 dias, com $S_\infty \rightarrow 0,10734$ quando $t \rightarrow t_\infty$. Já a população dos Recuperados tem um comportamento crescente, tendo seu crescimento mais acentuado entre 20 e 40 dias, na qual a população limite $R_\infty \rightarrow 0,89266$, quando $t \rightarrow t_\infty$.

. Por fim, a população dos Infecciosos apresenta um comportamento inicial crescente até um máximo por volta de 30 dias, para, em seguida, ter um comportamento decrescente, tendendo a zero, ou seja, $I_{\infty} \rightarrow 0$, quando $t \rightarrow t_{\infty}$.

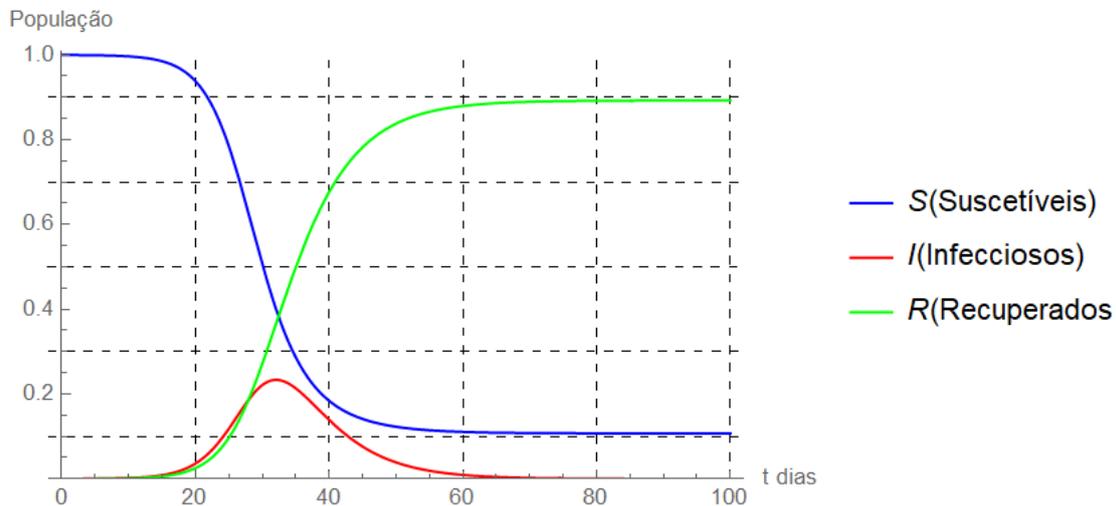


Figura 1. Populações de Suscetíveis, Infecciosos e Recuperados para $\beta=1/2$ e $\alpha=1/5$

3.2 Caso 2: $\beta=1/3$ e $\alpha=1/5$

Para o Caso 2, estamos considerando $\beta=1/3$ e $\alpha=1/5$, logo $R_0=1,67$, estabelecendo um $S_{\infty} \rightarrow 0,32259$.

Na Figura 2, percebe-se que a população dos Suscetíveis satisfaz a condição inicial e decai de forma mais acentuada entre 40 e 80 dias, com $S_{\infty} \rightarrow 0,32259$ quando $t \rightarrow t_{\infty}$. Já a população dos Recuperados tem um comportamento crescente, tendo seu crescimento mais acentuado entre 40 e 80 dias, na qual a população limite $R_{\infty} \rightarrow 0,67741$, quando $t \rightarrow t_{\infty}$. Por fim, a população dos Infecciosos apresenta um comportamento inicial crescente até um máximo por volta de 65 dias, para, em seguida, ter um comportamento decrescente, tendendo a zero, ou seja, $I_{\infty} \rightarrow 0$, quando $t \rightarrow t_{\infty}$.

