



Sistemas Complexos aplicado a modelos epidemiológicos

Complex Systems applied to epidemiological models

JOÃO PAULO DE OLIVEIRA LIMA*¹

¹Instituto de Física – Universidade de Brasília

Resumo

Este trabalho visa discutir sobre sistemas complexos a partir dos modelos epidemiológicos SIR, SIRS, SEIR e SEIRS. É esperado que fique demonstrado a importância do estudo dos sistemas complexos, uma vez que este nos ensina também a reconhecer as limitações de modelos e mesmo de previsões via equações diferenciais. Esta área de estudo poderia ser tratada com outras abordagens, considerando que é uma área multidisciplinar, mas devido a esse momento histórico da pandemia do COVID-19, entender como modelos epidemiológicos funcionam é de suma importância.

Palavras-chave: *Sistemas Complexos, Modelos epidemiológicos, Sistemas dinâmicos.*

Abstract

This work aims to discuss about complex systems based on the epidemiological models SIR, SIRS, SEIR e SEIRS. It is expected that the importance of studying complex systems will be demonstrated, since it also teaches us to recognize the limitations of models and even predictions via differential equations. This study area could be treated with other approaches, considering that it is a multidisciplinary area, but due to this historical moment of the COVID-19 pandemic, understanding how epidemiological models work is of paramount importance.

Keywords: *Complex Systems, Epidemiological Models, Dynamic Systems.*

I. INTRODUÇÃO AOS SISTEMAS COMPLEXOS

O estudo sobre sistemas complexos abrange muitas áreas, tais como sociologia, economia, biologia, física, sistemas nervosos e claro, epidemiologia. O que essas áreas tem em comum é que são sistemas ditos dinâmicos. Isso significa que existem eventos que podem ser descritos por uma função a qual descreve a dependência temporal em um espaço de estados.

*joaopaulo.olima06@gmail.com

Na natureza e na sociedade vemos diversas vezes que fenômenos inesperados ou difíceis de entender acontecem, e isso se deve ao fato de que existe uma quantidade de agentes interagentes muito grande agindo localmente e que são capazes de gerar resultados não locais, em outras palavras, é o famoso efeito borboleta. Segundo (MITCHELL, 2009), um sistema complexo é "um sistema com um grande número de agentes interagentes que exhibe comportamentos emergentes não triviais e auto organizados". Vale dizer que emergentes significam efeitos de larga escala e auto organizados, se referindo a um comportamento organizado sem uma liderança. Um ótimo exemplo é o comportamento das formigas, que apesar de não possuírem um líder, são dotadas de grande organização e eficiência.

Talvez o ponto principal seja entender que o conhecimento não é fragmentado, mas compartilhado. Para isso é necessário aprender a olhar para os problemas de maneira global gerado pelas interações locais. Para entender sistemas complexos, várias ferramentas matemáticas podem e devem ser usadas quando possível. Como ressalta (MELOTTI, 2009), "O estudo de sistemas complexos tenta explicar o comportamento que esses sistemas (sistemas difíceis de descrever) produzem sem a necessidade de obter equações."

Neste trabalho, trataremos dos modelos epidemiológicos SIR, SIRS, SEIR e SEIRS, veremos a seguir o que cada um significa. Cada tipo de infecção viral terá um modelo mais apropriado, de modo que o objetivo aqui não será tratar de uma doença específica, mas apenas mostrar o comportamento para a curva de indivíduos suscetíveis, infectados, recuperados etc, para cada modelo.

II. EPIDEMIOLOGIA

A epidemiologia busca estudar como as doenças se difundem entre os seres humanos. Portanto, é um campo da ciência que inevitavelmente terá que lidar com diferentes variáveis, como fatores sociais, ambientais e genéticos. Logo, vemos aqui implicitamente que se trata de um sistema complexo, pois não há uma relação clara de causa e efeito, na verdade, poucas coisas tem.

No momento de escrita deste trabalho o mundo passa por uma pandemia (COVID-19), e a epidemiologia ganhou espaço na mídia e calorosas discussões a respeito. Pouco tempo atrás, houveram sérias preocupações com a gripe suína e há aproximadamente 100 anos o mundo foi assolado pela pandemia da gripe espanhola que matou milhões de pessoas. Podemos notar que surtos epidemiológicos não são eventos escassos, e com o aumento da população mundial, degradamento do meio ambiente, desequilíbrio ecológico e a alta desigualdade social em grande parte dos países, as quais geram situações de extrema pobreza, fazem com que essas situações tendam a acontecer com maior frequência.

