

Trabalho de Conclusão de Curso  
Curso de Graduação em Física

Estudo do método Monte Carlo e sua aplicação no modelo SIR

João Gabriel Martin

Prof. Dr. Makoto Yoshida

Rio Claro (SP)

2011

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
Instituto de Geociências e Ciências Exatas  
Campus de Rio Claro

JOÃO GABRIEL MARTIN

Estudo do método Monte Carlo e sua aplicação no modelo  
SIR

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado ao Instituto de Geociências e  
Ciências Exatas - Campus de Rio Claro, da  
Universidade Estadual Paulista Júlio de  
Mesquita Filho, para obtenção do grau de  
Bacharel em Física.

Rio Claro - SP

2011

JOÃO GABRIEL MARTIN

Estudo do método Monte Carlo e sua aplicação no modelo  
SIR

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado ao Instituto de Geociências e  
Ciências Exatas - Campus de Rio Claro, da  
Universidade Estadual Paulista Júlio de  
Mesquita Filho, para obtenção do grau de  
Bacharel em Física.

Comissão Examinadora

---

Prof. Dr. Makoto Yoshida (orientador)

---

Profa. Dra. Alzira C. M. Stein-Barana

---

Prof. Tit. Roberto E. Lagos Monaco

Rio Claro, 11 de Novembro de 2011.

Assinatura do(a) aluno(a)

assinatura do(a) orientador(a)

Dedico a todos que direta ou indiretamente possibilitaram a realização  
deste trabalho.

## AGRADECIMENTOS

Para não quebrar o que é de praxe nos trabalhos por ai... AGRADEÇO PRIMEIRO A DEUS, POR TODAS AS EXPÊRIÊNCIAS VIVIDAS E QUE ME LEVARAM ATÉ A REALIZAÇÃO DESTE TRABALHO, DEPOIS AO MEU ORIENTADOR, QUE ME AJUDOU MUITO E ME DEU GRANDES CONSELHOS COM LONGAS DISCUSSÕES SOBRE O TRABALHO. Brincadeiras a parte eu gostaria de agradecer ao Makotão (orientador) pela grande ajuda na realização do trabalho e grandes conselhos, desejo a ele toda a sorte paz e felicidades nós anos que virão.

Pô vou sentir muita falta de todos na faculdade (obs: não das aulas, mas sim da turma), me lembro de quando entrei e pensava fortemente sobre como demoraria para o término chegar, hoje vejo que foi um período muito rápido. Fiz grandes amizades, amizades estas que vou guardar pelo resto da minha vida. Acho que nunca dei tantas risadas na minha vida como nas conversas e piadas após as aulas (geralmente o grupo era composto por Alexandre, Piroca, Kauê e eu), galerinha vou lembrar-me de vocês para sempre.

Gostaria de aproveitar está oportunidade e agradecer pessoas que mesmo não tendo uma relação direta com a faculdade me ajudaram a realizar o dito cujo trabalho, entre elas gostaria de dar um destaque especial para Juliano, pelas suas grandes piadas e por ser o único cara que eu conheço que fala “falo” ao invés de p...., gostaria ainda de agradecer a Josi uma grande amiga e que sempre está lá quando precisamos dela (apesar de as vezes ser muito brava), desejo aos dois felicidades (são um casalzinho lindo) e em especial para a (ainda não tem nome, nem sexo), meu (ou minha) futuro(a) sobrinho(a) que tenha uma vida cheia de amor e realizações pessoais.

Por ultimo e não menos importante gostaria de agradecer a minha família (Vó, Vô, Mãe, Gui) e a Ana as pessoas mais importantes para mim, as amo muito e estou manifestando isto aqui com todos vocês, espero encher a vida deles de tanto amor quanto eles enchem a minha.

Para finalizar Ana, aceita casar comigo?

## RESUMO

Neste trabalho apresentamos uma discussão e os resultados obtidos da simulação de disseminação de doenças utilizando o método de Monte Carlo. O modelo de disseminação é o modelo SIR Epidêmico e apresenta como principal característica a evolução da doença entre indivíduos da população subdivididos em três grupos: os susceptíveis (S), infectados (I) e recuperados (R). A técnica utilizada está baseada na introdução de probabilidades de transição  $S \rightarrow I$  e  $I \rightarrow R$  para fazer propagar a doença, sendo elas governadas por uma distribuição de Poisson. A simulação da disseminação das doenças baseou-se no método randômico introduzido, levando em conta dois parâmetros básicos do modelo: o poder de infecção e tempo médio da doença. Considerando valores apropriados desses parâmetros, os resultados obtidos são apresentados graficamente e a análise destes resultados fornece informações de como um grupo de indivíduos reage às mudanças destes parâmetros e quais as chances de uma doença transformar-se em uma pandemia.

Palavras Chave: Epidemias, Modelo SIR, Monte Carlo, Rede de Números Aleatórios.

## **Abstract**

In this work we present a discussion and the results of the simulation of disease spread using the Monte Carlo method. The dissemination model is the SIR model and presents as main characteristic the disease evolution among individuals of the population subdivided into three groups: susceptible (S), infected (I) and recovered (R). The technique used is based on the introduction of transition probabilities  $S \rightarrow I$  and  $I \rightarrow R$  to do the spread of the disease, they are governed by a Poisson distribution. The simulation of the spread of disease was based on the randomness introduced, taking into account two basic parameters of the model, the power of infection and average time of the disease. Considering appropriate values of these parameters, the results are presented graphically and analysis of these results gives information on a group of individuals react to the changes of these parameters and what are the chances of a disease becoming a pandemic.

Keywords: Epidemics, SIR model, Monte Carlo, Random Social Network.

## Lista de Ilustrações

Figura 1: Principais epidemias do ultimo século.....	12
Figura 2: Exemplo do uso de modelo epidemiológico.....	15
Figura 3: Sistema SIR mais complexo possível.....	18
Fígura 4: Fluxograma representando o algoritmo de Metropolis.....	23
Gráfico 1: Comparação entre os dois métodos (numérico e randômico).....	33
Gráfico 2: Variação do número de indivíduos susceptíveis para diferentes valores de $r_0$ .....	35
Gráfico 3: Representa a variação no tempo dos indivíduos doentes para distintos $r_0$ .....	35
Gráfico 4: Representa a curva dos recuperados para diferentes valores de $r_0$ .....	36
Gráfico 5: Curva dos susceptíveis em função do tempo para valores de $r_0$ , mantendo $\gamma$ constante e variando $\lambda$ .....	37
Gráfico 6: Representa a evolução do número de doentes em função do tempo para diferentes $r_0$ , mantendo $\gamma$ constante e variando $\lambda$ .....	38
Gráfico 7: Mostra como o número de recuperados varia com o tempo para diferentes valores de $r_0$ , mantendo $\gamma$ constante e variando $\lambda$ .....	39
Gráfico 8: Representa a evolução do número de susceptíveis em função do tempo para diferentes $r_0$ , mantendo $\gamma$ constante e variando $\lambda$ .....	40
Gráfico 9: Representa a evolução do número de doentes em função do tempo para diferentes $r_0$ , mantendo $\gamma$ constante e variando $\lambda$ .....	41
Gráfico 10: Representa a evolução do número de recuperados em função do tempo para diferentes $r_0$ , mantendo $\gamma$ constante e variando $\lambda$ .....	42

## Lista de Tabelas

Tabela 1: Estimativas de $r_0$ para alguns casos de epidemias.....	20
Tabela 2: Parâmetros utilizados para construção dos gráficos (2-4).....	34
Tabela 3: Valores de $r_0$ e $\lambda$ utilizados para a construção dos gráficos (5-7).....	37
Tabela 4: Valores de $r_0$ e $\gamma$ utilizados para a construção dos gráficos (8-10).....	40

## SÚMARIO

1. INTRODUÇÃO.....	10
2. MODELAGEM MATEMÁTICA.....	14
2.1. Modelo SIR.....	17
2.1.1. Modelo SIR Epidêmico.....	19
2.1.2. Modelo SIR Endêmico.....	20
3. MONTE CARLO.....	22
3.1. Método de Monte Carlo e o princípio de Markov.....	24
3.1.1. Caso de Níveis Microscópicos.....	25
3.1.2. Caso de Níveis Mesoscópicos.....	27
3.2. Monte Carlo aplicado ao Modelo SIR.....	29
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	33
4.1. Avaliação do método empregado.....	33
4.2. Caracterização do perigo pandêmico através de $r_0$ .....	34
4.3. O parâmetro $\lambda$ (Lambda).....	37
4.4. O parâmetro $\gamma$ (Gama).....	40
5. CONCLUSÃO.....	43
SUGESTÃO PARA TRABALHOS FUTUROS.....	43
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	44

## 1. Introdução

A epidemiologia pode ser considerada como a ciência que estuda a distribuição e implicações das doenças, como morte, impacto social e financeiro, relacionados com a saúde da população como um todo (LAST, 1986). Já a epidemia caracteriza-se pela incidência em um curto espaço de tempo de um grande número de casos de uma doença, altamente transmissível em uma determinada área geográfica ou grupo populacional (CRUZ, 2011).

As grandes epidemias da história foram ocasionadas por gripes, que podem ser caracterizadas como uma doença aguda e infecciosa causada por vírus. As mais recorrentes são as conhecidas como influenzas. O primeiro relato da ocorrência de uma epidemia deve-se a Hipócrates (2000 anos a.C.), onde ele registrou que fatores ambientais eram agentes que interferiam na ocorrência de doenças (CRUZ, 2011). A epidemia relatada por Hipócrates foi uma epidemia gripal (GOULART, 2003). Existem relatos na história de grandes epidemias gripais, como a ocorrida na Europa em 1510, onde foram raros os países europeus que não sentiram seus efeitos (GOULART, 2003). No Brasil o primeiro relato de casos de gripe é de 1552, e estes ocorreram no estado de Pernambuco. Porém, a primeira epidemia ocorreu no Rio de Janeiro em 1559, ocasionando a morte de vários escravos (FILHO, 1991). O primeiro trabalho na história a levar em conta de forma ampla, em grande escala, a distribuição de uma doença em certos grupos específicos da sociedade surgiu apenas no século XIX, tendo como autor John Snow e no qual se estudava a epidemia de cólera na Inglaterra (CRUZ, 2011).

A mais devastadora e famosa das epidemias ocorreu em 1918 e ficou conhecida como gripe espanhola, ou gripe de 1918, segundo Cox & Subbarao (2000). Ela matou aproximadamente 50 milhões de pessoas pelo mundo (GOULART, 2003). No Brasil a gripe espanhola chegou em meados de setembro de 1918 através de um navio chamado La Plata, navio este que levava médicos brasileiros para o continente africano, onde iriam trabalhar no combate de doenças comuns naquele continente (GOULART, 2003). Ao desembarcar no porto de Dakar em Senegal, o navio teve contato com a doença e no regresso, seus tripulantes trouxeram-na para o Brasil.

Recentemente tivemos grandes epidemias gripais como a provocada pelo vírus H1N1, que se espalhou por todos os continentes com cerca de 77 mil casos confirmados e 330 mortes registrados em 2009 (ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE, 2011). Outra importante epidemia foi a chamada gripe aviária que apareceu principalmente na Ásia, e teve uma taxa de mortalidade incrivelmente alta, em torno de 58.5% (ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE, 2011).

De acordo com o Instituto Oswaldo Cruz (2011), ocorrem anualmente cerca de 600 milhões de casos de influenza, acometendo com a frequência de duas ou três vezes uma mesma pessoa. Ela possui uma taxa de mortalidade que varia em torno de dois a cinco por cento e atinge o seu auge em um período de aproximadamente 2 a 3 meses. Em seguida tem uma regressão vagarosa e gradativa (INSTITUTO OSWALDO CRUZ, 2011).

A figura 1, mostra as principais epidemias ocorridas no século XX e início do século XXI, assim como os vírus associados a elas.

