

SIMULAÇÃO DO MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR UTILIZANDO A FERRAMENTA XCOS DO SOFTWARE LIVRE SCILAB *SIMULATION OF THE SIR EPIDEMIOLOGICAL MODEL USING TOOL XCOS OF THE FREE SOFTWARE SCILAB*

Stephanie Froes Veloso¹

Vânia Queiroz da Silva²

Neila Marcelle Gulberto Leite³

Maria Nayara Pontes Santos⁴

Victor Pádua Teixeira⁵

Resumo: A medicina e a matemática deixaram de ser áreas de estudo isoladas e atualmente são desenvolvidas de maneira a solucionar e desenvolver modelos que atendam a sociedade como um todo. A utilização de modelos matemáticos na epidemiologia é de fundamental importância uma vez que são úteis no desenvolvimento de estratégias de contenção de epidemias. As soluções de alguns desses modelos são complexas, obtidas muitas vezes por meio de recursos computacionais. Nesse sentido, o presente trabalho tem como objetivo a simulação do modelo SIR (Susceptível-Infetado-Removido) para o sistema epidemiológico da influenza A H1N1, por meio da utilização da ferramenta Xcos acoplada ao Scilab, em continuação ao trabalho realizado para o modelo SI. Para a metodologia utilizou-se os dados disponibilizados pelo site da Secretaria de Vigilância em Saúde que correspondem à quantidade de indivíduos brasileiros que foram diagnosticados com Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG). O intervalo de tempo de estudo foram as 20 primeiras semanas do ano de 2013 devido ao maior índice de propagação do vírus Influenza A H1N1 no Brasil. Este trabalho obteve como resultado que o Xcos é uma ferramenta adequada para simulação de modelos mais complexos como o SIR, uma vez que os resultados obtidos estão bem próximos dos dados reais fornecidos pelo boletim epidemiológico disponível pelo Portal da Saúde. Além disso, comprovou-se que o Xcos é de fácil manipulação, bastante didático, de bom desempenho e de domínio público o torna uma ferramenta ainda mais satisfatória.

Palavras-chave: Simulação. Modelagem epidemiológica. Influenza. Xcos.

¹ Discente do curso de Engenharia Química pelo Instituto Federal do Norte de Minas Gerais- Montes Claros, MG, Brasil; stephaniefroesvel@gmail.com

² Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Química. Departamento de Engenharia Química da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). qsvania@gmail.com

³ Mestre em Modelagem Matemática e Computacional pelo CEFET-MG e graduada em Matemática - Licenciatura pela Universidade Federal de Minas Gerais; Professora no Instituto Federal do Norte de Minas Gerais-Montes Claros, MG, Brasil; neila.gualberto@ifnmg.edu.br

⁴ Graduada em Engenharia Química pelo Instituto Federal do Norte de Minas Gerais- Montes Claros, MG, Brasil; maria_nah_ps@hotmail.com.

⁵ Graduado em Engenharia Química pelo Instituto Federal do Norte de Minas Gerais- Montes Claros, MG, Brasil; victorengquim@hotmail.com

Abstract: Medicine and mathematics have ceased to be isolated study areas and currently are developed in order to solve and develop models that attend society as a whole. The use of mathematical models in epidemiology is of fundamental importance since they are useful in the development of strategy to contain epidemics. The solutions of some of these models are complex, often obtained through computational resources. In this sense, the present work has the objective the simulation of the SIR (Suspected-Infected-Removed) model for the H1N1 influenza A epidemiological system, through the use of the Xcos tool of the Scilab software in continuation of the work performed for the SI model. For methodology, were using the data available for the site of the Secretariat of Health Surveillance corresponding to the amount of Brazilian who went diagnosed with Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS). The study time interval was the first 20 weeks of the year 2013 due to the higher rate of spread of the virus Influenza A H1N1 in Brazil. This work had as a result that Xcos is a suitable tool for simulation of more complex models such as SIR, since the results are very close to the actual data provided by epidemiological bulletin available by the Health Portal. In addition, it has been proven that Xcos is easy to manipulate, fairly didactic, with good performance and in the public domain makes it an even more satisfying tool.