A dinâmica do texto seguirá a seguinte lógica. Primeiramente trataremos explicações acerca de cada modelo, bem como suas equações diferenciais e os respectivos gráficos. Ao final, temos um apêndice no qual será fornecido o código do programa para o modelo SIR sem dinâmica vital na linguagem *Python*, uma vez que ele é o programa base para todos os outros. Logo, para os gráficos dos outros modelos, as mudanças são muito simples de serem implementadas.

III. MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR E SIRS

Para o desenvolvimento sobre os modelos epidemiológicos, a principal referência foi o site (Bill & Melinda Gates Foundation, 2021).

Veremos agora como funciona o modelo SIR (Suscetível, Infectado, Recuperado) e SIRS (Suscetível, Infectado, Recuperado, Suscetível). O primeiro modelo considera que os indivíduos recuperados ganham imunidade total contra o vírus adquirido. Em contrapartida, o segundo permite a reinfeção, pois considera que a imunidade vai reduzindo com o tempo.

O diagrama abaixo visa mostrar de maneira esquemática como os dois modelos funcionam, sendo que a linha tracejada representa a reinfeção (SIRS).

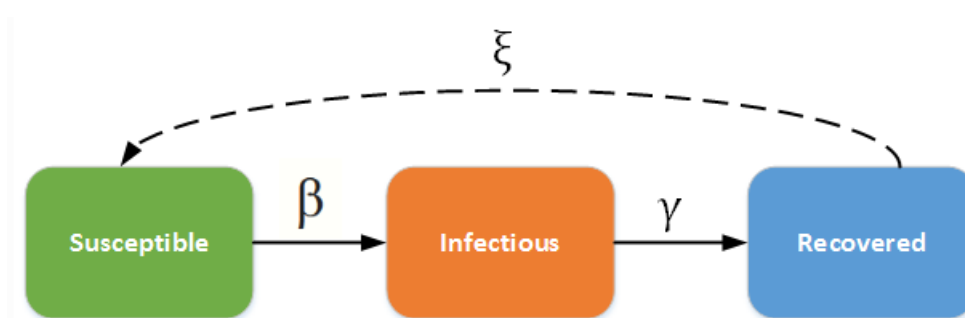


Figure 1: Representação esquemática dos modelos epidemiológicos SIR e SIRS. Fonte:(Bill & Melinda Gates Foundation, 2021)

- β : Taxa de infecção. Quanto maior for o beta, maior a probabilidade de transmissão entre um ser infectado e um suscetível.
- $\gamma = \frac{1}{D}$: Taxa de recuperação. Por isso é definida como sendo o inverso do tempo da infecção (D).
- ξ : Taxa de reinfeção para o modelo SIRS.

Há uma consideração muito importante que deve ser feita ao formular um modelo epidemiológico, ou que seja para a implementação de um específico para uma determinada doença. É preciso reconhecer se a doença tem potencial para durar por muito tempo, ou se possui uma taxa de morte elevada, pois, caso afirmativo, deve se levar em consideração o número de mortes e nascimentos no período ativo da doença. Chamamos isso de *dinâmica vital*. Isso é relevante pois a modelagem via equação diferencial será diferente.

III.1. SIR sem dinâmica vital

Aqui teremos o vínculo $N = S + I + R$, em que N é a população total. Vemos abaixo o comportamento previsto possível para uma epidemia seguindo esta modelagem. Vale lembrar, que para todos os exemplos aqui tratados, mesmo nos que consideram dinâmica vital, considerarei a taxa de mortalidade igual a de nascimento. Sabendo disso, podemos

colocar as equações diferenciais como:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta SI}{N}, \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I.\end{aligned}\tag{1}$$