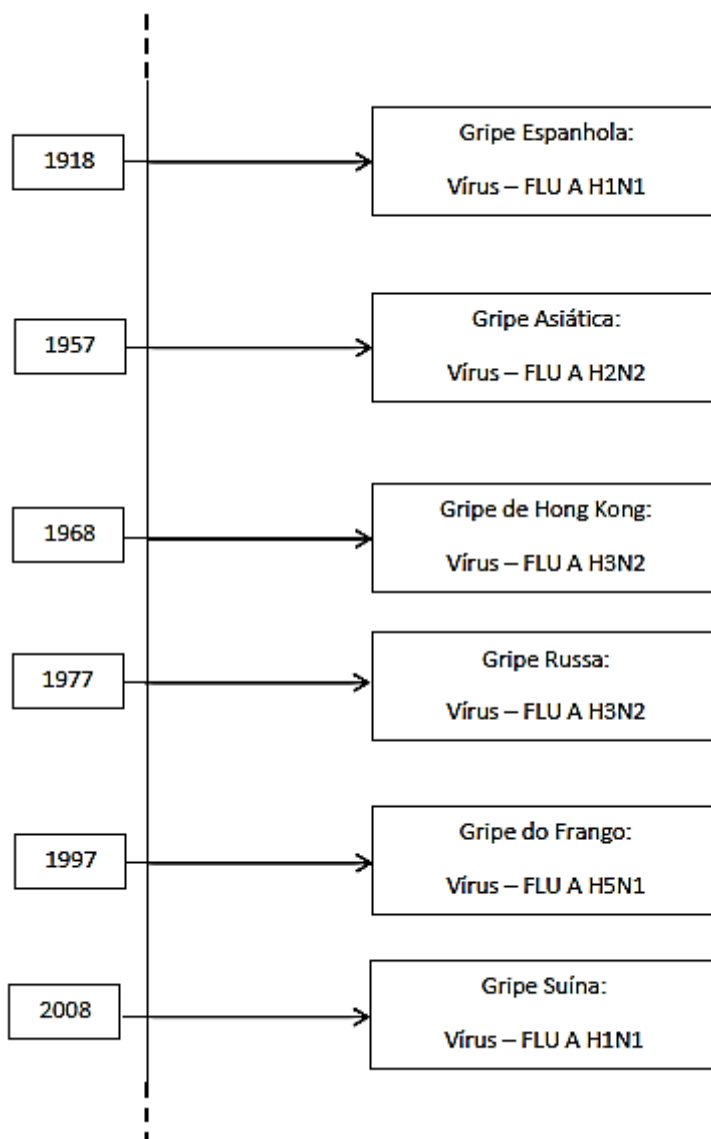


Figura 1: Principais epidemias do ultimo século.

Com as recorrentes epidemias e principalmente após o trabalho de John Snow, observou-se que os estudos epidemiológicos devem ser realizados de forma generalizada, levando em conta aspectos biológicos, físicos, químicos, sociais e políticos. Assim surgiu a necessidade de conhecer e modelar a disseminação de epidemias, o que gerou um novo ramo da pesquisa conhecido como Epidemiologia Matemática (DIEKMANN, 2000), que estuda de forma quantitativa a distribuição dos fenômenos de saúde e doenças, e avalia a eficácia de intervenções em saúde pública (CLANCY, 1999).

Atualmente os modelos de disseminação de doenças são divididos em duas categorias. Na primeira são colocados os modelos Epidêmicos, ou seja, modelos que descrevem surtos rápidos, geralmente com duração inferior a um ano, para este

modelo pode-se citar como exemplo a gripe espanhola que teve uma duração de alguns meses e foi erradicada. Já na segunda, são levados em conta os Endêmicos, modelos utilizados para descrever doenças que agem por um longo período sobre a população, como a catapora, doença que existe a muitos anos. Nos modelos endêmicos geralmente aparece a renovação de susceptíveis à doença devido ao nascimento de novos indivíduos.

A principal contribuição deste trabalho é estudar e testar o modelo SIR investigando a relação entre disseminação de doenças e parâmetros previamente estabelecidos no modelo. Através do binômio, disseminação-parâmetros, analisa-se a possibilidade de uma doença apresentar ou não um potencial pandêmico. Para isso, são necessários:

- O estudo e aprendizagem do método conhecido como Monte Carlo, incluindo a aplicação do método em um problema dinâmico.
- Estudo e compressão de modelos matemáticos com ênfase aos modelos de disseminação de doenças.
- Estudo de processos estocásticos visando compreender a sua importância e a sua grande aplicabilidade.

## 2. Modelagem Matemática

Modelos matemáticos são propostos com o objetivo de se tentar descrever e reproduzir através de equações o comportamento de um sistema. Assim, ferramentas matemáticas e equações podem ser adaptadas para a área do conhecimento de interesse, no caso da epidemiologia, possibilitando que se obtenham informações qualitativas e quantitativas da evolução de uma epidemia. Os resultados obtidos são importantíssimos e podem ser utilizados no combate e prevenção de uma doença. Além disso, podem ser utilizados na análise da evolução de uma doença ou mesmo para a previsão de comportamento inesperado e indesejado de uma epidemia. É fundamental que os modelos levem em consideração as interações entre indivíduos, populações e ambiente (CRUZ, 2011).

Segundo Chubb & Jacobsen (2010), os modelos utilizados para epidemias nos dias atuais têm como principal objetivo avaliar como os indivíduos de uma população interagem com as epidemias. É importante ressaltar que os modelos que descrevem as epidemias devem conter e obedecer a regras de difusão bem estabelecidas, regras que dependem exclusivamente da doença, permitindo resultados para as diferentes epidemias e, portanto possibilitar o preparo de estratégias eficazes para o combate de epidemias na população.

Os principais enfoques dos modelos matemáticos são os processos de infecção e imunização e uma vez estudados os parâmetros de uma epidemia, como tempo médio de infecção de indivíduo, probabilidade de infecção, taxa de mortalidade, torna-se possível fazer previsões e até mesmo encontrar uma forma de combate eficaz. Devido a estes fatos o estudo de modelagem epidemiológica tem crescido cada vez mais e contribuído para as ciências da saúde de forma geral, bem como para as áreas de biologia, bioinformática, medicina, políticas públicas entre outras (TEMIME; HEJBLUM; SETBON e VALLERON, 2007).

Entretanto, a criação destes modelos não é fácil, muitos fatores influenciam o modo como a doença se espalha, na figura 2, observamos diversos fatores que devem ser levados em conta para a criação de um bom modelo.

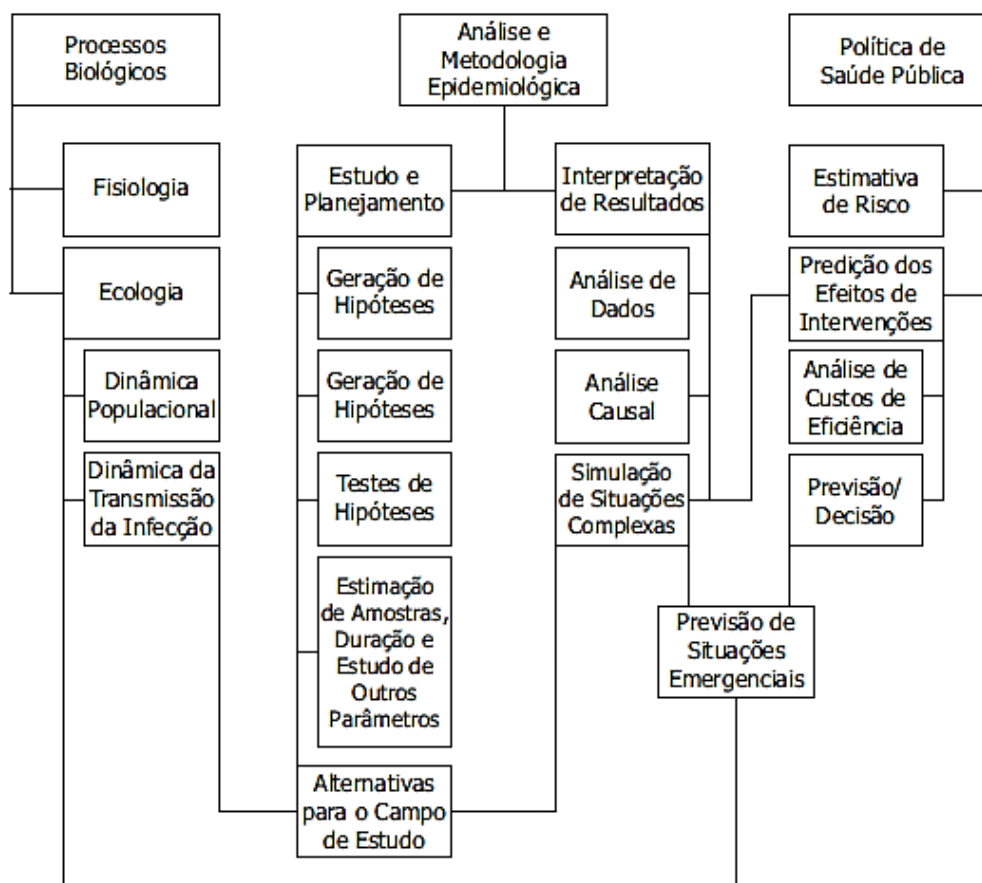


Figura 2: Exemplo do uso de modelo epidemiológico. (CRUZ, 2011)

Hoje existem vários modelos matemáticos para proliferação de doença, e a escolha de um modelo deve ser feita levando em conta o tipo de epidemia ou doença a se estudar (BOTARI, 2009). Como exemplos de modelos podemos citar IBM, MSEIR, SIRS, SEIR, SIS, SI entre outros. Nos modelos acima as siglas significam

- IBM: Individual Based Model, ou Modelo Baseado no Indivíduo ou Agente. Este modelo se baseia na relação do indivíduo com a sociedade e tentar descrever o comportamento de uma doença através dos contatos que o indivíduo doente possa ter com os seus conhecidos (CRUZ, 2011).
- SEIR: Susceptible individuals, latent individuals, infectious individuals, recovered individuals. Este modelo se baseia na divisão da população em quatro grupos, no primeiro os susceptíveis a adquirir a doença, no segundo os indivíduos que possuem a doença, mas ainda no estágio de latência, no terceiro os que possuem a doença no estado aparente

(infectados), e no quarto os que já se recuperaram da doença e não podem mais adquiri-la (LI e YU, 2006).

- MSEIR: individual passively immune, Susceptible individuals, latent individuals, infectious individuals, recovered individuals. No modelo existe a divisão da população em 5 grupos, onde o primeiro é dos indivíduos passivamente imunes, ou seja nunca pegaram a doença e nem tomaram a vacina mas por alguma característica passiva eles jamais terão a doença. Os outros grupos são idênticos aos grupos pertencentes ao modelo SEIR (INABA, 2007).

- SIR: Susceptible individuals, infectious individuals, recovered individuals. Prega a divisão da população em três grupos distintos: No primeiro os susceptíveis a adquirir a doença, no segundo os que possuem a doença (infectados), e no terceiro os que já se recuperaram da doença e não podem mais adquiri-la (KERMACK e MCKENDRICK, 1927).

- SIRS: Susceptible individuals, infectious individuals, recovered individuals, susceptible individuals. De forma análoga à anterior, o modelo divide a população em três grupos: No primeiro os susceptíveis a adquirir a doença, no segundo os que possuem a doença (infectados), e no terceiro os que já se recuperaram da doença. Há, porém uma diferença os indivíduos agora podem ou não voltar a pegar a doença e caso eles voltem a ficar imunes são recolocados no primeiro grupo (SOUZA e TOMÉ, 2010).

- SIS: Susceptible individuals, infectious individuals, Susceptible individuals. Nesse tipo de modelo existe a divisão da população em dois grupos apenas: No primeiro os susceptíveis a adquirir a doença, no segundo os que possuem a doença (infectados). Quando os indivíduos se recuperam da doença eles automaticamente voltam para o primeiro grupo (BAILEY, 1975).

## **2.1. Modelo SIR**

Um passo importante para a descrição evolutiva de uma doença é escolher de forma adequada o modelo a ser utilizado. O modelo depende fundamentalmente da doença, visto que cada uma possui suas regras próprias de transmissão e seu período de incubação entre outros aspectos (BOTARI, 2009).

Neste trabalho estudamos o modelo conhecido como SIR, ele é um modelo muito utilizado para descrever doenças que possuem como forma de transmissão de contato viral, como sarampo e rubéola. Neste tipo de doença o indivíduo susceptível é infectado pelo vírus, permanece doente por um tempo e em seguida ele se recupera não podendo mais adoecer com a mesma doença. O modelo possui diversas aplicações e pode-se encontrar na literatura muitos trabalhos, como o de Rizzo et al (2011) onde foi estudada a dinâmica de transmissão da epidemia conhecida como Gripe Espanhola ocorrida em Florença na Itália. Neste trabalho foi reproduzido o cenário que ocorreu em Florença entre os anos de 1918 e 1919 devido à gripe espanhola, mostrando-se assim a validade do modelo SIR.

Já no trabalho de Zamanet al (2009), estuda-se de que forma o sistema (um grupo fechado de pessoas, onde não ocorre morte ou nascimento) reage com a introdução de um tempo de espera (“delay”), tempo em que a pessoa fica com a doença, mostrando que com este tempo pode-se otimizar a simulação e melhorar a estimativa teórica para algumas doenças específicas. Zamanet al (2008) estuda ainda como o sistema reage quando se introduz uma vacinação constante no sistema. Neste trabalho ele mostra quais são as condições para que o sistema seja considerado estável. Ele mostra também como o processo de vacinação pode interferir nesta relação de estabilidade.

Korobeinikov (2006) verificou como reage uma população que tem como característica a sua constância a uma taxa de infecção não linear. Ele mostrou que para este tipo de situação o modelo SIR exhibe estados de equilíbrio assintoticamente estáveis e assim avaliou a dependência dos parâmetros da doença, onde os parâmetros são tempo médio de infecção e taxa de transmissão da doença. Ela pode convergir e não se tornar uma epidemia ou pode ainda dependendo dos parâmetros, não convergir e se tornar uma epidemia em potencial caso não haja controle externo.