Keywords: simulation. epidemiological modeling. Influenza. Xcos.

1 INTRODUÇÃO

As doenças infecciosas têm afligindo a sociedade desde os tempos mais remotos, causando um grande número de mortes. Quando essas doenças se espalham muito rapidamente em um curto período de tempo tem-se uma epidemia. Segundo Soares (2010), a peste negra foi uma das maiores epidemias já registradas, matando cerca de um terço da população da Europa. Segundo o Ministério da Saúde, os vírus da influenza tipos A e B são responsáveis por epidemias anuais, sendo os vírus da influenza tipo A os responsáveis pelas grandes pandemias.

De acordo com Cavalcante Filho (2011), a partir da existência dessas doenças e da percepção de que as medidas profiláticas eram mais eficazes no combate de doenças com alto grau de mortalidade que medidas posteriores a disseminação, deu-se início aos estudos epidemiológicos. O uso de modelos matemáticos no controle de doenças tornou a teoria mais próxima da prática e, desta maneira, vários modelos foram criados buscando o entendimento do comportamento da dinâmica epidemiológica (Luiz, 2012).

Dentre os modelos utilizados para descrever sistemas epidemiológicos, destacamos os modelos matemáticos que utilizam sistemas de equações diferenciais ordinárias cujas variáveis representam grupos envolvidos na epidemia e visam caracterizar o tipo, os fatores causadores e buscar formas de controle das mesmas (Luiz, 2012; Gensheimer, K. F. et al., 2003).

Entre os modelos mais utilizados, Galante (2008) destaca: o modelo SI (Suscetível - Infectado), utilizado em casos em que a doença não confere imunidade, de modo que o indivíduo uma vez infectado não retorna ao grupo dos suscetíveis; modelo SIR (Suscetível - Infectado - Removido) no qual os indivíduos infectados podem se recuperar e adquirir imunidade permanente e o modelo SIRS (Suscetível - Infectado - Removido - Suscetível), bastante semelhante ao anterior, porém a imunidade adquirida pelo indivíduo ao recuperar-se não é permanente, podendo este, retornar ao grupo dos suscetíveis depois de um certo tempo.

As soluções analíticas de alguns desses modelos são complexas, obtidas muitas vezes por meio de recursos computacionais. Uma das

ferramentas que se apresenta com grande potencial para solução de tais problemas é o Xcos, acoplado ao software Scilab. Este, além de simples e gratuito, se aplica a sistemas lineares e não lineares, contínuos ou discretos no tempo e tem os resultados da simulação gerados graficamente (PATIL et al., 2012). Deste modo, o objetivo deste trabalho é dar continuidade a trabalhos anteriores, de modo a verificar se a ferramenta Xcos é adequada para simulação de modelos epidemiológicos complexos, tais como o SIR para o vírus Influenza A H1N1.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Ao realizar uma análise epidemiológica é importante fazer a distribuição da doença e de seus determinantes no espaço e no tempo, o que torna imprescindível a utilização de modelos que permitam observar o padrão da doença e revelar a velocidade da disseminação da epidemia. Tais modelos são ferramentas matemáticas desenvolvidas para entender sistemas, estudar efeitos dos vários componentes e fazer previsões sobre o seu comportamento, podendo ser aplicados a qualquer sistema físico e biológico e sendo amplamente utilizados na modelagem de doenças infecciosas (Barros, 2007; Vieira, 2017).

Vários modelos matemáticos têm sido propostos para descrever os processos de transmissão de doenças, dentre os quais de acordo com Soares (2010) se destacam os três modelos matemáticos clássicos em Epidemiologia: modelo SI (Suscetível - Infectado), modelo SIR (Suscetível - Infectado - Removido) e modelo SIRS (Suscetível - Infectado - Removido - Suscetível).