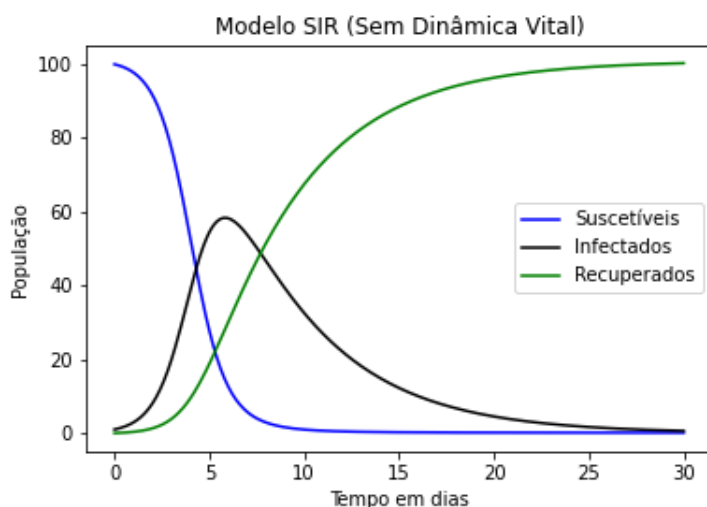


Figure 2: Dinâmica epidemiológica do modelo SIR sem dinâmica vital. Fonte: Autoral.

Para entender as equações aqui apresentadas, deve-se refletir sobre o que é esperado que ocorra com o sistema dado um tempo para cada grupo de indivíduos. Dito isso, em um conjunto de indivíduos suscetíveis a uma doença, é esperado que os suscetíveis decresçam com o tempo ao ser multiplicado pela taxa de infecção β , por isso o sinal negativo. A taxa de variação dos infectados, em contrapartida, aumenta com o número de infectados e cai quanto maior for a taxa de recuperação γ , isso explica a alternância entre os sinais. Por último, a taxa de recuperados irá depender apenas dos indivíduos que já tiveram a doença, por isso a dependência única à taxa de recuperação.

Pode-se notar que como estamos falando de uma epidemia não letal, os suscetíveis, bem como os recuperados atingem valores estáveis muito rápido.

III.2. SIR com dinâmica vital

Quando consideramos a chamada dinâmica vital, a descrição do sistema passa a ser mais completa, e conseqüentemente mais complexa. Uma vez que teremos indivíduos nascendo, o que implica em um aumento no número de seres suscetíveis à doença e temos indivíduos morrendo, de modo que ao considerar um intervalo de tempo grande, a tendência é que a doença atinja um estado estacionário e não seja extinta. Sendo assim, as equações 1 podem

ser modificadas para:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu N - \frac{\beta SI}{N} - \nu S, \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I - \nu I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \nu R.\end{aligned}\tag{2}$$

Aqui temos μ e ν como sendo as taxas de nascimento e morte respectivamente. Essas modificações são consistentes, pois para o grupo dos suscetíveis, estamos contabilizando os novos indivíduos introduzidos no sistema μN bem como a morte de pessoas suscetíveis à doença νS . Deve-se contabilizar agora as mortes para os infectados e os recuperados, o que explica o sinal negativo nas duas últimas expressões.

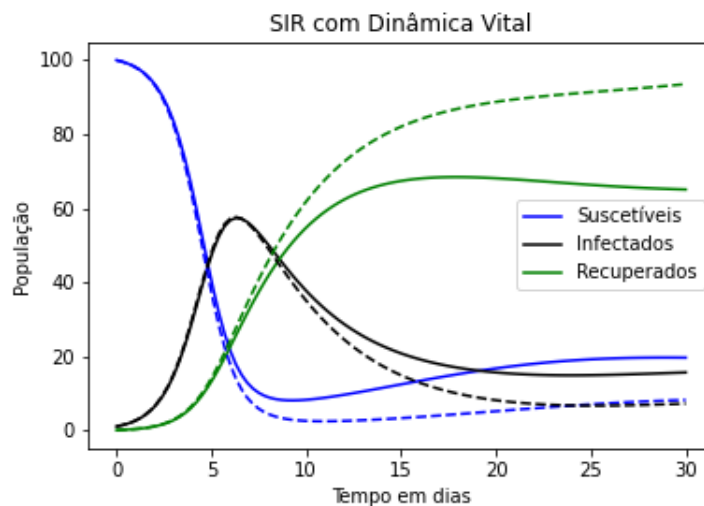


Figure 3: Dinâmica epidemiológica do modelo SIR com dinâmica vital. Fonte: Autoral.

Para a produção desta simulação, foram adicionadas ao código 1 os termos referentes a morte e nascimento dentro da estrutura de repetição *for*. A linha contínua representa uma taxa de mortalidade e de nascimento igual a 0.05 e a tracejada 0.01 (valores arbitrários).