Finalmente outra importante utilização do modelo SIR, que foi amplamente estudado nos anos noventa, foi o estudo da propagação dinâmica de doenças sexualmente transmissíveis (GALLOP, 1999).

Na figura 3, podemos observar o fluxograma do modelo SIR mais geral, onde é levado em conta, todas as variáveis do modelo como morte, nascimento, vacinação entre outros.

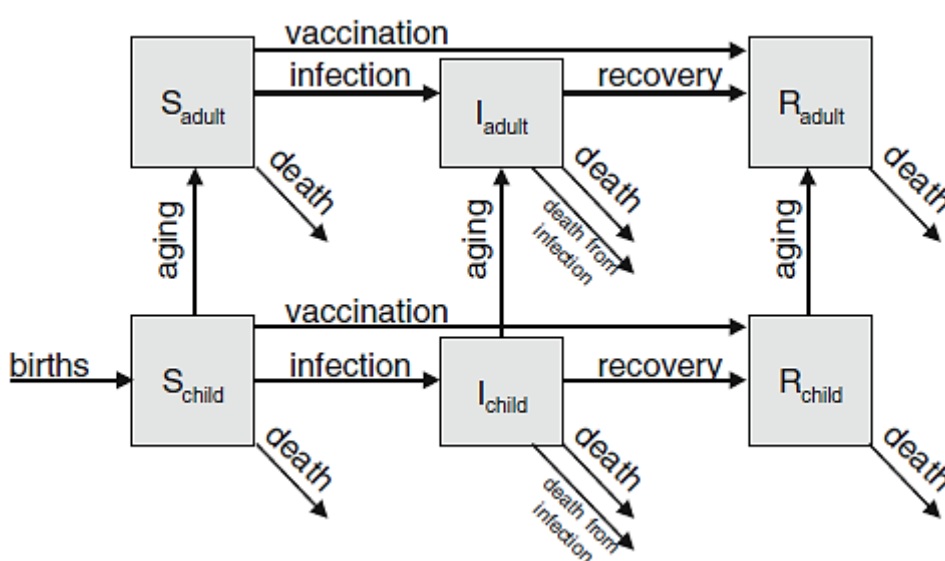


Figura 3: Sistema SIR mais complexo possível (CHUBB e JACOBSEN, 2010).

Buscando entender e estudar mais a dinâmica de proliferação das doenças com padrão viral, como as doenças citadas acima, o trabalho apresentado tratará o modelo SIR Epidêmico, aquele em que a população não varia. Neste modelo ocorre a divisão em três grupos de personagens.

**S:** Susceptíveis. Neste grupo estão as pessoas saudáveis, mas que estão pré-dispostas a adquirir a doença através de contato com as pessoas doentes.

**I:** Infectados. As pessoas que no intervalo de tempo  $t$  considerado, estão doentes e podem transmitir a doença para o grupo dos susceptíveis, através de contato.

R: Recuperados. No ultimo grupo são colocadas as pessoas que se curaram da doença ou recebem vacina e não podem mais adquiri-la, pois se tornaram imunes.

### 2.1.1. Modelo SIR Epidêmico

Neste modelo não há variação da população, ou seja, a soma entre os susceptíveis, infectados e recuperados é uma constante denominada como N no presente trabalho. O modelo impõe que a taxa de nascimento e de morte são estritamente as mesmas e, que todas as pessoas que morrem estavam no grupo dos susceptíveis e os que nascem são susceptíveis.

Sendo assim, o modelo SIR epidêmico é descrito através das equações

$$\frac{dS}{dt} = \frac{-\lambda SI}{N}, \quad S(0) = S_0 \geq 0 \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\lambda SI}{N} - \gamma I, \quad I(0) = I_0 \geq 0 \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I, \quad R(0) = R_0 \geq 0 \quad (3)$$

onde:

- $\lambda = c\beta$
- $\lambda \equiv$  chamado de poder de infecção, e se dá através do produto entre o número de contatos e a probabilidade de ocorrência.
- $\gamma \equiv$  taxa de recuperados, ou seja, imunizados. Podemos ainda interpretar  $(1/\gamma)$  como o tempo médio da doença nos indivíduos do sistema.
- $t \equiv$  tempo (em unidade de medida para taxa de mudança de S, I e R).
- $\beta \equiv$  probabilidade de se adquirir a doença após um contato com uma pessoa doente.
- $c \equiv$  número médio de contatos por unidade de tempo.

O problema mais fundamental quando se propõe a modelagem de uma doença, é saber se ela tem potencial epidemiológico para se tornar um problema social. Um grande número de pessoas que adoecem simultaneamente pode gerar

problemas em todas as esferas de organização social. Este potencial é medido através de uma nova variável conhecida como  $r_0$ . Para o caso do SIR Epidêmico,  $r_0$  é definido como:

$$r_0 = \frac{c\beta}{\gamma} = \frac{\lambda}{\gamma} \quad (4).$$

Consideramos  $r_0$  como um valor escalar para a equação (1) (GALLOP, 1999), e sendo muito importante, será discutido mais adiante juntamente com a discussão dos resultados.

Doença	Localização Geográfica	Período	$r_0$
Sarampo	Reino Unido	1950-68	16-18
	Ontário, Canadá	1913-13	11-12
Rubéola	Reino Unido	1960-70	6-7
	Polônia	1970-7	11-12
	Gâmbia	1976	15-16
Poliomielite	Estados Unidos	1955	5-6
	Holanda	1960	6-7
HIV (Tipo I)	Reino Unido (Homossexuais masculinos)	1981-5	2-5
	Nairobi, Kênia (Prostitutas)	1981-5	11-12
	Kampala, Uganda (Heterossexuais)	1985-7	10-11

Tabela 1: Estimativas de  $r_0$  para alguns casos de epidemias (ALVARENGA, 2008).

### 2.1.2. Modelo SIR Endêmico

Neste modelo ocorre a variação de população, ou seja, as taxas de morte e nascimento são diferentes. No sistema, as pessoas que nascem são susceptíveis e os indivíduos que sofrem óbito pode estar localizado em qualquer um dos três estados, S, I ou R.

Seguindo as condições impostas acima, pode-se escrever um sistema de equações que descreve tal dinâmica. Estas equações são conhecidas como Equações do Modelo SIR com variação populacional e são dadas por:

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - \frac{\lambda IS}{N}, \quad S(0) = S_0 \geq 0 \quad (5)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\lambda IS}{N} - \gamma I - \mu I, \quad I(0) = I_0 \geq 0 \quad (6)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R, \quad R(0) = R_0 \geq 0 \quad (7)$$

onde o novo parâmetro “ $\mu$ ” representa a taxa de nascimento/morte da população.

Para este sistema o valor de  $r_0$  é definido como

$$r_0 = \frac{c\beta}{\gamma + \mu} = \frac{\lambda}{\gamma + \mu} \quad (8).$$

### 3. Monte Carlo

Com o objetivo de controlar os parâmetros e simular a difusão de uma doença, usamos o método conhecido como Monte Carlo, para assim simular numericamente o processo de difusão através de um método não determinístico. O método de Monte Carlo é um método numérico, que utiliza sequência de números aleatórios visando o controle de um sistema específico (CAGNIN, 2010).

O método Monte Carlo pode ser aplicado a inúmeros sistemas físicos diferentes, e com ele podemos estudar e caracterizar as propriedades de interação de um sistema físico com os seus componentes, tais como o comportamento de materiais magnéticos, ligas metálicas, superfícies absorventes, polímeros, fluidos em geral entre outros (LANDAU & BINDER, 2005) e no caso deste trabalho, o estudo dinâmico para disseminação de doenças. Ele é na realidade utilizado em diversos ramos da ciência, e não apenas na física, o método pode ser utilizado tanto em problemas que tradicionalmente são tratados como determinístico quanto nos modelos de natureza estocástica (Cagnin 2010). Este método tem uma característica aleatória intrínseca e daí vem à origem de seu nome, pois Monte Carlo é uma cidade pertencente a Mônaco, mundialmente conhecida como a capital mundial dos jogos de azar.

O método é geralmente utilizado para a resolução de problemas onde existem muitos graus de liberdade ou para problemas que possuam acoplamento mútuo entre os integrantes. Se o sistema é descrito por um grande número de equações para descrevê-lo, a solução analítica é praticamente impossível, sendo necessário aplicar métodos numéricos como Monte Carlo, por exemplo (CAGNIN, 2010).

O algoritmo de Metropolis é provavelmente o mais conhecido entre todos os métodos de Monte Carlo. Ele é explorado principalmente por tornar muito simples as visitas aos estados acessíveis de um sistema em equilíbrio térmico com um banho térmico, não havendo a necessidade de se levar em conta a enorme quantidade de estados possíveis de um sistema físico (CAGNIN, 2010).

Na figura abaixo (figura 4), podemos observar o fluxograma representando o algoritmo de Metropolis.

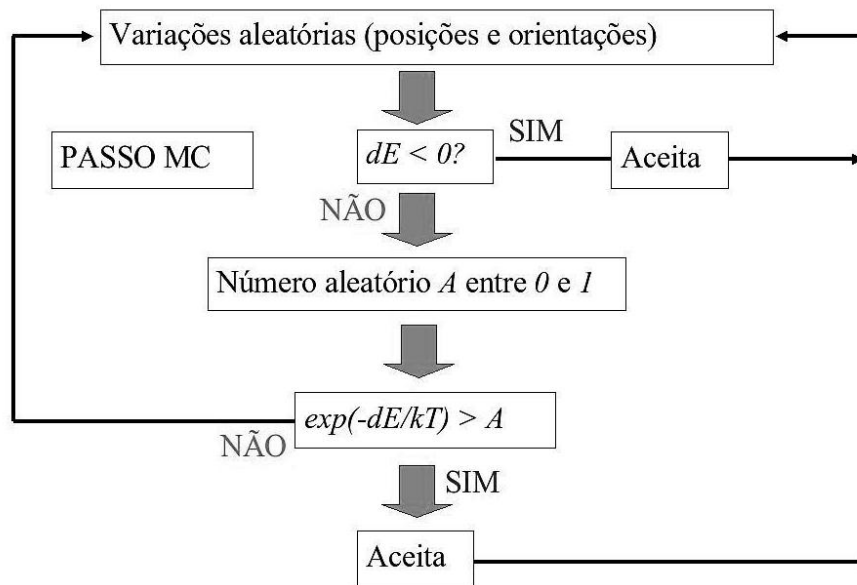


Figura 4: Fluxograma representando o algoritmo de Metropolis.

Para casos específicos de sistemas canônicos em equilíbrio térmico, com as energias dos estados dadas por um espectro discreto  $\{E_1, E_2, \dots, E_n\}$ , a probabilidade  $p_i$  de se acessar um estado de energia  $E_i$  é dada pelo fator de Boltzmann,

$$p_i = \frac{1}{Z} e^{\frac{-E_i}{k_B T}}, \quad (9)$$

onde:

- $T \equiv$  Valor absoluto da Temperatura.
- $K_B \equiv$  Constante de Boltzmann.
- $E_i \equiv$  Energia no estado  $i$ .

A quantidade  $Z$  é denominada função de partição do sistema e dada por

$$Z = \sum_i e^{-E_i/kT}.$$

Com este procedimento, deseja-se assegurar que cada estado seja representado pela sua respectiva importância, permitindo que as quantidades termodinâmicas de interesse possam ser calculadas com sucesso. O algoritmo de Metropolis foi utilizado como base para a realização deste trabalho, através dele montamos um algoritmo que pudesse tornar o modelo SIR estocástico, para isto nos focamos basicamente na parte em que o algoritmo de Metropolis nos diz sobre a probabilidade do evento apresentar sucesso ou a falha na sua execução.

### 3.1. *Método de Monte Carlo e o principio de Markov.*

Para problemas envolvendo a dinâmica de Monte Carlo, a análise e a introdução do método Monte Carlo devem ser efetuadas em duas etapas, ambas importantes e que serão apresentadas neste tópico. Na primeira etapa, o método Monte Carlo e sua análise, considerando a evolução temporal de um sistema, serão apresentadas através de seus níveis microscópicos, e na segunda etapa, algumas aproximações serão adotadas e o método será aplicado para estudar um sistema a nível mesoscópico .