2.1 SI (Suscetível - Infectado)

O Conforme apresentado por Soares (2010), a dinâmica deste modelo baseia-se na análise somente dos indivíduos infectados, deste modo quando um indivíduo suscetível adquire a doença o mesmo não volta a pertencer a classe dos suscetíveis. Este modelo, sem dinâmica vital, é o mais simples dos modelos epidemiológicos e não fornece a remoção dos infecciosos, estando

estes embutidos na classe dos infectados.

O modelo pode ser descrito pelo sistema contendo duas equações diferenciais ordinárias não-lineares sendo β a taxa de transmissão da doença e S e I as proporções de indivíduos suscetíveis e infectados, respectivamente.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI \quad (2)$$

2.2 SIR (Suscetível - Infectado - Removido)

A modelagem SIR foi proposta por Kermack e McKendrick em 1927 com o objetivo de modelar a propagação de uma epidemia em uma população. Neste modelo, a dinâmica consiste em analisar tanto os indivíduos infecciosos quanto os que foram removidos pela doença ou migraram para o grupo de indivíduos suscetíveis. (VIEIRA, 2017).

Considerando iguais as taxas de natalidade e mortalidade, o modelo SIR torna-se mais simples e pode ser formulado segundo as equações:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (3)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (4)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (5)$$

Onde γ é a taxa de remoção dos infectados.

2.3 SIRS (Suscetível - Infectado - Removido - Suscetível)

O modelo SIRS considera que os indivíduos suscetíveis que adquirem a doença tornando-se infectados, após a recuperação não adquirem a imunidade convertendo-se em suscetíveis novamente (Soares, 2010; Luiz, 2012). As equações diferenciais que descrevem a dinâmica deste modelo podem ser escritas como:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI + \delta R \quad (6)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \quad (7)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \delta R \quad (8)$$

Onde δ é a taxa de perda de imunidade.

3 METODOLOGIA

Os dados utilizados como referência correspondem à quantidade de indivíduos brasileiros que foram diagnosticados com Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG), síndrome gripal que evolui com o comprometimento da função respiratória causada pelo vírus Influenza A. Os mesmos foram encontrados no boletim epidemiológico de Influenza disponibilizado pelo site da Secretaria de Vigilância em Saúde. Escolheu-se como intervalo de tempo de estudo as 20 primeiras semanas do ano de 2013 devido ao maior índice de propagação do vírus Influenza A H1N1 no Brasil.

A simulação do modelo foi realizada a partir das equações diferenciais 3, 4 e 5 e por meio da ferramenta Xcos do software Scilab de modo a estudar o comportamento do sistema a partir dos modelos que o descrevem. O Scilab foi escolhido para realização deste trabalho por ser um software gratuito, de alto rendimento e bastante utilizado no meio acadêmico. O Xcos é uma ferramenta adequada tanto para modelagem e simulação de sistemas dinâmicos quanto para simples operações algébricas.

Entre as principais vantagens da utilização do Xcos estão sua interface simples e amigável que permite a construção de modelos a partir de diagramas de blocos, que são compilados e simulados em uma única execução, além de gerar saída gráfica como solução do sistema. Os demais gráficos deste trabalho também foram construídos pelo software, utilizando o navegador de variáveis disponível no console do mesmo.