III.3. SIRS sem dinâmica vital

Como já dito anteriormente, este modelo considera a taxa de reinfecção ζ . Sendo assim, a modelagem matemática pode ser simplesmente modificada em relação ao caso SIR, adicionando os indivíduos recuperados que agora passam a ser suscetíveis ζR e subtraindo este mesmo termo dos recuperados

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta SI}{N} + \zeta R, \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \zeta R.\end{aligned}\tag{3}$$

No gráfico 4 há uma abordagem diferente, pois os indivíduos suscetíveis a reinfecção foram considerados separadamente. Na imagem, esse grupo de pessoas está na cor vermelha.

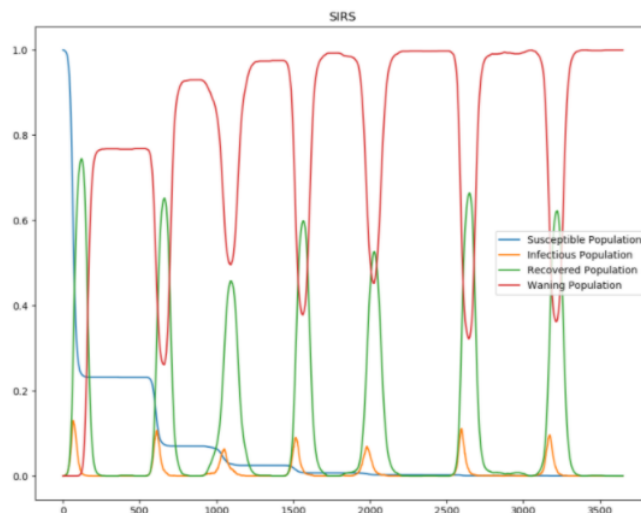


Figure 4: Dinâmica epidemiológica do modelo SIRS sem dinâmica vital. Fonte: (Bill & Melinda Gates Foundation, 2021).

No próximo gráfico, foi utilizado o código 1 adicionando o termo $\xi = 1/500$. A diferença com relação ao último apresentado, é que os indivíduos que perdem a imunidade ao vírus são reintroduzidos ao grupo dos suscetíveis.

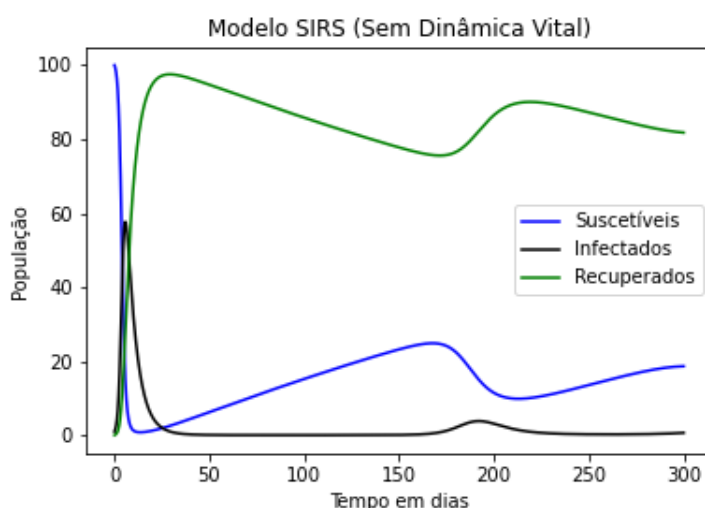


Figure 5: Dinâmica epidemiológica do modelo SIRS sem dinâmica vital. Fonte: Autoral

III.4. SIRS com dinâmica vital

Novamente, adicionamos os termos correspondentes a taxa de mortalidade ν e natalidade μ :

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu N - \frac{\beta SI}{N} + \zeta R - \nu S, \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I - \nu I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \zeta R - \nu R.\end{aligned}\quad (4)$$

Para gerar esta figura, foi utilizado $\mu = \nu = 0.005$ para o traço contínuo e para o tracejado 0.001. É interessante comparar com a figura 5 e notar a diferença de comportamento, apesar dos suscetíveis e recuperados tenderem para mais ou menos os mesmos valores.