Considerando  $p_i(i,t)$  como a probabilidade de se encontrar o sistema no estado  $i$  em um instante de tempo  $t$ , e  $\omega(i \rightarrow j)$  como sendo a probabilidade de transição por unidade de tempo para que o sistema mude do estado microscópico  $i$  para o  $j$  em um intervalo de tempo  $\Delta t$ , através do principio Markoviano, pode-se escrever a probabilidade no instante  $t + \Delta t$  como sendo

$$p(i, t + \Delta t) = p(i, t) + \left[ \sum_j p(j, t) \cdot \omega(i \rightarrow j) - \sum_j p(i, t) \cdot \omega(j \rightarrow i) \right] \cdot \Delta t \quad (10).$$

Agora analisando a equação (10), para o caso onde  $\Delta t \rightarrow 0$ , segundo a equação do principio Markoviano, e segundo o procedimento descrito por Aièllo et al. (2000), pode-se escrever a equação como

$$\frac{dp(i, t)}{dt} = \sum_{j \neq i} \omega(i \rightarrow j) \cdot p(j, t) - \Omega_i(t) \cdot p(i, t), \quad (11)$$

onde

$$\Omega_i(t) = \sum_j \omega(j \rightarrow i). \quad (12).$$

A partir deste ponto, o problema pode ser tratado em duas etapas: na primeira considera-se o caso envolvendo níveis microscópicos e na segunda a sua aplicação para um caso a nível mesoscópico.

### 3.1.1. Caso de níveis microscópicos

Se for considerado que em um instante particular  $t$  o sistema está exclusivamente no estado  $i$ , pode-se adotar um tratamento estocástico para a evolução do sistema, se duas questões forem respondidas. São elas

- Qual é a probabilidade do sistema permanecer no mesmo estado  $i$  em um intervalo de tempo  $\Delta t$ , antes de mudar para outro estado  $k$  qualquer.
- Como escolher o próximo estado permitido a partir do estado  $k$ .

Para responder as duas questões, é necessário introduzir o conceito de tempo de espera, e para tal introduz-se a distribuição de Poisson, definida por

$$p(x, t) = (r \cdot t)^x \cdot \frac{e^{-r \cdot t}}{x!}, \quad (13)$$

onde:

- $x \equiv$  número de eventos que ocorre em um intervalo de tempo  $\Delta t$
- $r \equiv$  é a taxa de eventos possíveis (número de eventos por intervalo de tempo  $\Delta t$ ).

Pode ser facilmente observado que a probabilidade de não ocorrer um evento antes do instante  $t$ , é dada por

$$p(x = 0, t) = e^{-r \cdot t}, \quad (14)$$

e portanto, a probabilidade de acontecer o primeiro evento, denominada  $Q$ , é dada por 1 (probabilidade total) menos a probabilidade de não ocorrer evento.

$$Q = 1 - e^{-r \cdot t}, \quad (15).$$

O valor da densidade de probabilidade pode ser encontrado tomando a equação (15) e a sua derivada no instante  $t$ . Agora, pode-se definir uma nova equação, a da densidade de probabilidade  $f_w$ , de tempo de espera entre dois eventos sucessivos, como sendo

$$f_w = \frac{dQ}{dt}, \quad (16).$$

Ainda considerando que em um instante  $t$ , todo sistema esteja no estado denominado  $i$ , podemos escrever uma probabilidade  $q_i(t+\tau|t)$ , sendo esta probabilidade considerada como as chances do sistema permanecer no estado  $i$  após um intervalo de tempo  $\tau$ . Introduzindo esta probabilidade na equação (11), juntamente com a consideração feita acima, temos:

$$\frac{\partial q_i(t + \tau|t)}{\partial t} = -\Omega_i(t + \tau) \cdot q_i(t + \tau|t). \quad (17)$$

Sabemos que a probabilidade do sistema estar no estado  $i$  no instante  $t$  é dado por 1 (probabilidade total), sendo esta a condição inicial aplicada ao problema. Assim,

$$q_i(t|t) = 1 \text{ se } \tau = 0. \quad (18)$$

Resolvendo a equação (17) com a consideração feita na equação (18), chegamos à expressão.

$$q_i(t + \tau|t) = \exp \left[ - \int_t^{t+\tau} dt' \cdot \Omega_i(t') \right] \quad (19)$$

que combinando com a equação (17) fornece,

$$\rho_i(t + \tau|t) = \Omega_i(t + \tau) \cdot \exp \left[ - \int_t^{t+\tau} dt' \cdot \Omega_i(t') \right], \quad (20)$$

onde,  $\rho_i(t + \tau|t) = \frac{\partial q_i(t+\tau|t)}{\partial t}$ .

Supondo que  $\Omega_i$  não dependa do tempo, ou seja, supondo que esta passagem do estado  $i$  para outro  $j$  não depende do instante de tempo específico, mas sim de um intervalo de tempo  $\Delta t$ , podemos resolver a equação (20) como

$$\rho_i(t + \tau|t) = \Omega_i e^{(-\Omega_i \tau)}, \quad (21).$$

O método empregado até o momento é geral e muito interessante. Entretanto, a aplicação direta das equações acima, sobretudo a equação (21), torna-se complexa já que requer uma descrição detalhada de todas as probabilidades de transição  $\{\omega(j \rightarrow i)\}$  envolvendo os estados microscópicos  $i$  para a obtenção da

função  $\Omega_i$ , e assim construir um arranjo adequado para a evolução temporal dos acontecimentos. Tratando-se de um sistema microscópico, o número de estados acessíveis forma um espectro imenso e praticamente impossível de ser totalmente especificado, tornando muito difícil o cálculo de  $\Omega_i$ . Entretanto o método pode ser aplicado para investigar sistemas simples, como alguns modelos de Ising (PRADOS et. al., 1997), por serem de fácil descrição. Assim, para problemas com muitos estados e com probabilidade de transição  $\{\omega(j \rightarrow i)\}$  de difícil solução, temos a alternativa de tratar o problema como sendo um sistema mesoscópico, como veremos a seguir.

### **3.1.2. Caso de níveis mesoscópicos**

Para a aplicação do método apresentado para sistemas descritos em escala mesoscópica, precisamos fazer três considerações:

- A probabilidade de transição entre os eventos sucessivos, designados para um dado problema, deve se basear em uma dinâmica hierárquica, ou seja, um estado é construído a partir do seu anterior.
- O tempo entre a ocorrência de dois eventos é dado a partir de uma distribuição de probabilidade bem definida, e jamais pode violar esta distribuição.
- Cada evento que ocorre tem sua independência garantida.

Analisando as três condições acima, vemos que a primeira e a terceira condição nos fala sobre a construção do próximo evento, enquanto a segunda condição imposta analisa a validade da construção após ela já ter sido feita.

Em um nível mesoscópico, podemos imaginar um processo Markoviano baseado em “falha” e “sucesso” de eventos no qual os eventos ocorrendo no instante  $t_0 + \Delta t$  sejam efetivamente independentes dos eventos que ocorreram antes do instante  $t_0$ . Isso é mostrado em detalhes no trabalho de Aiello et al. (2000). Reproduziremos aqui as passagens matemáticas importantes da discussão.

Para introduzir o nível mesoscópico, primeiro focamos o sistema em um nível microscópico, em seguida permitimos a subdivisão do tempo  $t$  em  $n$  intervalos idênticos e suficientemente pequenos denominados  $\Delta t$ , tal que a probabilidade de

mais de um evento de sucesso microscópico ocorrer no intervalo de tempo  $\Delta t$  seja negligenciada.

Agora, se  $n_\alpha \leq n$  eventos ocorrerem no tempo  $t = n\Delta t$ , no limite para pequeno  $\Delta t$  e grande  $n$ , uma taxa média  $r$  de eventos pode ser definida como a razão entre o número  $n_\alpha$  e o número total  $n$  de intervalos por unidade de tempo  $\Delta t$ , sendo assim,  $r = \frac{n_\alpha}{t}$ . Também se no tempo  $t$  assumirmos que qualquer intervalo de tempo  $\Delta t$  sempre tem a mesma probabilidade  $r\Delta t$  de conter um evento, existem  $C_{n,n_\alpha} = \frac{n!}{(n-n_\alpha)! n_\alpha!}$  maneiras de organizar  $n_\alpha$  eventos em um total de  $n$  intervalos. Portanto, a probabilidade  $p(n_\alpha)$ , de  $n_\alpha$  eventos possam ocorrer em um tempo  $t$  é

$$p(n_\alpha, t) = C_{n,n_\alpha} (r\Delta t)^{n_\alpha} (1 - r\Delta t)^{n-n_\alpha}, \quad (22).$$

Analisando a equação (22) vemos que a probabilidade para que nenhum evento ocorra no tempo  $t$  é

$$p(n_\alpha = 0, t) = (1 - r\Delta t)^n, \quad (23).$$

E para o caso onde  $r\Delta t \rightarrow 0$ , a probabilidade torna-se  $p(0) = e^{-rt}$ . Portanto, a probabilidade de se obter o primeiro sucesso antes do tempo  $t$  é  $Q = 1 - e^{-rt}$ , e a densidade de probabilidade  $f_w = \frac{dQ}{dt}$  do tempo de espera entre dois sucessivos eventos é dado por

$$f_w = re^{-rt}, \quad (24).$$

No limite onde  $\Delta t \rightarrow 0$  e  $n \rightarrow \infty$ , a equação 22 torna-se a distribuição de Poisson

$$p(n_\alpha, t) = (r \cdot t)^{n_\alpha} \cdot \frac{e^{-r \cdot t}}{n_\alpha!}, \quad (25).$$

E para uma coleção  $\eta$  eventos independentes, definimos

$$p(n_e, t) = (r_j \cdot t)^{n_e} \cdot \frac{e^{-r_j \cdot t}}{n_e!}, \quad (26)$$

onde

- $n_e = \sum_{\alpha=1}^{\eta} n_{\alpha} \equiv$  soma de todos os eventos que ocorreram em cada processo (intervalo de tempo  $t$ ). Cada  $n_e$  ( $n_e=0,1,2,3,\dots$ ) pode ser considerado como governado por uma taxa média  $r_j$ .
- $r_j = \sum_{\alpha=1}^{\eta} r_{\alpha} \equiv$  é a taxa total de eventos com sucesso, com  $r_{\alpha}$  sendo a taxa para cada um dos  $\eta$  eventos.

É importante ressaltar que as aproximações (microscópicas e mesoscópicas) expostas acima, são feitas para um tempo de “delay” entre dois eventos consecutivos e são determinados estocasticamente por uma distribuição do tipo exponencial. Em ambos os casos, podemos ver que foram feitas basicamente as mesmas considerações e por isso observamos uma grande semelhança entre os dois métodos.

Para o caso microscópico, o tempo  $\tau_i$  de permanência no estado  $i$  é determinado primeiro e então o próximo estado é escolhido através da taxa de transmissão normalizada por  $P(j, \tau) = \frac{w(j \rightarrow i)}{\Omega_i}$ . Para alcançar este feito, o estado  $\{i\}$  e a probabilidade de transição  $\{w(j \rightarrow i)\}$  devem ser previamente ordenadas seguindo algumas regras de construção hierárquicas. Na aproximação mesoscópica, a probabilidade de transição e o novo estado são inicialmente considerados através de um critério hierárquico apropriado, baseado nas taxas médias, e só apenas o tempo de permanência é determinado. O nível mesoscópico pode ser aplicado em uma diversidade muito grande de sistemas.

### **3.2. Monte Carlo aplicado ao Modelo SIR**

Para aplicar a dinâmica de Monte Carlo ao estudo do Modelo SIR, precisamos definir duas probabilidades distintas. A primeira é a probabilidade por unidade de tempo para que os indivíduos susceptíveis do sistema passem do estado susceptível para o estado infectado ( $S \rightarrow I$ ) e a segunda, é a probabilidade por unidade de tempo para que os indivíduos infectados do sistema passem do estado infectado para o estado recuperado ( $I \rightarrow R$ ). Assim chamaremos a primeira probabilidade de  $W_S$  e a segunda de  $W_I$  e elas são escritas como:

$$W_S = \frac{\lambda I}{N}, \quad (27)$$

$$W_I = \gamma, \quad (28)$$

onde:

- I = Número de indivíduos infectados na simulação.
- $\gamma$  = Taxa de recuperados, ou seja, imunizados.
- $\lambda$  = Poder de infecção da doença.
- N = Número total de indivíduos na simulação.

Para o caso específico de transições durante a evolução dos eventos, a chance de ocorrer a transição  $S \rightarrow I$  é dada pelo produto  $W_S \times Q_S$ , onde  $Q_S$  é a probabilidade do indivíduo S ter contato com algum indivíduo I e dada por

$$Q_S = \frac{S}{N}, \quad (29).$$

De forma análoga, podemos definir uma probabilidade  $Q_I$  e dizer que a probabilidade de ocorrer uma transição  $I \rightarrow R$  é dada pelo produto  $W_I \times Q_I$ , onde

$$Q_I = \frac{I}{N}, \quad (30).$$

Se pensarmos em um intervalo de tempo  $\Delta t$  qualquer, e que neste intervalo de tempo tivermos um número de N indivíduos, o número de susceptíveis que se tornaram infectados será dado por

$$\Delta S = W_S \cdot Q_S \cdot N \cdot \Delta t, \quad (31).$$

Dividindo toda a equação por  $\Delta t$  e substituindo as equações (27 e 29) na equação (31), obtemos

$$\frac{\Delta S}{\Delta t} = \frac{\lambda I S}{N}, \quad (32).$$

De forma análoga chegamos a

$$\frac{\Delta R}{\Delta t} = \gamma I, \quad (33).$$

Estas são as expressões obtidas para descrever a dinâmica por meio de um processo estocástico. Se compararmos as equações (32-33) com as equações (1 e 3), veremos que elas são compatíveis e então podemos garantir a confiabilidade das probabilidades  $W_S$  e  $W_I$  propostos para descrever o processo estocástico.

