

# Software de simulações dos modelos Sir e Seir como ferramenta de gerenciamento ambiental de doenças epidemiológicas

Ranaya Silva Barbosa\*, Andresa Sampaio Santos Soares†, Deisy de Assis Coelho† e Djan Almeida Santos††

## Resumo

As epidemias têm causado pânico em todo o mundo desde a antiguidade, nos dias de hoje a dengue, zika vírus e a chikungunya tem sido alvo de grande preocupação nacional. Observa-se, portanto, a importância de se compreender a dinâmica de transmissão dessas doenças através da técnica de investigação por modelos matemáticos, uma vez que este método não interfere no meio estudado. Visando auxiliar no gerenciamento ambiental por meio da compreensão da dinâmica das epidemias, captura do comportamento qualitativo do modelo e dos parâmetros que podem influenciar significativamente no processo de transmissão, foi desenvolvido um software de simulação dos modelos SIR e SEIR empregando o Método de Integração Numérica de Runge-Kutta de 4ª ordem implementado em linguagem de programação JAVA.

## Palavras-chave

SIR; SEIR; Gerenciamento Ambiental.

# Software for simulation of the SIR and SEIR models as an environmental management tool disease epidemic

## Abstract

Since ancient times, epidemics have caused panic around the world. Today, dengue, zika virus and chikungunya have been the subject of national concern. Understanding the dynamics of these diseases through mathematical models shown as a viable alternative why not interfere in the analysis medium. from this, capturing the adjusted mathematical model behavior can assist in environmental management. to this end, we developed a simulation software of SIR and SEIR models that allows the parameter setting for each study location . for this, we used the Numerical Integration method of Runge-Kutta 4th order implemented in Java programming language.

## Keywords

SIR; SEIR; Public Environmental Management.

## I. INTRODUÇÃO

As epidemias são causadoras de pânico em todo o mundo desde a antiguidade. Segundo o Ministério da Saúde epidemia é toda doença infectocontagiosa que ocorre em uma coletividade ou determinada região e pode se propagar de forma rápida entre pessoas de outras regiões, originando surtos epidemiológicos.

Na história do Brasil a primeira epidemia registrada foi a febre amarela, transmitida pela picada do mosquito *Aedes aegypti*, cujos primeiros casos datam de 1685. Nos dias de hoje a dengue, zika vírus e a chikungunya tem causado grande preocupação nacional, sendo todas elas causadas pelo

mesmo agente transmissor, o mosquito *Aedes aegypti* em meio urbano e pelo mosquito *Aedes albopictus* em meio rural. São pertencentes a família Flavírus, caracterizando-se por doenças virais agudas cujos sintomas são febre alta, dores de cabeça, corpo e articulações.

Dados do Ministério de Saúde [1] registraram em 2015, 1.534.932 casos prováveis de dengue, 17.146 casos suspeitos de chikungunya, sendo 6.726 validados e confirmação laboratorial do Zika Vírus em 8 estados brasileiros. Além da associação do zika vírus com crescimento dos casos de microcefalia e síndrome de Guillain-Barré (doença infecciosa grave que atinge o sistema nervoso) em regiões com a presença do vírus.

† Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Bahia

E-mail: deisy.assis@gmail.com; rayana.barbosa@gmail.com; andressa.ssoares@gmail.com; djan.info@gmail.com;

Data de envio: 18/07/2016

Data de aceite: 16/09/2016

<http://dx.doi.org/10.18226/23185279.v4iss2p114>

Os dados expostos demonstram a importância de se compreender a dinâmica de transmissão dessas epidemias bem com a avaliação de possíveis soluções e/ou estratégias de mitigação. Nesses casos, devido ao custo e periculosidade, a simulação computacional de modelos matemáticos permite o estudo dessas epidemias sem que haja a necessidade de qualquer perturbação nesses sistemas, uma vez que os estudos acontecem por via computacional.

Um dos grandes triunfos de aliar modelos matemáticos a transmissões de doenças foi o desenvolvimento de modelos muito simples, capazes de reproduzir este tipo de dinâmica [2].

O primeiro trabalho de aplicação de modelos matemáticos aos estudos de epidemias foi feito por Daniel Bernoulli em 1760, cujos resultados validaram a utilização da modelagem matemática como forma de avaliar as medidas de saúde pública.

Segundo Silva [3] alguns dos modelos epidemiológicos que existem são:

- SI, modelo onde o indivíduo susceptível se infecta e não se recupera;
- SIS, representa as doenças onde o hospedeiro susceptível que se infecta torna-se susceptível novamente;
- SIR, modelo para as doenças em que os indivíduos susceptíveis que se infectaram podem se tornar imunes;
- SEIR, que contempla um período de latência entre o período susceptível e infectado.