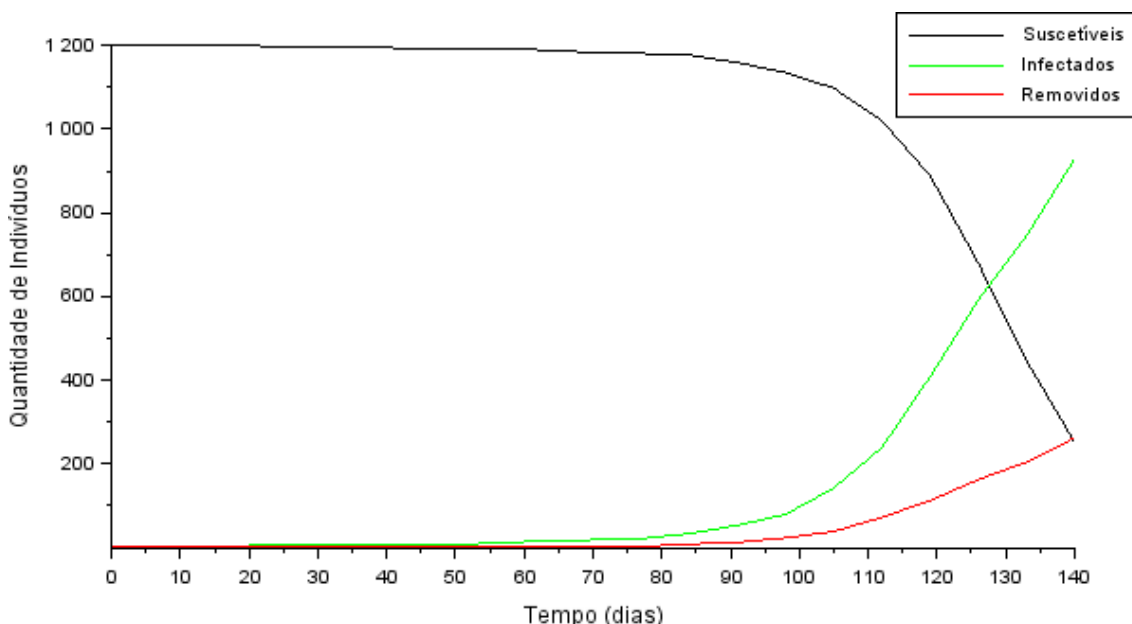
Ao analisar o grupo de indivíduos removidos, optou-se por considerar apenas os indivíduos mortos, uma vez que o boletim epidemiológico não

fornece dados relativos a indivíduos recuperados, sendo esse encontrado por meio da diferença entre a taxa de transmissão do modelo SI e SIR.

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

A partir de dados coletados no boletim epidemiológico de Influenza, pode-se observar a tendência do vírus influenza A H1N1 nos grupos suscetível, infectado e removido durante as 20 primeiras semanas do ano 2013. O gráfico pode ser observado na Figura 1 a seguir.

Figura 1: Comportamento dos grupos do modelo SIR para o vírus Influenza A H1N1 para dados coletados nas 20 primeiras semanas no ano de 2013 no Brasil.



Fonte: Boletim Epidemiológico disponível no site do Portal da Saúde.

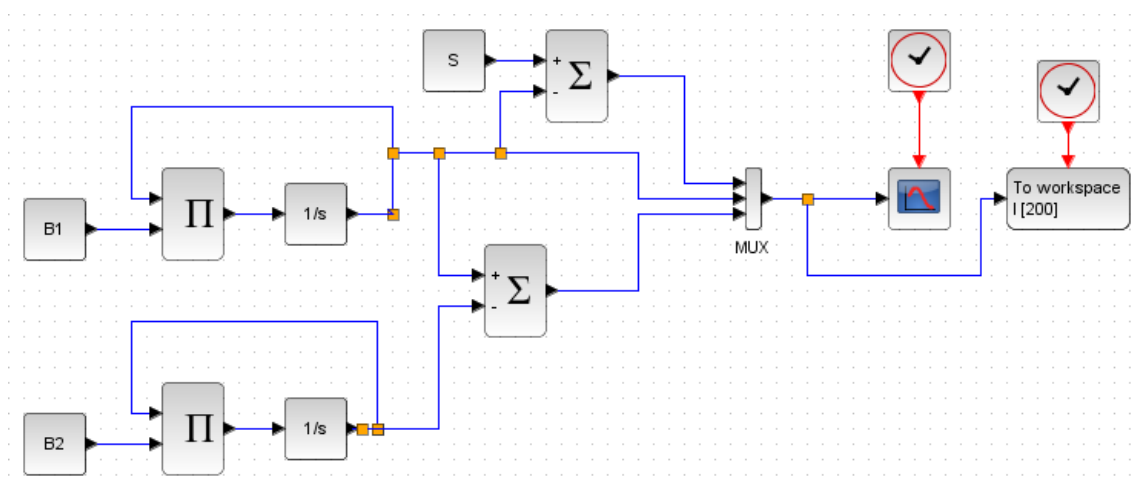
Para simulação do modelo SIR no Xcos/Scilab é necessário conhecimento sobre a velocidade de disseminação do vírus no Brasil durante o intervalo de tempo estabelecido tanto para o modelo SI quanto para o modelo SIR. Isso ocorre, pois, a equação diferencial ordinária que representa a quantidade de indivíduos suscetíveis ao vírus não depende da quantidade de indivíduos removidos.