Agora precisamos garantir que cada evento seja independente dos demais eventos como já previsto pela equação (26). Para tanto, assumimos um acoplamento com um reservatório externo, onde cada um dos eventos é o resultado de uma sequência independente de ocorrências através do sistema externo. Neste sistema é incorporado um conjunto de probabilidades de transição chamado de  $\mathcal{P} = \{W_S, W_I\}$ .

Estas probabilidades garantem uma solução estável para o problema, mas elas não garantem o principio hierárquico (BINDER, 2010). Necessitamos de um segundo critério de seleção de estados que garanta a existência de uma sequência evolutiva de forma hierárquica no sistema. Para isso, considere a ocorrência de um evento  $\alpha(S \rightarrow I, I \rightarrow R)$  e a probabilidade de transição  $p_\alpha$  dada por

$$p_\alpha = \frac{W_\alpha}{W_{\text{máx}}}, \quad (34)$$

onde  $W_\alpha \in \mathcal{P} = \{W_S, W_I\}$ , é a probabilidade de transição para a ocorrência do evento  $\alpha$  e  $W_{\text{máx}}$  é o maior valor de  $W$ .

Exemplificando a equação acima vamos supor que tenhamos um sistema com um total de  $S$  indivíduos susceptíveis. A probabilidade do individuo mudar de estado por unidade de tempo é dado por:

$$P_{t_S} = p_S \cdot Q_S \cdot N = \frac{W_S S N}{W_{\text{máx}} N} = \frac{\lambda I S}{\left(\frac{\lambda I S}{N} + I \gamma\right) N} = \frac{\frac{\lambda I S}{N}}{\left(\frac{\lambda I S}{N} + I \gamma\right)}, \quad (35).$$

Analogamente, se houverem  $I$  indivíduos infectados, a probabilidade do individuo mudar de estado por unidade de tempo é dado por

$$P_{t_I} = p_I \cdot Q_I \cdot N = \frac{W_I I N}{W_{\text{máx}} N} = \frac{\gamma I N}{\left(\frac{\lambda I S}{N} + I \gamma\right) N} = \frac{\gamma I}{\left(\frac{\lambda I S}{N} + I \gamma\right)}, \quad (36)$$

onde:

- $P_{tS}$  = Probabilidade total de transição do estado S para o estado I por unidade de tempo.
- $P_{tI}$  = Probabilidade total de transição do estado I para o estado R por unidade de tempo.
- $W_{máx}$  = É a probabilidade máxima possível e é dado por  $W_{máx} = W_I Q_I + W_S Q_S$ .

Para sabermos se um determinado evento ocorrerá ou não, basta que sorteemos um número qualquer (número randômico) entre 0 e 1, em seguida o comparamos com a probabilidade  $P_{t\alpha}$  (onde  $\alpha$  pode ser S ou I). Se o número sorteado for menor que  $P_{t\alpha}$  então o evento ocorrerá. Para o caso em que  $\alpha=S$ , ocorreram as transições  $S \rightarrow S-1$  e  $I \rightarrow I+1$ . Para o caso em que  $\alpha=I$ , temos  $I \rightarrow I-1$  e  $R \rightarrow R+1$ . Se o número for maior que  $P_{t\alpha}$  nada ocorrerá.

Para o cálculo do tempo, utilizamos a equação (24) que nos mostra a densidade de probabilidade dos eventos ocorrerem. A densidade de probabilidade é dada através da distribuição de Poisson que foi a escolhida por nós para transformar o modelo SIR em um processo estocástico.

É fácil verificar que podemos reescrever a equação (24) de forma que

$$t_{\alpha} = -\frac{1}{r} \ln(\mathfrak{R}_1), \quad (37)$$

onde:

- $r$  para este caso é dado por  $(W_S S + W_I I)$ ,
- $\mathfrak{R}_1$  é um número randômico (o mesmo utilizado acima para verificar se o evento ocorrerá),
- $t_{\alpha}$  é o tempo decorrido para cada processo.

Agora com as equações (35-37) podemos facilmente empregar o método estocástico no modelo SIR.

## 4. Resultados e Discussões

Para a realização dos ensaios apresentados abaixo utilizamos o sistema como possuindo dez mil indivíduos ( $N$ ), inicialmente escolhemos cinco indivíduos doentes no sistema ( $I(0) = 5$ ) e o valor de imunes ou recuperados inicialmente foi sempre igual à zero ( $R(0) = 0$ ). A partir daí empregamos variação dos parâmetros  $\lambda$  e  $\gamma$ , com o objetivo de observar como os parâmetros mudam as simulações. As simulações foram realizadas utilizando um software conhecido como Force, que usa como compilador o GNU-Fortran e possui como linguagem de programação o Fortran 77.

### 4.1. Avaliação do método empregado

Para verificar a validade do método utilizado para transformar as equações (1-3) em equações estocásticas, resolvemos numericamente as mesmas equações, como o auxílio do software Wolfram Mathematica7 e comparamos os resultados obtidos com os resultados obtidos através do método Monte Carlo. Fizemos um gráfico com os resultados de ambos os métodos, numérico e estocástico. Em seguida sobrepomos os resultados e os analisamos. O gráfico pode ser visto abaixo.

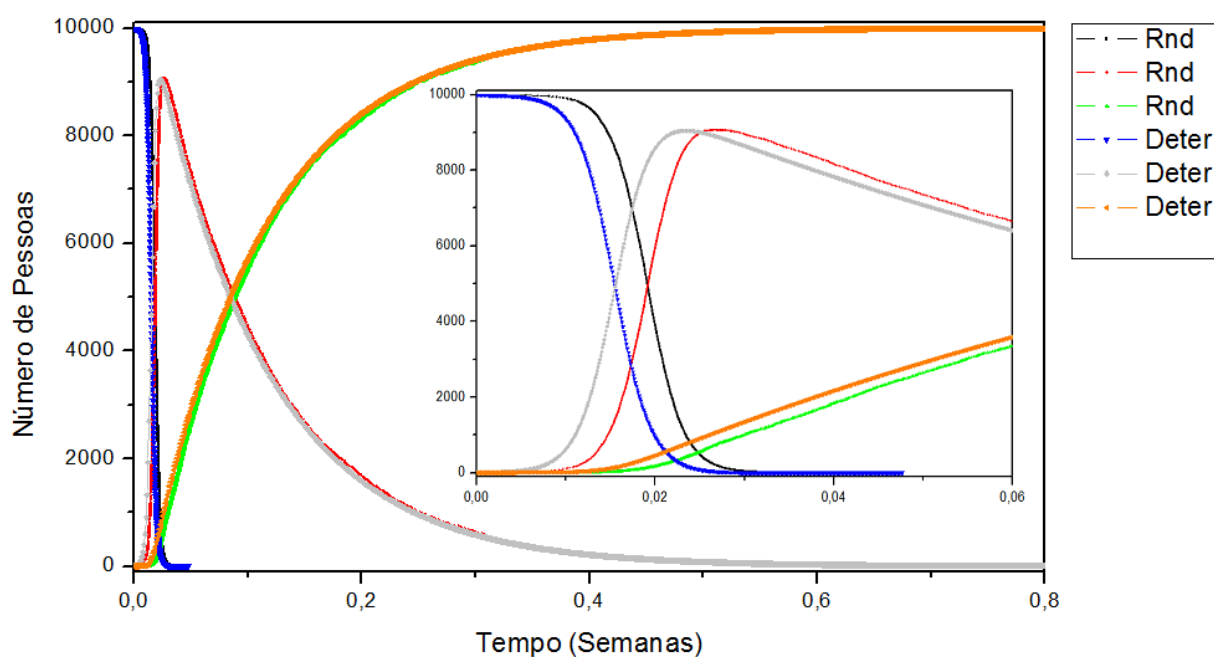


Gráfico 1: Comparação entre os dois métodos (numérico e randômico), para a realização foi utilizado com parâmetro  $\lambda=500$  e  $\gamma=10$ .

Podemos ver que apesar do resultado estocástico não ser exatamente igual ao resultado numérico, ou seja, resultado que provêm da solução das equações (1-3) observamos que o método Monte Carlo fornece bons resultados. Temos uma ligeira diferença entre os resultados, entretanto ambos apresentam formas muito semelhantes. Era esperada certa diferença nos resultados por se tratar de um resultado estocástico, baseado em números randômicos.

A solução randômica apresenta as mesmas características que a soluções numéricas, e assim, este método pode ser utilizado para simular diversos casos de doenças. Comparando os métodos podemos dizer que apesar de se tratar de uma aproximação temos grandes vantagens em utilizar o método estocástico, o maior deles é que não precisamos resolver analiticamente as equações para o modelo SIR, o que não é trivial, podemos ainda simular com grande rapidez e confiabilidade as principais características da doença.

#### **4.2. Caracterização do perigo pandêmico através de $r_0$**

Resolvemos estudar o parâmetro  $r_0$  com a finalidade de verificar qual a sua influência no sistema e para isso, fizemos gráficos com valores diferentes de  $r_0$  e os comparamos. Abaixo uma tabela mostrando os parâmetros utilizados para construção do  $r_0$ .

$r_0$	$\lambda$	$\gamma$
<b>100</b>	100	1
<b>25</b>	125	5
<b>7.5</b>	75	10
<b>5</b>	1	0.2
<b>2.5</b>	10	4
<b>1</b>	5	5
<b>0.75</b>	12	9
<b>0.25</b>	7	28

Tabela 2: Parâmetros utilizados para construção dos gráficos(2-4).

Com os parâmetros expostos acima obtivemos os seguintes gráficos:

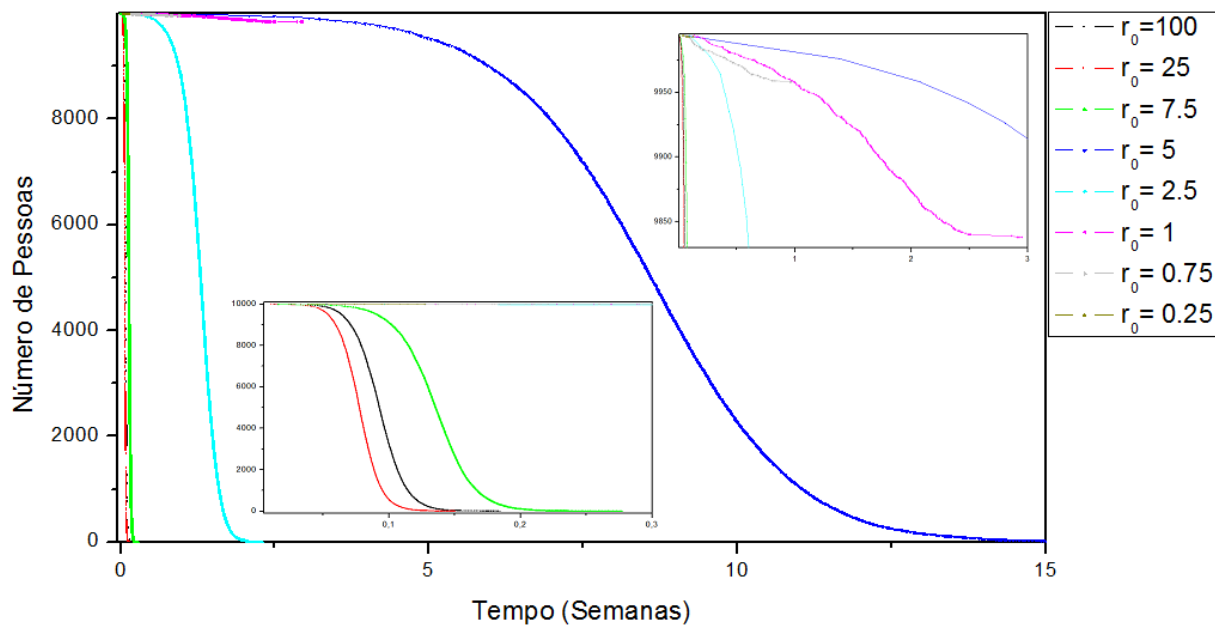


Gráfico 2: Variação do número de indivíduos susceptíveis para diferentes valores de  $r_0$ .