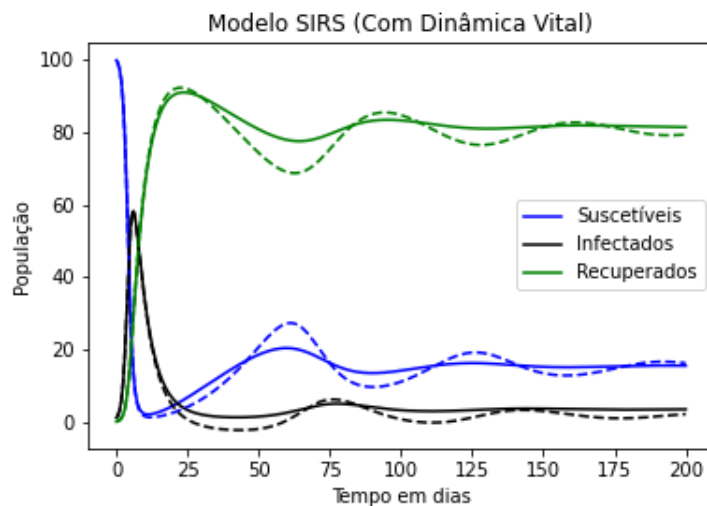


Figure 6: Dinâmica epidemiológica do modelo SIRS com dinâmica vital. Fonte: Autoral

IV. MODELO EPIDEMIOLÓGICO SEIR E SEIRS

Para este tipo de modelagem, a grande diferença com relação ao sistema SIR, é que agora possuímos um tempo de incubação. Ou seja, o sujeito que é infectado não necessariamente transmite o vírus, só o fará caso esteja com o vírus há mais tempo que o período de incubação, que é quando o vírus já se replicou o suficiente para que haja o contágio. Novamente, faremos a diferença entre os modelos em que há mortes e nascimentos e os que não há.

O diagrama seguinte contém basicamente as mesmas informações do modelo anterior, com a diferença do termo σ . Esse termo representa a taxa de incubação, ou seja, ele representa a taxa com a qual indivíduos infectados se tornam infecciosos.

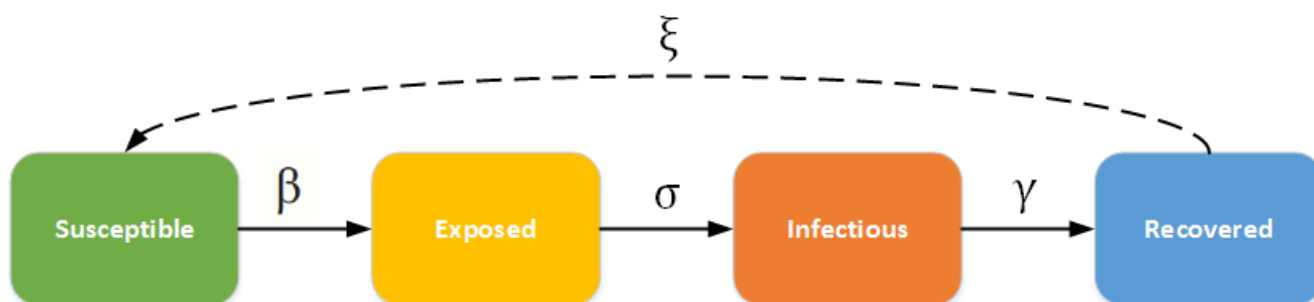


Figure 7: Representação esquemática dos modelos epidemiológicos SIR e SIRS. Fonte: (Bill & Melinda Gates Foundation, 2021)

IV.1. SEIR sem dinâmica vital

Vemos que o conjunto de equações são iguais ao do modelo SIR, com excessão agora do grupo de *expostos*. A sua modelagem consiste em considerar os indivíduos infectados mas não transmissores do vírus, menos aqueles que excederam o período de incubação. Logo, ficamos com as equações;

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta SI}{N}, \\
 \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \sigma E, \\
 \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I, \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I.
 \end{aligned}
 \tag{5}$$

As implicações diretas ao considerar um período de latência da doença, é que a doença irá demorar mais tempo para se disseminar entre a população. Compare a figura 2 em que o pico de infectados foi por volta do sexto dia, e neste caso da figura 8, temos o pico por volta do dia 20.