Tais velocidades, ou seja, as taxas de infecção de indivíduos podem ser obtidas por meio da linearização dos dados provenientes do boletim

epidemiológico. Os valores encontrados para os modelos SI e SIR e seus coeficientes de correlação foram 0,0519 e 0,0494 e 0,97 e 0,967, respectivamente.

Em seguida, construiu-se um diagrama de blocos para o modelo SIR no Xcos, conforme exposto na Figura 2. Na simulação, os modelos matemáticos são integrados por um solucionador numérico com parâmetros configuráveis.

Figura 2: Diagrama de blocos construído no Xcos para simulação do modelo SIR.



Fonte: Próprio autor.

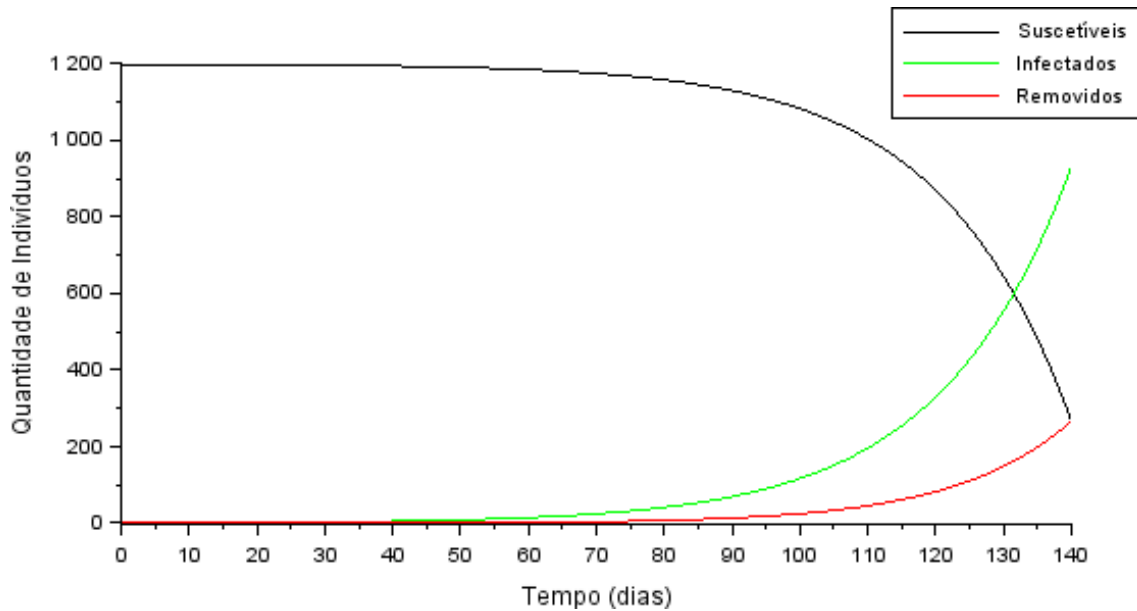
Em que B1 e B2 são as taxas de transmissão para os modelos SI e SIR respectivamente e S é a quantidade de indivíduos suscetíveis inicialmente. O gráfico gerado pela simulação do modelo pode ser visualizado na Figura 3.

