

Modelo SIR com Taxa de Recrutamento em Todos os Compartimentos

Beatriz Aparecida Leopoldino da Silva¹

Evandro Estevão Marquesone²

Glaucia Maria Bressan³

Departamento de Matemática/UTFPR, Cornélio Procópio, PR

A epidemiologia fundamenta-se no raciocínio causal, isto é, busca a causa e os fatores que influenciam na ocorrência do processo saúde-doença, além das taxas ou riscos de doença em uma população, propondo medidas de prevenção, controle ou erradicação de doenças [2]. Devido a relevância deste assunto, vários pesquisadores começaram a desenvolver modelos matemáticos para modelar doenças infecciosas, a fim de contribuir para a compreensão e controle das mesmas [1].

Os modelos matemáticos mais utilizados para descrever o comportamento de doenças infecciosas são os do tipo compartimental, onde cada indivíduo de uma população é rotulado, conforme seu estado de saúde, em relação a uma doença e incluído em um dos compartimentos. Esses compartimentos são definidos de acordo com as características da doença estudada e são disjuntos, ou seja, a intersecção é um conjunto vazio e a soma dos compartimentos resulta na população total [6].

Para determinar o modelo a ser utilizado para cada tipo de doença, é necessário analisar as características da mesma. Por exemplo, o modelo do tipo SI (Suscetível-Infetado) é utilizado para doenças em que o indivíduo, uma vez infectado, não pode adquirir imunidade nem obter a cura da doença, permanecendo infectado até a sua morte, como é o caso da AIDS. Em contrapartida, o modelo do tipo SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado) é utilizado para doenças em que é possível que o indivíduo se recupere e fique imune, como a Rubéola, Sarampo, Catapora, entre outras.

Neste trabalho, será formulado um modelo matemático epidemiológico do tipo SIR, que considera uma taxa de recrutamento em cada um dos compartimentos. Cabe destacar que este tipo de procedimento não é comum em modelos matemáticos que descrevem a dinâmica de doenças infecciosas, pois, em geral, esse fluxo ocorre somente no compartimento dos Indivíduos Suscetíveis.

O sistema de equações diferenciais do modelo proposto é:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \phi_1 + \mu N - \alpha SI - (\theta + \mu + \gamma_1)S, \\ \frac{dI}{dt} = \phi_2 + \alpha SI - (\beta + \mu + \gamma_2)I, \\ \frac{dR}{dt} = \phi_3 + \theta S + \beta I - (\mu + \gamma_3)R. \end{cases} \quad (1)$$

O modelo (1) é inspirado na dinâmica de chegada e saída de imigrantes em uma determinada região. Os coeficientes $\phi's$ e $\gamma's$ são, respectivamente, as taxas com que os imigrantes de cada categoria entram e saem da região. Já os demais coeficientes são descritos como sendo: μ , taxa de natalidade e mortalidade natural; N , população total da região; α , taxa de infecção; θ , taxa de vacinação e β , taxa de remoção dos infecciosos. Este modelo foi estudado detalhadamente em [5].

¹beatrizsilva@alunos.utfpr.edu.br

²marquesone@utfpr.edu.br

³glauciabressan@utfpr.edu.br

Considerando a região $\Omega = \{(S, I, R) \mid S \geq 0, I \geq 0, R \geq 0\}$, de interesse biológico, foram determinados dois pontos de equilíbrio para o modelo (1): o primeiro ponto ocorre na ausência da doença e é chamado de equilíbrio trivial e o segundo, ocorre quando existe a doença e é chamado de equilíbrio endêmico. Os polinômios característicos da matriz Jacobiana, aplicada aos respectivos pontos, foram utilizados para demonstrar a estabilidade local e assintótica dos pontos de equilíbrio.

No estudo do modelo proposto, foi obtido o limiar R_g , o qual foi dado pela soma de R_0 e R_i , onde R_i está relacionado ao fato de ser considerada uma taxa de recrutamento no compartimento dos infectados. Dessa forma, para o caso em que $R_i = 0$, R_0 será o limiar de estudo para a estabilidade dos pontos de equilíbrio.

O limiar tem grande importância no estudo de modelos epidemiológicos, visto que, em seu sentido matemático, irá determinar a estabilidade local e assintótica dos pontos de equilíbrio do modelo: quando $R_g < 1$, a solução do modelo, para condições iniciais em um determinado intervalo, tende ao ponto de equilíbrio trivial e quando $R_g > 1$, a solução do modelo, para condições iniciais em um determinado intervalo, tende ao ponto de equilíbrio endêmico. No sentido biológico, o limiar irá determinar a existência ou não da doença em uma determinada região, ou seja, quando $R_g < 1$ a doença não avança e quando $R_g > 1$ a doença avança.

A análise de estabilidade dos pontos de equilíbrio do modelo foi feita considerando o limiar R_g para os casos em que $R_i = 0$ e $R_i \neq 0$ e foi verificada a partir de dois teoremas: o primeiro, com o objetivo de analisar o equilíbrio trivial e o segundo, para analisar o equilíbrio endêmico. Para as demonstrações desses teoremas, foram utilizados, respectivamente, os seguintes resultados: Teorema 1 e Critério de Routh-Hurwitz, disponíveis em [3], e [4], respectivamente. Após isso, foram realizadas simulações computacionais no *software* MATLAB com o objetivo de analisar o limiar R_g próximo de 1 e observar o comportamento do modelo, ou seja, analisar a convergência para os pontos de equilíbrio.

Um dos problemas encontrados, ao considerar $R_g = R_0 + R_i$ como limiar, foi em relação a possibilidade de se obter $R_g > 1$ para $R_i \neq 0$, que é quando o ponto de equilíbrio endêmico é localmente e assintoticamente estável, e $R_0 < 1$, que é quando o ponto de equilíbrio trivial tem sua estabilidade local e assintótica, ambos ao mesmo tempo, o que não pode ocorrer. Diante disso, será necessário realizar um estudo para analisar o que ocorre quando se tem essas duas condições sendo satisfeitas ao mesmo tempo, o que ficará como um trabalho futuro.

Referências

- [1] Almeida, P. R. de. Modelos epidêmicos SIR, contínuos e discretos, e estratégias de vacinação. Dissertação de Mestrado, UFV, 2014.
- [2] Eduardo, M. B. de P. *Vigilância Sanitária*. Fundação Peirópolis, São Paulo, 1998.
- [3] Leite, M. B. F., Bassanezi, R. C. and Yang, H. M. The basic reproduction ratio for a model of directly transmitted infectious considering the virus charge and the immunological response, *IMA - Journal of Mathematics Applied in Medicine and Biology*, 17:15-31, 2000. DOI:10.1093/imammb/17.1.15.
- [4] Ruggiero, M. A. G. and Lopes, V. L. R. *Cálculo Numérico: Aspectos Teóricos e Computacionais, 2a. edição*. Makron Books, São Paulo, 1996.
- [5] Silva, B. A. L. Modelo Matemático para Transmissão de Doenças em Região de Imigração, Trabalho de Conclusão de Curso, UTFPR, 2019.
- [6] Soares, A. L. O. Modelagem alternativa para sistemas epidemiológicos. Dissertação de Mestrado, UFABC, 2010.