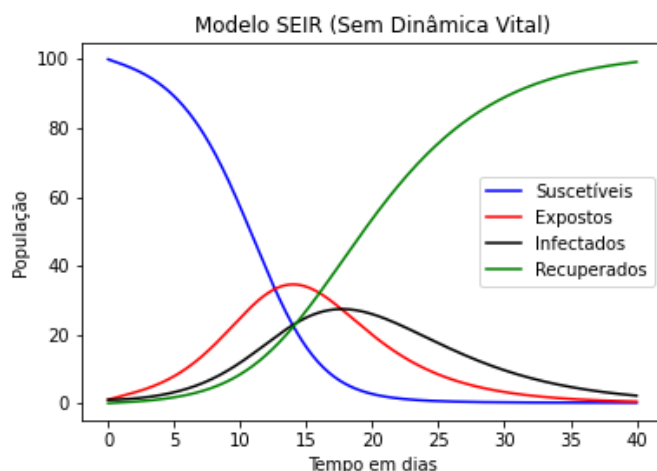


Figure 8: Dinâmica epidemiológica do modelo SIRS com dinâmica vital. Fonte: Autoral

Aqui foi utilizado $\sigma = \frac{1}{5}$ e foi adicionado à estrutura de repetição *for* do código 1 o vetor para os indivíduos expostos, iniciando com o valor 1.

IV.2. SEIR com dinâmica vital

Tal como vimos para o modelo SIR, habilitar a dinâmica vital (nascimentos e mortes) pode prolongar a ocorrência de uma epidemia, pois o estoque de suscetíveis é sempre renovado. Sendo assim, as equações podem ser escritas como:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \mu N - \nu S - \frac{\beta SI}{N}, \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \sigma E - \nu E, \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I - \nu I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \nu R. \end{aligned} \tag{6}$$

No gráfico 9 temos a linha contínua que representa uma mortalidade de 0.5% e a tracejada igual a 0.2%.

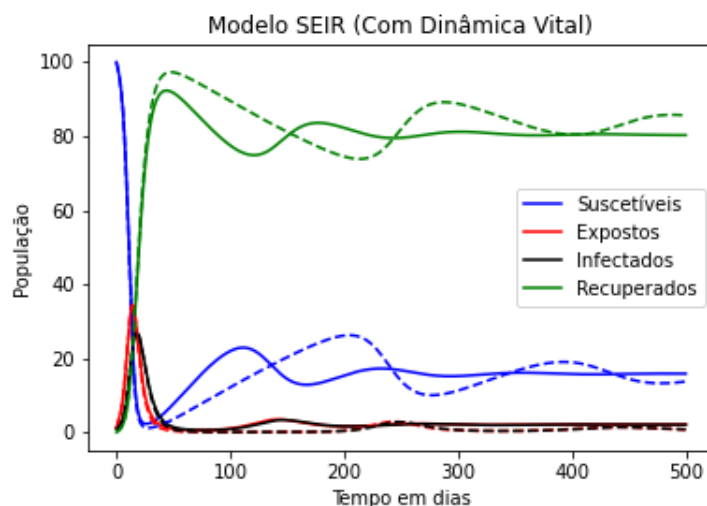


Figure 9: Dinâmica epidemiológica do modelo SEIR com dinâmica vital. Fonte: Autoral

Assim como foi explicado sobre a imagem 4, ficamos com a seguinte representação.

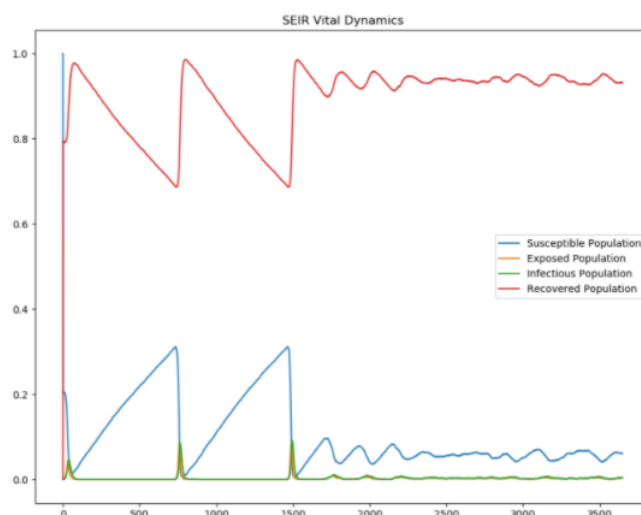


Figure 10: Dinâmica epidemiológica do modelo SEIR com dinâmica vital. Fonte: (Bill & Melinda Gates Foundation, 2021)

IV.3. SEIRS sem dinâmica vital

Considerando a possibilidade de reinfecção, como foi feito para o caso SIRS, ficamos com o seguinte conjunto de equações diferenciais e gráfico:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta SI}{N} + \zeta R, \\
 \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \sigma E, \\
 \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I, \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \zeta R.
 \end{aligned}
 \tag{7}$$