Observa-se que as respostas geradas pela simulação no Xcos são uma boa aproximação dos dados coletados no boletim epidemiológico para infecção do vírus Influenza A H1N1, o que confirma que o Xcos é uma boa ferramenta para simulação de fenômenos epidemiológicos. O maior desvio, de aproximadamente 50%, é encontrado entre os dias 120 e 130 nos gráficos de indivíduos infectados e removidos e pode ser justificado por erros associados às linearizações dos dados e conseqüentemente às taxas de transmissão encontradas, além da indisponibilidade de dados diários.

Uma vez conhecidas as taxas de transmissão e remoção, a construção de um diagrama de blocos que representa o modelo é relativamente simples e dessa forma, pode-se considerar o Xcos como ferramenta de simulação

adequada tanto para modelos simples, tais como o SI, quanto para modelos mais complexos, como o SIR.

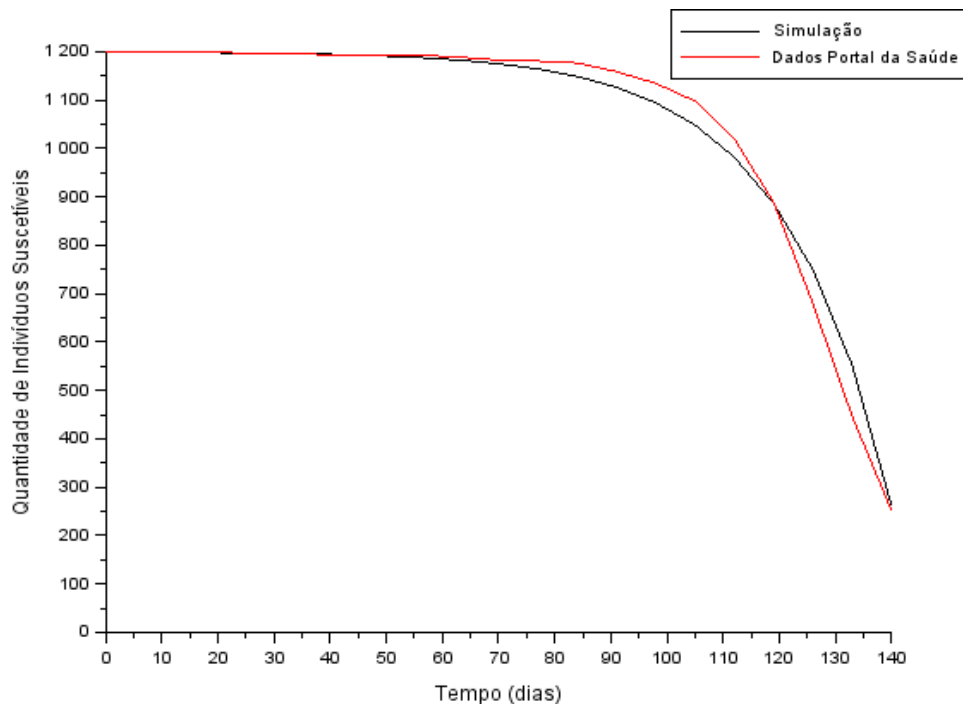
Figura 3: Gráfico gerado pela simulação do modelo SIR para o vírus Influenza A H1N1 na ferramenta Xcos do software Scilab.



Fonte: Próprio autor.