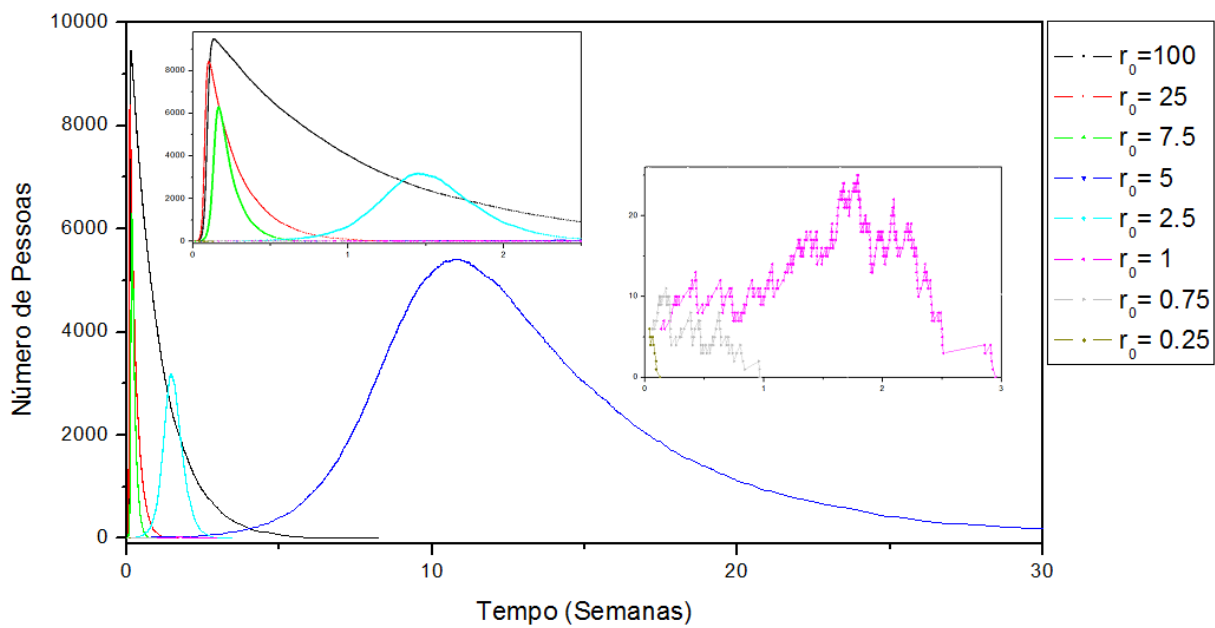


Gráfico 3: Representa a variação no tempo dos indivíduos doentes para distintos  $r_0$ .

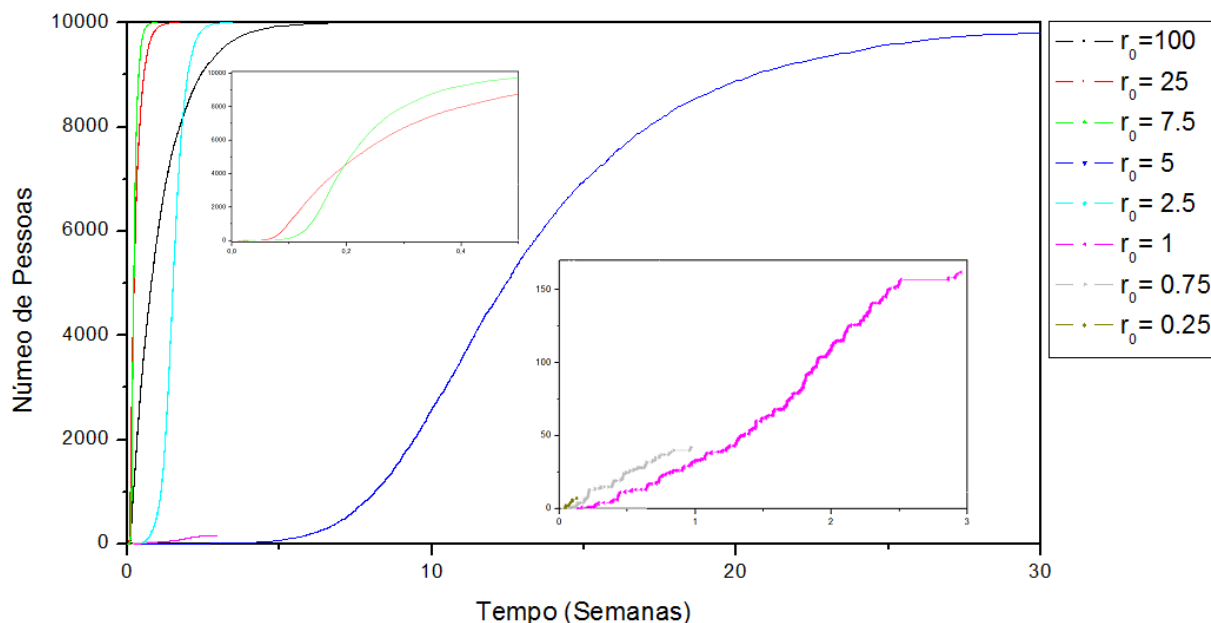


Gráfico 4: Representa a curva dos recuperados para diferentes valores de  $r_0$ .

Os gráficos acima nos mostram que o parâmetro  $r_0$  é fundamental para a simulação e observamos que para valores de  $r_0$  abaixo ou igual 1, a doença não consegue se propagar. Já para valores de  $r_0$  superiores, a doença apresenta uma propagação e que quanto maior for  $r_0$  mais facilmente a doença se propaga. A partir dos gráficos e da discussão acima, observa-se que se o valor de  $r_0$  satisfaz a condição  $r_0 > 1$ , temos uma grande possibilidade de ocorrência de uma pandemia. Este fato já foi evidenciado por outros autores e podemos citar como exemplo Gallop (1999) que realizou um estudo dos parâmetros para o modelo SIR.

No gráfico para doentes observamos que para valores de  $r_0$  abaixo de 1 a doença não se propaga e é desprezível o número de doentes no sistema. Um exemplo se dá para o caso onde  $r_0 = 0.1$  onde vemos que em momento algum o número de doentes foi maior que o número inicial e a doença foi rapidamente extinta.

Para valores de  $r_0$  maiores que 1, observamos que todas as pessoas do sistema acabam doentes e vimos ainda que, quanto maior for o valor de  $r_0$ , maior é o valor de pico dos doentes. Para  $r_0 = 100$  chegamos a ter um total de 9461 doentes simultaneamente, número muito alto se analisarmos que o sistema como um todo apresenta 10000 indivíduos.

### 4.3. O parâmetro $\lambda$ (Lambda)

Após observar como o sistema reage ao valor de  $r_0$ , decidimos estudar qual o efeito que cada parâmetro exerce para a construção do  $r_0$ . Para isto começamos com o valor de  $\lambda$ . Devemos lembrar que  $\lambda$  é o poder de infecção da doença, e é resultado do produto entre a probabilidade de se adquirir a doença por contato ( $\beta$ ) e o número de contatos por unidade de tempo ( $c$ ).

Na simulação apresentada a seguir mantemos fixos os valores de  $\gamma$  e variamos  $\lambda$ . Assim conseguimos observar a variação de  $r_0$  e  $\lambda$  com o valor de  $\gamma$  fixado em 1.

$r_0$	$\lambda$
<b>0.1</b>	0.1
<b>0.5</b>	0.5
<b>0.75</b>	0.75
<b>1</b>	1
<b>2.5</b>	2.5
<b>7.5</b>	7.5
<b>25</b>	25
<b>100</b>	100

Tabela 3: Valores de  $r_0$  e  $\lambda$  utilizados para a construção dos gráficos (5-7).

Com os valores acima geramos os seguintes gráficos:

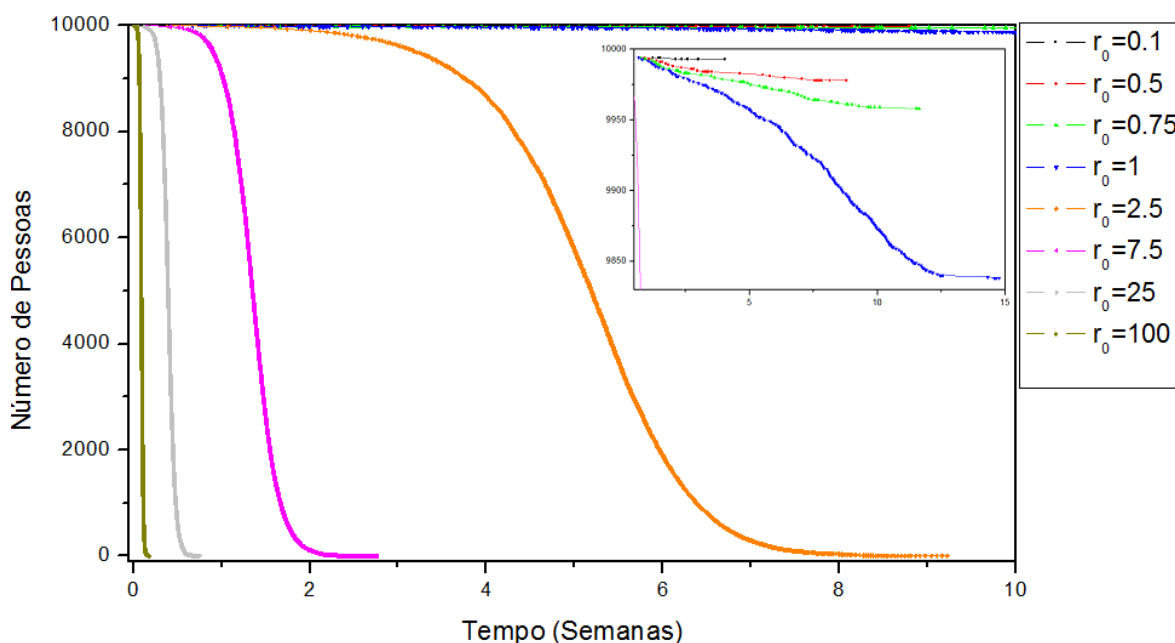


Gráfico 5: Curva dos susceptíveis em função do tempo para valores de  $r_0$ , mantendo  $\gamma$  constante e variando  $\lambda$ .

Através do gráfico para os susceptíveis, verificamos que a variação do número de indivíduos susceptíveis para diferentes valores de  $\lambda$ , se dá de forma inversamente proporcional, ou seja, quanto maior é o valor de  $\lambda$ , mais brusca é a queda do número de susceptíveis. Para valores de  $\lambda$  maiores que 25, o número de susceptíveis chega à zero em menos de uma semana, enquanto para o valor de  $\lambda = 2.5$  o tempo para susceptíveis chegar a zero é de aproximadamente 9 semanas.

Como já dito acima para valores de  $r_0$  inferior ou igual a 1 não apresentam uma relação pandêmica e no sistema o número de susceptíveis praticamente não sofre alteração.

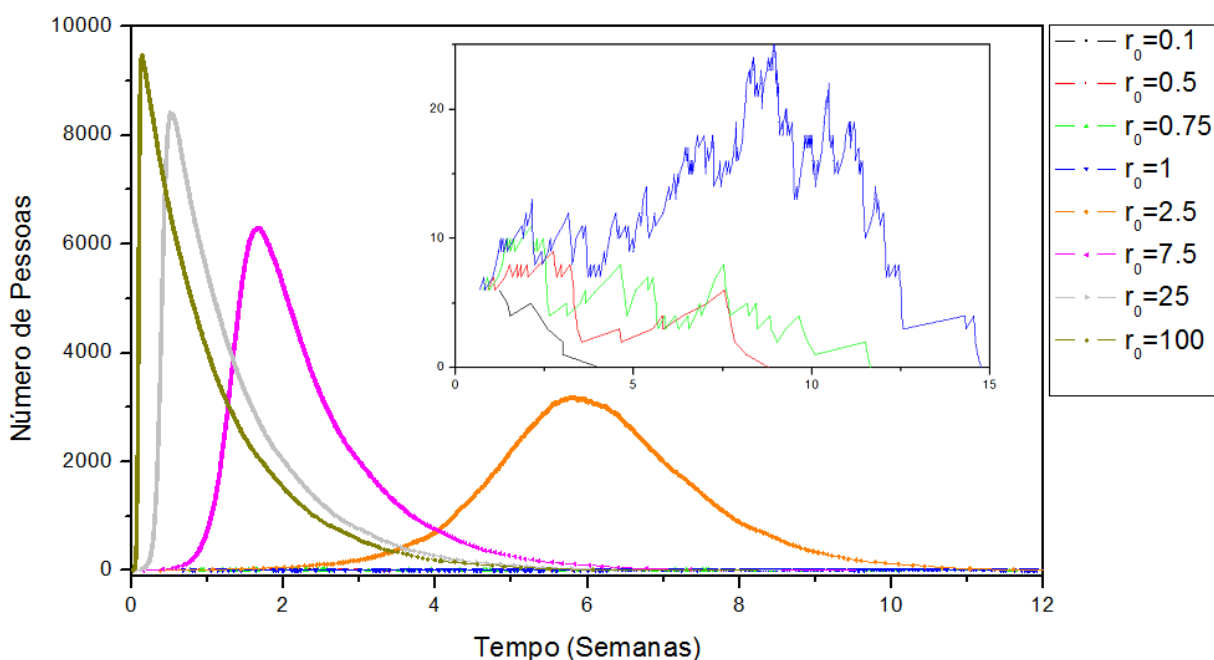


Gráfico 6: Representa a evolução do número de doentes em função do tempo para diferentes  $r_0$ , mantendo  $\gamma$  constante e variando  $\lambda$ .