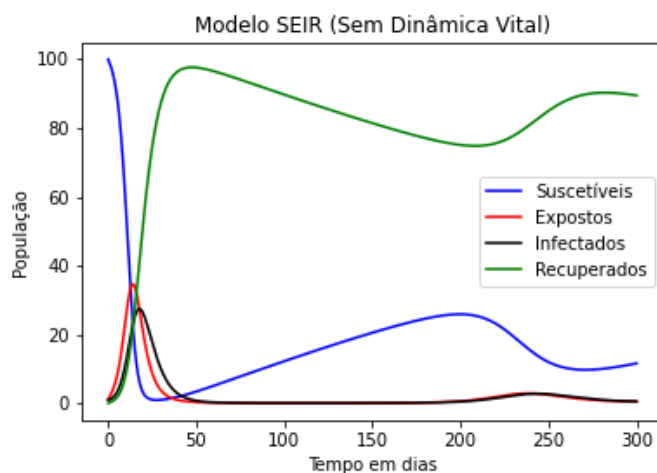


Figure 11: Dinâmica epidemiológica do modelo SEIRS sem dinâmica vital. Fonte: Autoral

A figura obtida é muito semelhante à correspondente do modelo SIRS, o que era de se esperar visto que as equações diferem apenas por termos parte da população infectada, porém não infecciosa, e é isso que vemos no gráfico. Percebe-se também que o pico de expostos ocorre antes do pico de infectados, o que é natural de se esperar.

IV.4. SEIRS com dinâmica vital

De modo análogo ao caso SIRS, temos o seguinte conjunto de equações diferenciais e gráfico:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \mu N - \frac{\beta SI}{N} + \zeta R - \nu S, \\
 \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \sigma E - \nu E, \\
 \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I - \nu I, \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \zeta R - \nu R.
 \end{aligned}
 \tag{8}$$

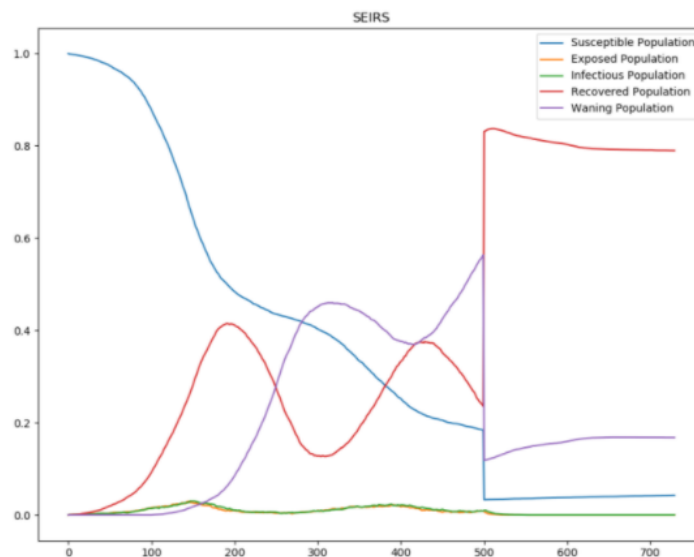


Figure 12: Dinâmica epidemiológica do modelo SEIRS com dinâmica vital. Fonte: (Bill & Melinda Gates Foundation, 2021)

O gráfico, bem como o 5, considera o grupo de pessoas reinfectadas como um conjunto separado das pessoas suscetíveis. Já a última representação foi feita de acordo com um código similar ao 1 com mudanças triviais. Nota-se a relação entre expostos e infectados é coerente, pois o pico do primeiro é maior em intensidade e ocorre um pouco antes do segundo.

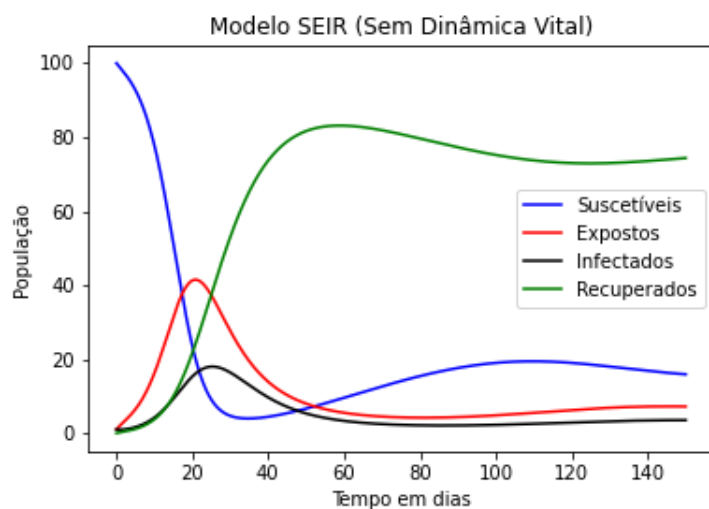


Figure 13: Dinâmica epidemiológica do modelo SEIRS com dinâmica vital. Fonte: Autoral