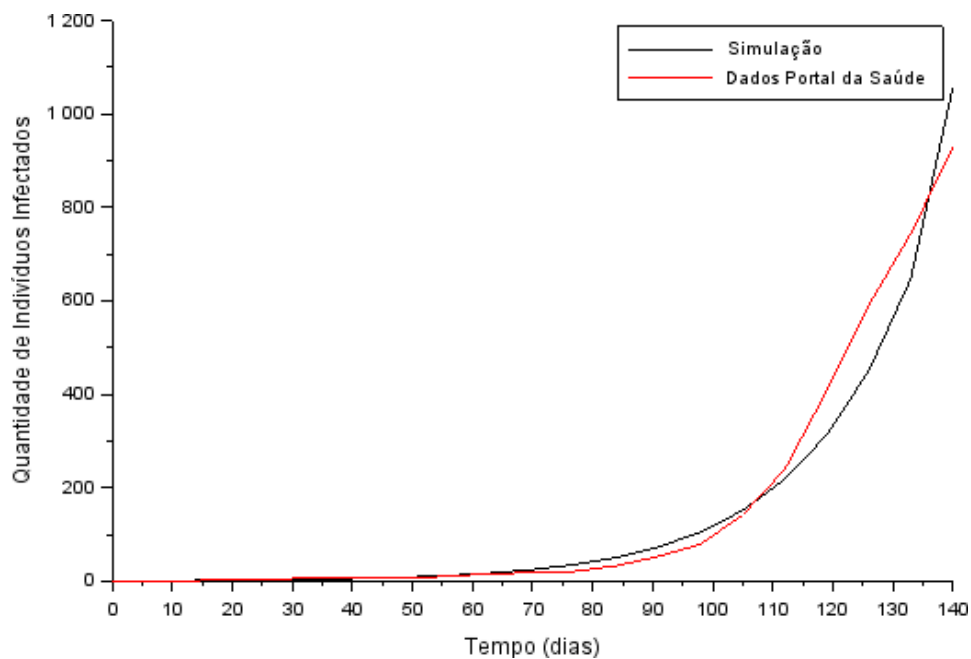
Para uma melhor comparação, as curvas referentes a cada grupo foram plotadas separadamente e encontram-se dispostas da Figura 4 a Figura 6.

Figura 4: Comparação do comportamento do grupo de indivíduos suscetíveis ao vírus Influenza A H1N1.



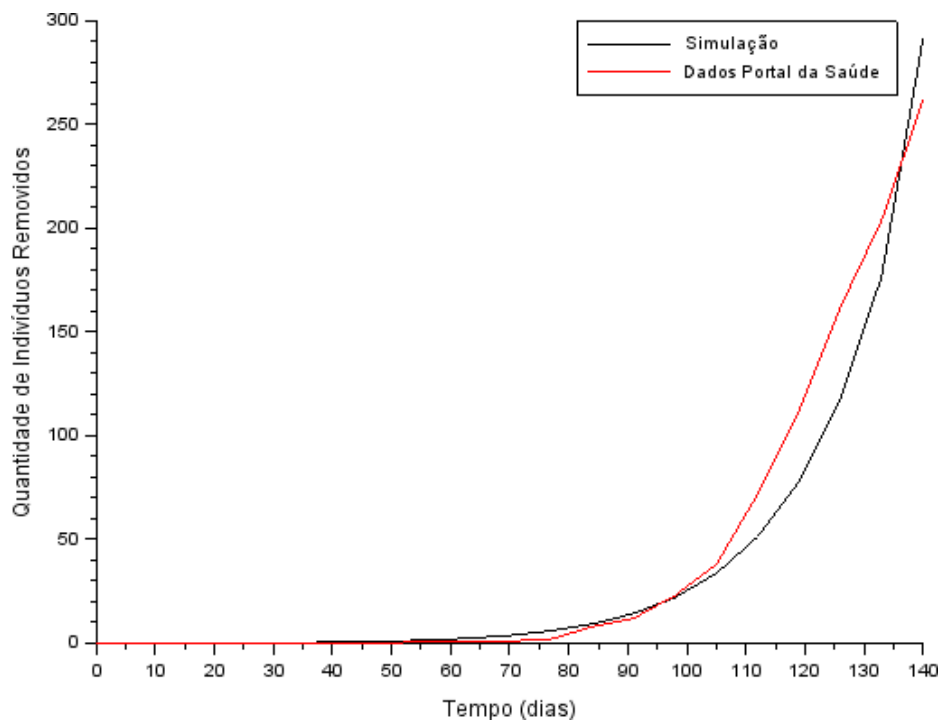
Fonte: Próprio autor.