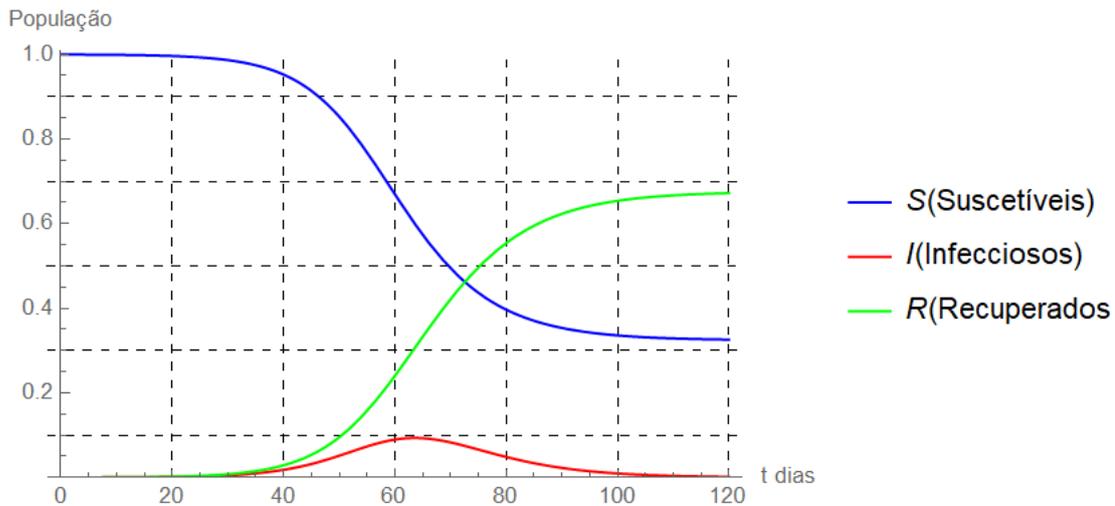


Figura 2. Populações de Suscetíveis, Infecciosos e Recuperados para $\beta=1/3$ e $\alpha=1/5$

3.3 Caso 3: $\beta=1/4$ e $\alpha=1/5$

Para o Caso 3, estamos considerando $\beta=1/4$ e $\alpha=1/5$, logo $R_0=1,25$, estabelecendo um $S_\infty \rightarrow 0,62834$.

Na Figura 3, percebe-se que a população dos Suscetíveis satisfaz a condição inicial e decai de forma mais acentuada entre 100 e 160 dias, com $S_\infty \rightarrow 0,62834$ quando $t \rightarrow t_\infty$. Já a população dos Recuperados tem um comportamento crescente, tendo seu crescimento mais acentuado entre 100 e 160 dias, na qual a população limite $R_\infty \rightarrow 0,37166$, quando $t \rightarrow t_\infty$. Por fim, a população dos Infecciosos apresenta um comportamento praticamente constante, com um suave e pequeno crescimento atingindo um máximo por volta de 130 dias para, em seguida, ter um comportamento decrescente, tendendo a zero, ou seja, $I_\infty \rightarrow 0$, quando $t \rightarrow t_\infty$.