O gráfico acima comprova novamente que quanto maior o valor de  $r_0$  maior é também o valor de pico do número de indivíduos doentes no sistema e que para valores de  $r_0$  menores que 1 a simulação tem um final rápido e praticamente não ocorrem pessoas doentes no sistema. Evidenciamos ainda que um valor de  $\lambda$  maior faz com que o sistema atinja mais rapidamente o valor de pico do número de indivíduos doentes.

Como exemplo, podemos comparar o pico de  $r_0 = 100$  e o pico de  $r_0 = 2.5$ . O pico do primeiro é maior e é atingido antes da primeira semana. Já no segundo, o pico além de ser menor é alcançado apenas na sexta semana e este fato se da

graças à probabilidade de infecção por contato aumentar com o aumento de  $\lambda$ . Como ocorre o mesmo número de contato por unidade de tempo para os  $\lambda$ 's (lambdas), mesmo eles sendo diferentes, os sistemas com  $\lambda$ 's maiores apresentam um crescimento mais acentuado do número de doentes.

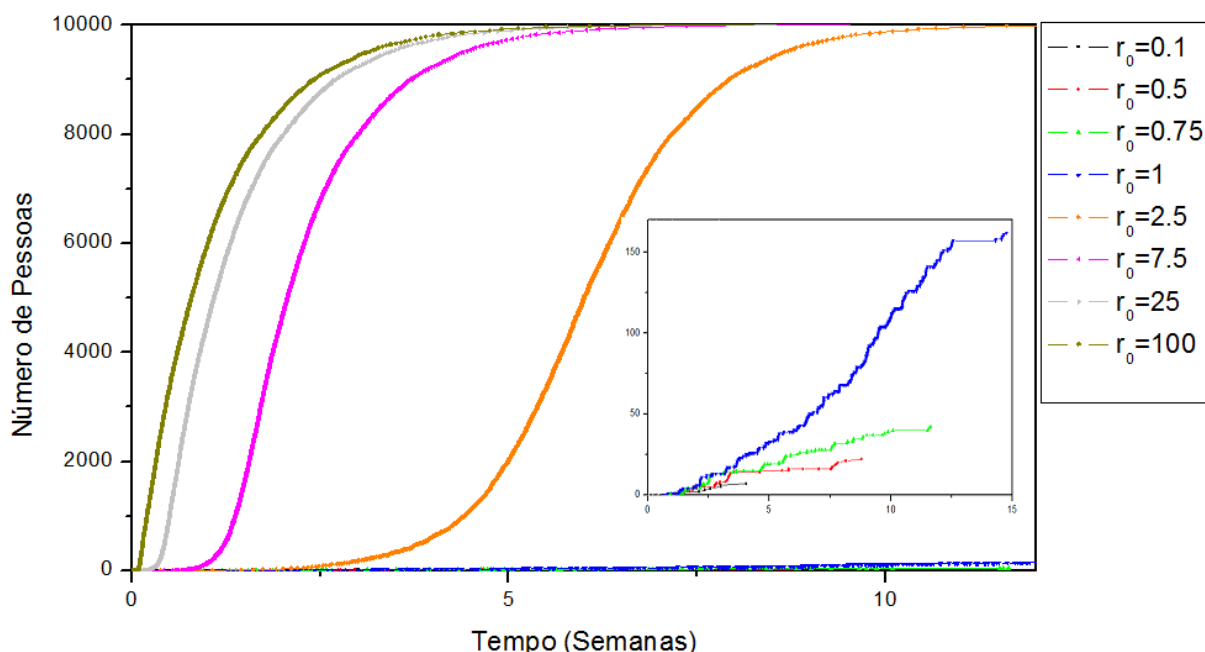


Gráfico 7: Mostra como o número de recuperados varia com o tempo para diferentes valores de  $r_0$ , mantendo  $\gamma$  constante e variando  $\lambda$ .

Como já visto quanto maior é  $\lambda$ , maior é a taxa de transição de susceptíveis para doentes já que a probabilidade de adquirir a doença por contato aumenta. Como todos possuem o mesmo  $\gamma$ , ou seja, mesmo tempo médio de infecção, já era esperado que para valores altos de  $\lambda$  tivéssemos um aumento acentuado e rápido do número de recuperados, isto pode ser evidenciado ao olharmos para o gráfico 7, quanto maior o  $\lambda$  mais rapidamente e de forma mais acentuada ocorre a transição doente  $\rightarrow$  recuperado.

#### 4.4. O parâmetro $\gamma$ (Gama)

Com o objetivo de verificar como o parâmetro  $\gamma$  interfere nas simulações, de forma análoga ao que fizemos como o parâmetro  $\lambda$ , vamos variar o parâmetro  $\gamma$  e verificar quais os valores obtidos pela simulação, para isto fixamos o valor de  $\lambda$  em 5.

É importante lembrarmo-nos de que  $\gamma$  é a taxa de recuperados por unidade de tempo, e mais ainda, que “ $1/\gamma$ ” é o tempo médio da doença em cada indivíduo.

$r_0$	$\gamma$
<b>0.1</b>	50
<b>0.5</b>	10
<b>0.75</b>	6.67
<b>1</b>	5
<b>2.5</b>	2
<b>7.5</b>	0.67
<b>25</b>	0.2
<b>100</b>	0.05

Tabela 4: Valores de  $r_0$  e  $\gamma$  utilizados para a construção dos gráficos (8-10).

Para os valores apresentados a cima, construímos os seguintes gráficos:

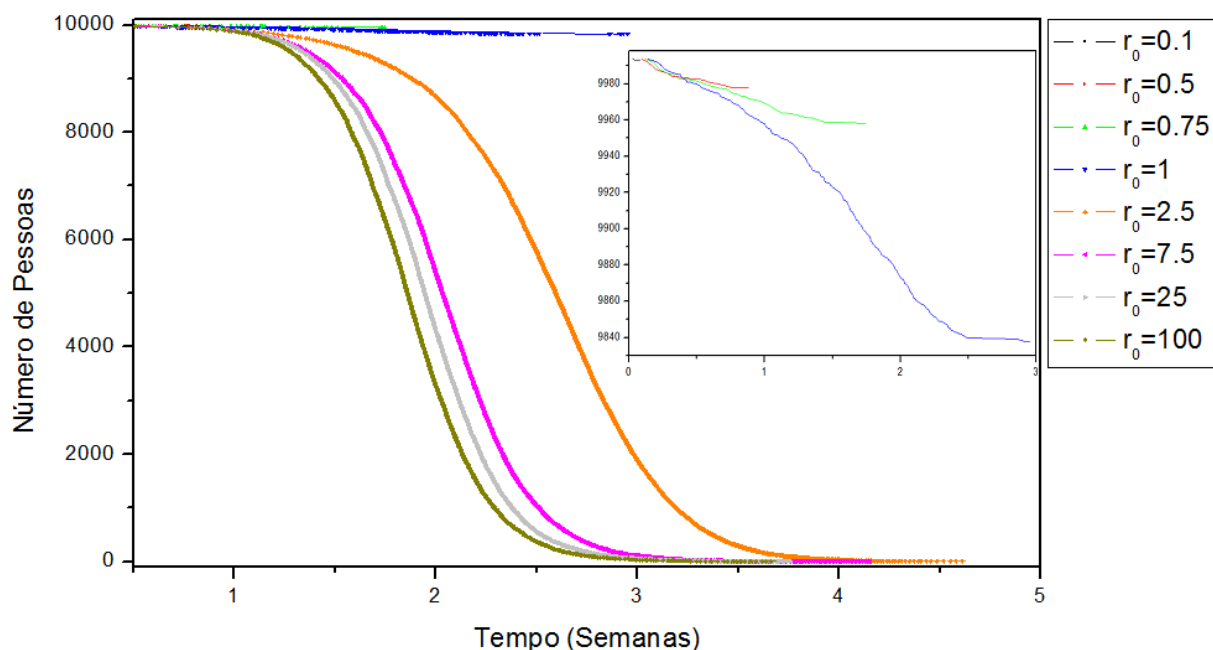


Gráfico 8: Representa a evolução do número de susceptíveis em função do tempo para diferentes  $r_0$ , mantendo  $\gamma$  constante e variando  $\lambda$ .

Podemos observar no gráfico acima que quanto menor é o valor de  $\gamma$  mais rapidamente o número de susceptíveis cai. Isto é ocasionado devido ao fato de quanto menor é  $\gamma$ , maior é o tempo médio da doença por indivíduo, tendo assim um

aumento de indivíduos doentes em relação às com menor  $\gamma$ . Como para todos os valores de  $r_0$  temos o mesmo  $\lambda$ , ou seja, temos o mesmo poder de infecção, concluímos que quanto mais pessoas ficam doentes, maior é o número de contatos entre os susceptíveis e assim maior é chance dele adquirir a doença.

Podemos observar também que ao contrário do caso anterior onde quem variava era  $\lambda$ , neste caso todas as curvas apresentam formas muito parecidas e a taxa de decaimento não é tão diferente como era para  $\lambda$ 's diferentes. Um exemplo disso está no caso onde  $r_0 = 100$  ( $\gamma=0.05$ ) vemos que demora por volta de 3 semanas para que o número de indivíduos susceptíveis chegue a zero, enquanto para um  $r_0 = 2.5$  ( $\gamma = 2$ ) o tempo gasto é de aproximadamente 4.5 semanas. Mais uma vez observamos que para  $r_0 \leq 1$  a doença não consegue se difundir e o número de pessoas que vão para o estado infectado é muito baixo, praticamente pode ser negligenciado.

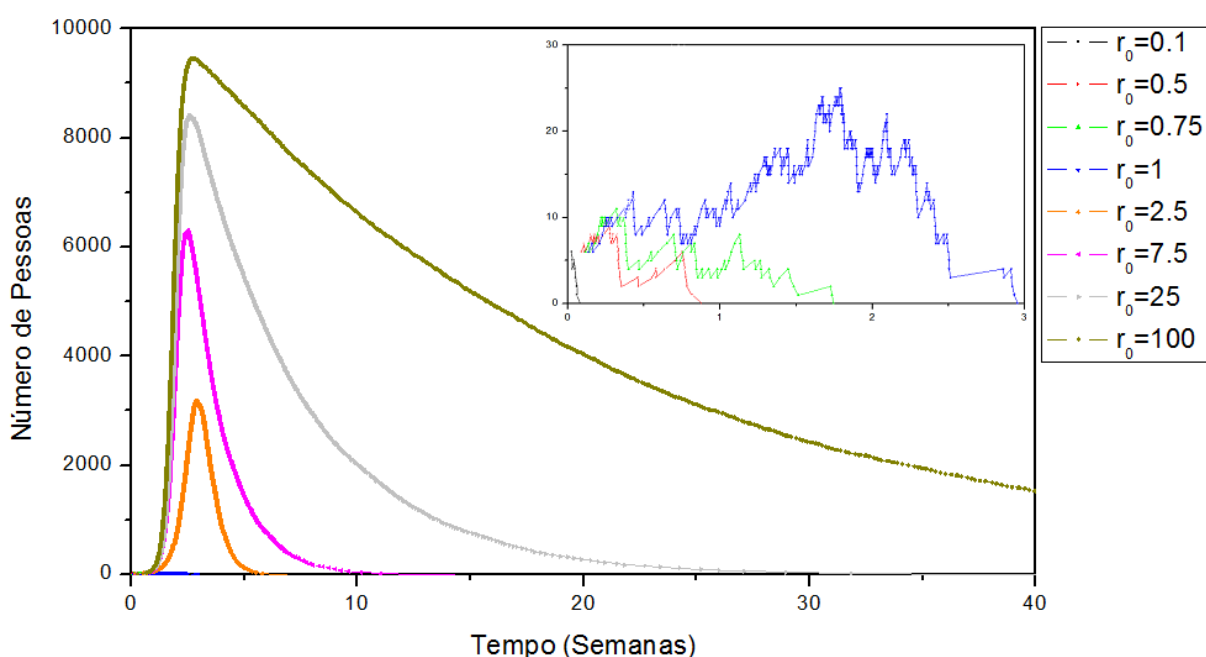


Gráfico 9: Representa a evolução do número de doentes em função do tempo para diferentes  $r_0$ , mantendo  $\gamma$  constante e variando  $\lambda$ .

Como já comprovado nos casos anteriores, mais uma vez os  $r_0$  com maiores valores apresentam também os maiores valores de pico e para valores inferiores a 1 impedem que a doença tenha sua difusão completa. Ao contrário do caso onde a variação era feito em  $\lambda$ , neste caso vemos que o ápice para todos ocorre aproximadamente ao mesmo tempo, por volta da terceira semana.