Figura 5: Comparação do comportamento do grupo de indivíduos infectados pelo vírus Influenza A H1N1.



Fonte: Próprio autor.

Figura 6: Comparação do comportamento do grupo de indivíduos removidos pelo vírus Influenza A H1N1.



Fonte: Próprio autor.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste trabalho, analisou-se uma metodologia para simular o modelo epidemiológico SIR para o vírus Influenza A H1N1 utilizando o a ferramenta Xcos do software Scilab. Pode-se concluir que o Xcos é uma ferramenta adequada para simulação de modelos mais complexos tal como o SIR, visto que os resultados encontrados são próximos dos dados reais fornecidos pelo boletim epidemiológico disponível pelo Portal da Saúde. Além disso, o fato do Xcos ser de fácil manipulação, bastante didático, de bom desempenho e de domínio público o torna uma ferramenta ainda mais satisfatória.

REFERÊNCIAS

BARROS, A. M. R. Modelos matemáticos de equações diferenciais ordinárias aplicadas à epidemiologia. **Revista de Ciências Exatas e Tecnologia**, 2007. Disponível em:

<<http://pgsskroton.com.br/seer/index.php/rcext/article/viewFile/2382/2286>>
Acesso em: 20 junho 2017.

FILHO, C. A. A. **Dengue: Modelo Matemático para Evolução das População de Mosquitos e Humanos Infectados em Diferentes Estratégias de Controle**. CEFET-MG, Belo Horizonte, 2011.

GALANTE, G. **Epidemiologia Matemática e Computacional**. Unioeste, 2008.

GENSHEIMER, K. F.; MELTZER, M. I.; POSTEMA, A. S., STRIKAS, R. A. Influenza pandemic preparedness. **PMC Journals**, Dez. 2003. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3034335/>>. Acesso 20 junho 2017.

LUIZ, M.H.R. **Modelos Matemáticos em Epidemiologia**, IGCE/UNESP, Rio Claro, 2012.

PATIL, J. Y.; DUBEY, B.; MOUDGALYA, K. M.; PETER, R., Scilab, Xcos and COMEDI for Data Acquisition and Control: An Open Source Alternative to LabVIEW. In: 8th IFAC SYMPOSIUM ON ADVANCED CONTROL OF CHEMICAL PROCESSES, **Anais eletrônicos**, Furama Riverfront, 2012. Portal da Saúde. Disponível em:<<http://portalsaude.saude.gov.br/index.php/situacao-epidemiologica-dados-influenza>>. Acesso em 25 de junho de 2017.

SOARES, A.L.O. **Modelagem alternativa para sistemas epidemiológicos**. UFABC, Santo André, 2010.

VIEIRA, Gustavo Borges. **Teoria qualitativa e estabilidade de Lyapunov para sistemas de equações de ordem fracionária e uma aplicação em um modelo SIR-SI para a dengue**. UFAL, Alfenas, 2017.

Edição especial - XX ENMC (Encontro Nacional de Modelagem Computacional) e VIII ECTM (Encontro de Ciência e Tecnologia dos Materiais), realizado entre 16 e 19 de outubro de 2017 na cidade de Nova Friburgo – RJ.

Editor – Mateus das Neves Gomes