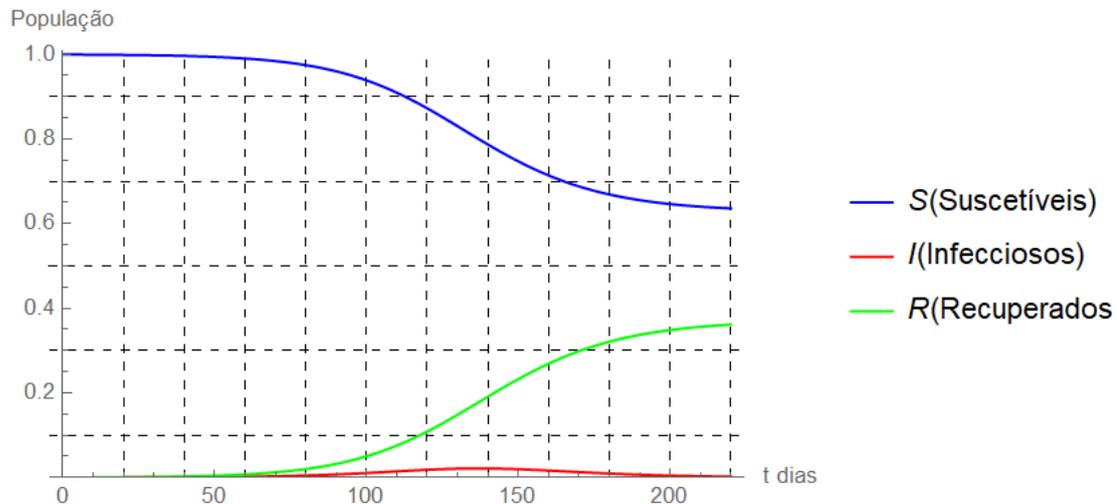


Figura 3. Populações de Suscetíveis, Infecciosos e Recuperados para $\beta = 1/4$ e $\alpha = 1/5$

Para todos os casos simulados a solução semianalítica proposta mostrou-se consistente, satisfazendo as condições iniciais e as condições limites das populações aqui consideradas. Além disso, os resultados obtidos são coerentes e plausíveis com os cenários epidemiológicos traçados.

Percebe-se para os três casos analisados que à medida em que o parâmetro β é reduzido, conseqüentemente R_0 é diminuído, então a população de Suscetíveis ao final do período da epidemia aumenta, passando de aproximadamente 10% para o Caso 1, para aproximadamente 62% para o Caso 3. Ou seja, mais pessoas escaparam da doença ao final do período considerado. Além disso, nota-se que com a diminuição de β o pico da população de Infecciosos é menor e deslocado para direita ao longo do eixo temporal, além da curva ser mais alongada e menos pronunciada perto do máximo. Portanto, com a diminuição da taxa de transmissão temos uma diminuição do ritmo de contágio, evidenciando um crescimento mais suave da curva dos Infecciosos, o que nos remete a importância do controle da taxa de transmissão por medidas efetivas que diminuam essa taxa.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A proposta semianalítica de solução para modelos compartimentais simples (Modelo SIR) mostrou-se eficiente, de fácil implementação e vem no intuito de fornecer resultados mais precisos para esses modelos, uma vez que nenhuma aproximação é feita ao longo da solução, a não ser a aproximação numérica da integral envolvida. A solução é válida para todo domínio e pode ser facilmente estendida para quaisquer modificações do modelo SIR

aqui resolvido, como os SEIR, SEIQR, SEIQRD ou outros mais complexos. A inclusão de compartimentos de vacinados, reincidentes, entre outros, é possível uma vez que essas modificações no modelo SIR apresentam a mesma estrutura de não linearidade já resolvida aqui, aumentando somente as equações desacopladas do sistema.

Os resultados apresentados serviram para mostrar a viabilidade da metodologia de solução proposta para posterior simulação para casos realísticos de epidemias. Nesse sentido, o método apresentado neste trabalho torna-se viável para resolver os modelos compartimentais aqui mencionados. A metodologia é geral, podendo incluir outros compartimentos e qualquer outra estrutura não linear. Cabe ressaltar que existe pouca referência na literatura para resolver os modelos compartimentais de forma analítica ou semianalítica, sendo de resolução numérica a maioria dos trabalhos. Embora o avanço dos métodos numéricos, com a aumento da performance dos computadores, seja nítido, soluções mais exatas quanto possível sempre serão necessárias, a fim de, não só validar e fornecer opções de soluções viáveis, mas também propor soluções que possam ser usadas para testar a validade dos modelos e outros métodos para uso em cenários reais. Portanto, nossa proposta se torna mais uma opção para simulações de cenários epidemiológicos gerais. Por isso, seguindo nessa linha de solução, para trabalhos futuros, investigaremos soluções puramente analíticas locais e não locais para os referidos modelos.