Uma característica bem marcante no gráfico acima é que observamos que quanto menor é o número de  $\gamma$ , maior é o tempo que as pessoas gastam para se recuperarem. Podemos ver este comportamento no caso onde  $r_0 = 100$  ( $\gamma=0.05$ ) onde na 40ª semana o número de recuperados ainda não chegou à zero. Esta demora novamente pode ser explicada pelo fato de que quanto menor for  $\gamma$ , maior será o valor médio do tempo da doença nos indivíduos. Então para valores com  $r_0$  altos e por consequência baixos valores de  $\gamma$ , temos doentes com alto tempo de recuperação, o que proporciona esta queda de doentes bem vagarosa.

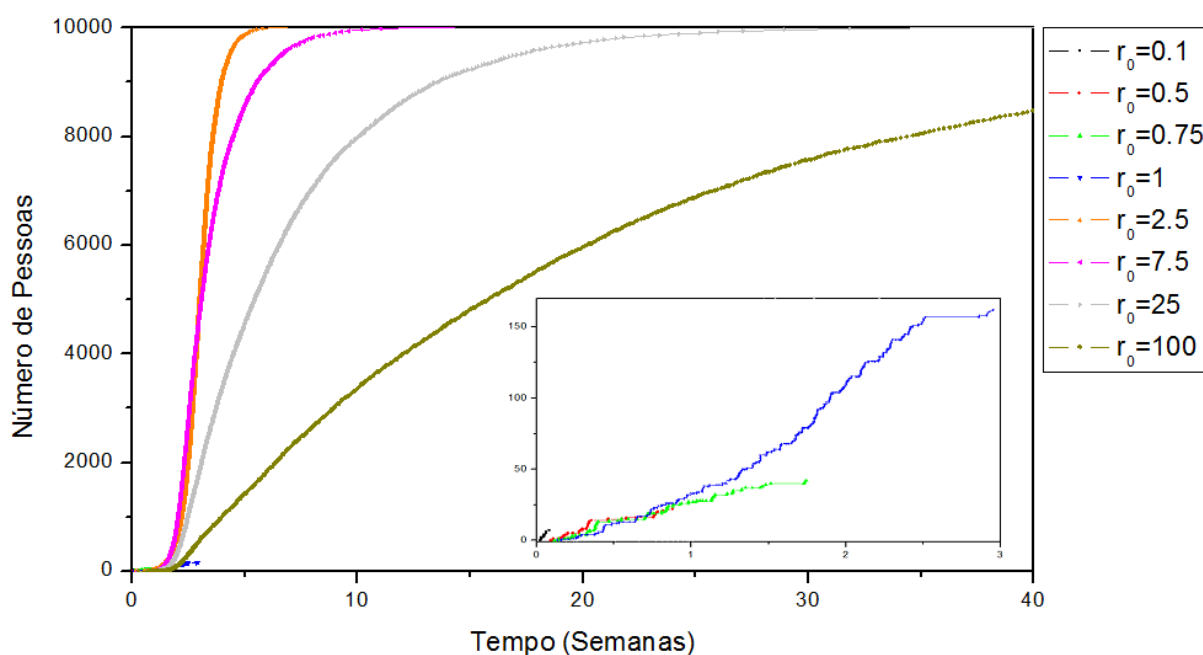


Gráfico 10: Representa a evolução do número de recuperados em função do tempo para diferentes  $r_0$ , mantendo  $\gamma$  constante e variando  $\lambda$ .

Observamos no gráfico acima que os valores  $r_0$  menores (maiores  $\gamma$ 's (gammas)) apresentam uma curva para recuperados bem acentuada enquanto os de maiores valores de  $r_0$  (menores  $\gamma$ 's) tem uma recuperação bem mais lenta. Isto pode ser comprovado se olharmos para  $r_0 = 2.5$  ( $\gamma=2$ ), onde na 10ª semana todos os indivíduos do sistema já haviam se recuperado e para  $r_0 = 100$  ( $\gamma=0.05$ ) na 40ª semana o número de recuperados está em torno de 8 mil indivíduos, faltando em torno de 2 mil indivíduos para se recuperarem,. Como no modelo aplicado por nós não existe a possibilidade de morte, podemos fazer esta consideração.

Mais uma vez isto é atribuído ao valor do tempo médio da doença em cada indivíduo, quanto menor  $\gamma$  mais tempo cada indivíduo fica com a doença então temos a recuperação mais lenta, como visto no gráfico (10).

## 5. Conclusão

Neste trabalho propusemos uma forma para abordar com o método Monte Carlo, a propagação de doenças através do modelo SIR. Com isto podemos realizar ensaios com rapidez e controlar os parâmetros de cada simulação. O método utilizado baseia-se em uma distribuição de probabilidades reguladas sob as regras impostas pelo processo Markoviano. Com o método proposto, podemos simular qualquer doença que se encontre nos padrões do modelo SIR se os parâmetros do modelo forem conhecidos.

Ao longo do trabalho preocupamo-nos em demonstrar a eficiência deste método e para isto realizamos inúmeras simulações e comparamos os seus valores com os valores provenientes da solução numérica das equações diferenciais do modelo SIR. Todas as simulações realizadas com a finalidade de verificar a validade do método proposto foram positivas. Realizamos posteriormente testes para verificar como o parâmetro  $r_0$  interfere para a difusão das doenças e observamos com as simulações, que ele apresenta uma característica muito importante: ele é o responsável pelo caráter pandêmico de uma doença. Avaliamos também os dois parâmetros envolvidos para a construção de  $r_0$  e verificamos que eles são peças importantes para se mapear uma doença, uma vez que doenças com valores idênticos de  $r_0$  podem apresentar formatos de evolução temporal diferente, para  $\lambda_s$  e  $\gamma_s$  diferentes.

Quando avalia-se o método do ponto de vista de processamento numérico, conclui-se que ele é de simples execução, tendo sido todo ele realizado em um computador simples, equivalente aos que existe no mercado atual. Para sistemas com 10 mil indivíduos os resultados foram rapidamente alcançados (poucos minutos).

### Sugestão para trabalhos futuros

- O estudo de com mapear os parâmetros de uma doença real, e tentar a reprodução da doença com a forma proposta neste trabalho.
- Colocar dentro do modelo estocástico criado, a noção espacial para a doença, talvez dividindo grupos de pessoas em redes com distâncias fixadas e fazendo uma simulação com este formato.

## Referências Bibliográficas

- [01] AIÉLLO, O. E. et al. Solution of deterministic – stochastic epidemic models by dynamical Monte Carlo method. Physica A., Amsterdam, v. 282, p. 546-558, 2000.
- [02] ALVARENGA, L. R. Modelagem de Epidemias através de Modelos Baseados em Indivíduos. 2008. 106 f. Dissertação (Programa de Pós – Graduação em Engenharia Elétrica) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2008.
- [03] BAILEY, N. T.J. The Mathematical Theory of Infectious Diseases and its Applications, New York: Oxford University Press, 1975. 2 ed.
- [04] BINDER, K.; HEERMANN, D. W. Monte Carlo Method in Statistical Physics. An Introduction.5.ed. Springer, 2010. 200 p.
- [05] BONITA, R.; BEAGLEHOLE, R.; KJELLSTRÖM T. Basic epidemiology. 2. ed. [S.l]: WHO Press, World Health Organization, 2006. Disponível em: <[http://whqlibdoc.who.int/publications/2006/9241547073\\_eng.pdf](http://whqlibdoc.who.int/publications/2006/9241547073_eng.pdf)>. Acesso em : 04 set. 2011.
- [06] BOTARI T. Modelagem de epidemia da dengue via autômatos celulares. 2010. 35f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Física) – Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Rio Claro, 2009.
- [07] BOTARI T.; ALVES, S. G.; LEONEL, E. D. Explaining the high number of infected people by dengue in Rio de Janeiro in 2008 using a susceptible-infective-recovered model. Physical Review E, v. 83, id. 037101, 2011.
- [08] CAGNIN, R. L. Método de Wang-Landau para sequenciamento de aminoácidos em estrutura nativa de proteínas em modelos de rede. 2010, 79f. Dissertação (Programa de Pós – Graduação em Física) – Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Rio Claro, 2010.
- [09] CLANCY, D. Optimal intervention for epidemic models with general infection and removal rate functions. Journal of mathematical biology, Heidelberg, v. 39, n. 4, p. 309–331, 1999.

[10] CHUBB, M.; JACOBSEN, K. Mathematical modeling and the epidemiological research process. European journal of epidemiology, Dordrecht, v. 25, n. 1, p. 13–19, 2010.

[11] COX N. J.; SUBBARAO K. Global epidemiology of influenza: past and present. Annu. Ver. Med. Palo Alto v. 51, p. 407–21, 2000.

[12] CRUZ, A. R. Uma Metodologia Multiobjetivo para o Controle de Epidemias através de Vacinação Impulsiva via Algoritmo Genético com Operador de Busca Local Baseado em Aproximação Quadrática Convexa e Validação Estocástica. 2011. 93 f. Dissertação (Programa de Pós – Graduação em Engenharia Elétrica) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2011.

[13] DIEKMANN, O.; HEESTERBEEK, J. Mathematical epidemiology of infectious diseases: Model building, analysis, and interpretation. Chichester: John Wiley, 2000 Wiley, 303 p.

[14] FILHO, L. C. S. Historia Geral da Medicina Brasileira. São Paulo: Hucitec: EDUSP, 1991. v.1, p.436.

[15] FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ. Gripe. Disponível em:

<<http://www.fiocruz.br/bibcb/cgi/cgilua.exe/sys/start.htm?infoid=96&sid=106>>. Acesso em: 16 ago. 2011

[16] GALLOP, R. J. Modeling General Epidemics: SIR MODEL. In: Annual North East SAS (Users Group Conference), 12<sup>th</sup>, 1999, Washington. : Proceedings... Washington: N.E.S.U.G., [1999]. Pôster. Disponível em: <<http://www.nesug.org/Proceedings/nesug99/po/po053.pdf>>. Acesso em: 18 ago. 2011

[17] INABA, H. Age-structured homogeneous epidemic systems with application to the MSEIR epidemic model. Journal of mathematical biology, Heidelberg, v.54, p.101-146, 2007.

[18] KERMACK, W.O.; MCKENDRICK, A. G., Contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. R. Soc. Lond. A. London, v.115, p. 700–721, 1927.

[19] KOROBEINIKOV, A.; MAINI, P. Non-linear incidence and stability of infectious disease models. Mathematical Medicine and Biology, Oxford, v. 22, n. 2, p. 113, 2005.

[20] LANDAU D. P.; BINDER K. A Guide to Monte Carlo Simulations in Statistical Physics. 2. ed. Cambridge: Cambridge University Press, 2005.

[21] LAST, J. M. A dictionary of epidemiology. 4. ed. New York: Oxford University Press, 2001.

[22] LI, J.; YU, J. Global behavior of a SEIR model in epidemiology with nonlinear incidence rate. World Journal of Modelling and Simulation, v. 2, n. 3, p. 143-149, mar. 2006.

[23] YOSHIDA, M. Aplicação VI: Paramagnetismo. Rio Claro: Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, 2003. Apostila da disciplina Tópicos de Física Teórica: Método de Monte Carlo.

[24] ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE. Pandemic (H1N1) 2009. Disponível em: <[http://www.who.int/csr/don/2009\\_07\\_01a/en/index.html](http://www.who.int/csr/don/2009_07_01a/en/index.html)>. Acesso em: 16 ago. 2011

[25] ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE. Influenza at the human-animal interface: Summary and assessment as of 4 July 2011. Disponível em: <[http://www.who.int/csr/disease/avian\\_influenza/Influenza\\_Summary\\_IRA\\_HA\\_interface.pdf](http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/Influenza_Summary_IRA_HA_interface.pdf)>. Acessado em: 16 ago. 2011

[26] PRADOS, A.; BREY, J. J.; SANCHEZ-REY, B. A dynamical Monte Carlo algorithm for master equations with time-dependent transition rates. Journal of Statistical Physics, New York, v. 89, p. 709-734, nov. 1997.

[27] RIZZO, C. et al. Epidemiology and transmission dynamics of the 1918–19 pandemic influenza in Florence, Italy. Vaccine, Oxford, v.29, p. 27-32, fev. 2011.

[28] SOUZA, D.R.; TOMÉ, T. Stochastic lattice gas model describing the dynamics of the SIRS epidemic process. . Physica A, Amsterdam, v.389, p.1142-1150, 2010.

[29] TEMIME, L.; HEJBLUM, G.; SETBON, M.; VALLERON, A. The rising impact of mathematical modelling in epidemiology: antibiotic resistance research as a case study. Epidemiology and infection, Cambridge, v. 136, n. 03, p. 289–298, 2007.

[30] ZAMAN, G.; KANG, Y. H.; JUNG, I. H. Optimal treatment of an SIR epidemic model with time delay. BioSystems, Shannon, v. 98, p. 43-50, mai. 2009.

[31] ZAMAN, G.; KANG, Y. H.; JUNG, I. H. Stability analysis and optimal vaccination of an SIR epidemic model. BioSystems, Shannon, v. 93, p. 240-249, mai. 2008.