V. CONCLUSÃO

Foi discutido neste trabalho a relação entre modelos epidemiológicos e sistemas complexos. Pode-se notar que há uma correspondência entre aquilo que se esperava obter graficamente e teoricamente, com o obtido com um código simples. É interessante perceber que comportamentos curiosos foram obtidos, sendo estes fáceis de serem ignorados se não prestamos atenção nos parâmetros utilizados, bem como o tempo da doença, o que evidencia uma característica de sistemas com algum grau de complexidade.

Deve-se dizer que como o teor deste artigo é ilustrativo, a quantidade de dias representado no eixo das abscissas foi aquele no qual o comportamento interessante se verificava. Por fim, o estudo de sistemas complexos é uma vasta e promissora área, que permeia grande parte do nosso dia a dia, sem mesmo que percebamos. Estudar sistemas complexos nos faz lembrar que ser um cientista não é necessariamente saber com exatidão as respostas para os diversos problemas propostos. Antes disso, é extremamente necessário conhecer os modelos, variáveis e as aproximações com as quais de fato estamos lidando.

REFERENCES

Bill & Melinda Gates Foundation. *SIR and SIRS models*. Institute for Disease Modeling (IDM), 2021. Disponível em: <<https://docs.idmod.org/projects/emod-hiv/en/latest/model-sir.html>>. Acesso em: 05 jan. 2021. 61, 64, 66, 68, 69

LINGE SVEIN; PETTER LANGTANGEN, H. *Programming for computations-MATLAB/Octave*. [S.l.]: Springer Nature, 2016. 71

MELOTTI, G. *Aplicação de autômatos celulares em sistemas complexos: Um estudo de caso em espalhamento de epidemias*. [S.l.: s.n.], 2009. 60

MITCHELL, M. *Complexity: A guided tour*. [S.l.]: Oxford University Press, 2009. 60

VI. APÊNDICE

O código em Python abaixo representa a seguinte situação hipotética. Supõe-se uma população isolada de 101 habitantes, no qual 1 está infectado e os outros 100 estão suscetíveis a adquirir a enfermidade. Os parâmetros β e γ foram calculados considerando que ao analisar a dinâmica da propagação do vírus, notou-se que a diferença entre dois levantamentos estatísticos diários apresentou um aumento de 25 infectados. Logo o número de suscetíveis foi reduzido em 25 pessoas. O gamma nos diz que dentre as 25 pessoas infectadas, 5 se recuperaram em um dia. O modo do cálculo bem como o esqueleto do programa foi baseado no livro (LINGE SVEIN; PETTER LANGTANGEN, 2016).

```

from numpy import zeros, linspace
import matplotlib.pyplot as plt
beta = 25/(75*25)
gamma = 5/25
h = 0.1
df = 30
dn = int(df/h)
t = linspace(0, dn*h, dn+1)
S = zeros(dn+1)
I = zeros(dn+1)
R = zeros(dn+1)
S[0] = 100
I[0] = 1
R[0] = 0
for n in range(dn):
    S[n+1] = S[n] - h*beta*S[n]*I[n]
    I[n+1] = I[n] + h*beta*S[n]*I[n] - h*gamma*I[n]
    R[n+1] = R[n] + h*gamma*I[n]
fig = plt.figure()
plt.plot(t, S, color='blue', label='Suscetíveis')
plt.plot(t, I, color='black', label='Infectados')
plt.plot(t, R, color='green', label='Recuperados')
plt.xlabel('Tempo em dias')
plt.ylabel('População')
plt.title('Modelo SIR (Sem Dinâmica Vital)')
plt.legend()
plt.savefig('SIR_sem_DV.png')

```

Listing 1: Código PYTHON do método de Euler de integração, aplicado ao modelo epidemiológico SIR