Cabe ressaltar que os resultados apresentados satisfazem todas as condições iniciais impostas e condições limites das populações, além de, para cada valor temporal, o somatório das populações ser igual a população total. Os resultados também foram plausíveis com o número de reprodução básico e parâmetros epidemiológicos considerados, ensejando que as soluções são confiáveis para traçar cenários epidemiológicos desejados. Nesse sentido, em trabalhos futuros vamos confrontar essa proposta de solução, considerando cenários realistas de uma epidemia, para perceber a validade e plausibilidade dos modelos compartimentais, para tentar prever o comportamento das populações e verificar suas limitações de uso. Estamos cientes que esses modelos devem funcionar para pequenas janelas epidemiológicas, no entanto já percebemos que pequenas medidas de controle nos parâmetros epidemiológicos (diminuição da taxa de transmissão) já fornecem mudanças bem perceptíveis nas curvas dos Infecciosos, população mais importante de se analisar o comportamento numa epidemia e fundamental para medidas de ordem pública de controle de uma epidemia.

REFERÊNCIAS

- BRAUER, Fred.; CASTILLO, Carlos.; FENG, Zhilan. **Mathematical Models in Epidemiology**. Springer: New York, 2019.
- BURDEN, Richard; FAIRES, Douglas. **Análise Numérica**. 3. ed. Cengage Learning: São Paulo, 2016.
- DIEKMANN, O.; HEESTERBEEK, J.; METZ, J. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. **Journal of Mathematical Biology**, n.4, v.28, 1990, p.365–382.
- DIN, Rahim ud.; ALGEHYNE, Ebrahen. Mathematical analysis of COVID-19 by using SIR model with convex incidence rate. **Results in physics**, v.23, 2021, p. 103970.
- KEELING, Matt.; ROHANI, Pejman. **Modeling infectious diseases in humans and animals**. Princeton University Press: Nova Jersey, 2008.
- KERMACK, William.; MCKENDRICK, A.. A contribution to the mathematical theory of epidemics. **Proceedings of the Royal Society A**, n. 772, v. 115, 1927, p. 700–721.
- LOGAN, J. David. **Applied Partial Differential Equations** (Undergraduate Texts in Mathematics). 3. ed. Springer: Berlin, 2014.
- MARTCHEVA, Maia. **An Introduction to Mathematical Epidemiology**. Springer: Berlin, 2015.
- PETERSEN, Claudio Zen.; DULLA, Sandra.; VILHENA, Marco Túlio; RAVETTO, Piero. An analytical solution of the point kinetics equations with time-variable reactivity by the decomposition method. **Progress in Nuclear Energy**, n. 8, v. 53, 2011, p. 1091–1094.
- SANTIAGO, G. F. **Simulação de escoamentos viscosos utilizando mapeamentos entre equações**. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2007. Disponível em: <<https://repositorio.ufscar.br/handle/ufscar/4687?show=full>>. Acesso em: 20 abr. 2022.
- TOMOCHI, Masaki.; KONO, Mitsu. A mathematical model for COVID-19 pandemic—SIIR model: Effects of asymptomatic individuals. **Journal of General Family Medicine**, v. 22, 2021, p. 5–14.
- TUMELERO, Fernanda.; PETERSEN, Claudio Zen.; GONÇALVES, Glênio.; SCHRAMM, Marcelo. Polynomial approach method to solve the neutron point kinetics equations with use of the analytic continuation. **Kerntechnik**, v. 81, 2016, p. 662–670.
- YANG, Hyun.; LOMBARDI, Luis Pedro.; CASTRO, Fabio.; YANG, Ariana. Mathematical modeling of the transmission of SARS-CoV-2—Evaluating the impact of isolation in São Paulo State (Brazil) and lockdown in Spain associated with protective measures on the epidemic of CoViD-19. **PLoS ONE**, v.16(6), 2021, e0252271.
- ZANDONÁ, Jaime.; SCHAUN, Natália.; PETERSEN, Claudio.; TUMELERO, Fernanda.; SCHRAMM, Marcelo. Solução das equações da cinética pontual de nêutrons via Método de Fator de Integração Implícito com fonte externa. **Brazilian Journal of Radiation Sciences**, n. 3, v. 8, 2020, p. 1-19.

ZWILLINGER, Daniel. **Handbook of Differential equations**. 3. ed. Academic Press: Boston, 1992.