Após definição do modelo matemático que descreve o que se pretende estudar faz-se simulações. Simulação é o processo de projetar e/ou realizar experimentos a partir de um sistema real através de um modelo matemático com o intuito de entender o comportamento deste sistema e avaliar possíveis soluções e/ou estratégias de mitigação.

Devido à complexidade de resolução dos modelos de forma manual, surge a necessidade da utilização de um software. Os softwares possibilitam cálculos mais precisos, velocidade na produção de resultados, além da tradução destes resultados em formas de gráficos ou tabelas.

A partir deste cenário, discutiremos neste artigo a utilização de softwares de simulação dos modelos SIR e SEIR para compreensão da evolução do quantitativo de infecções das epidemias da dengue, zika vírus e chikungunya, além do estudo das possíveis variáveis que influenciam significativamente no processo de transmissão e requerem uma maior atenção do poder público para que os esforços sejam concentrados nas variáveis que mais influenciam na diminuição do número de infectados

## II. MATERIAL E MÉTODOS

Dentre os diversos modelos matemáticos epidemiológicos que descrevem uma doença, iremos discutir e analisar o comportamento e a evolução da transmissão de doenças, tais como a dengue, chikungunya e zika vírus por meio de simulações computacionais do modelo SIR e do modelo SEIR.

### Modelo SIR

O modelo SIR, generalizado por Esteva & Vargas [4] tem a seguinte o seguinte sistema de equações ordinárias diferenciais:

$$S'_H(t) = \mu_H(1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{(N_H+m)} S_H I_V,$$

$$I'_H(t) = b\beta_H \frac{A/\mu_V}{(N_H+m)} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H) I_H,$$

$$I'_V(t) = b\beta_V \frac{N_H}{(N_H+m)} (1 - I_V) I_H - \mu_V I_V.$$

Neste modelo a população humana da região em estudo ( $N_H$ ) divide-se em: susceptíveis ( $S_H$ ), infectados ( $I_H$ ) e recuperados ( $R_H$ ). Os humanos susceptíveis compreendem a parcela da população não infectada pela doença, os humanos infectados são os portadores do vírus e conseqüentemente, capazes de infectar o mosquito e os humanos recuperados dizem respeito aos indivíduos que contraíram o vírus e se tornaram imunes àquele sorotipo. Com relação à população total de vetores ( $N_V$ ), subdividiu-se em duas classes: vetores susceptíveis ( $S_V$ ) e vetores infectados ( $I_V$ ). Não se trata neste modelo de uma classe de vetores recuperados uma vez que o tempo de vida da espécie transmissora é muito curto para que ocasione alguma influência.

A dinâmica das populações de humanos e vetores influenciam no modelo com mais alguns parâmetros, são eles:

Tab. 1: Parâmetros do modelo SIR

Parâmetro	Símbolo	Unidade
Taxa de recuperação de humanos infectados	$\gamma_H$	humanos/dia
Taxa de natalidade para a população humana	$\mu_H$	humanos/dia
Quantidade diária de picadas realizadas por mosquito	$b$	picadas/mosquito.dia
Quantidade de hospedeiros alternativos	$m$	hospedeiros
Probabilidades de transmissão da doença em humanos a partir do vetor infectado	$\beta_H$	-
Probabilidades de transmissão da doença vetores a partir de humanos infectados	$\beta_V$	-
Taxa de incremento do vetor	$A$	vetores/dia

Importante ressaltar que o crescimento é constante e não são considerados fatores migratórios.

### Modelo SEIR

O modelo proposto por Newton e Reiter [5] apresenta um sistema de equações diferenciais ordinárias composto por sete classes que representam os diversos estágios de uma doença tanto para o vetor responsável pela transmissão quanto para a população humana. A classe Exposto são os períodos de latência para vetor (vetores expostos -  $E_v$ ) e para o humano (indivíduos expostos -  $E_h$ ), ou seja, após infectado

tanto o humano quanto o vetor contraem o vírus mas ainda não apresentam sintomas e também não possuem capacidade de infectar populações susceptíveis. A dinâmica é dada pelas equações diferenciais ordinárias:

$$\begin{aligned} \frac{dS_h}{dt} &= \frac{N_h}{T_{lh}} - S_h \left( I_v \frac{C_{vh}}{N_h} + \frac{1}{T_{lh}} \right) \\ \frac{dE_h}{dt} &= S_h I_v \frac{C_{vh}}{N_h} - E_h \left( \frac{1}{T_{iit}} + \frac{1}{T_{lh}} \right) \\ \frac{dI_h}{dt} &= \frac{E_h}{T_{iit}} - I_h \left( \frac{1}{T_{id}} + \frac{1}{T_{lh}} \right) \\ \frac{dR_h}{dt} &= \frac{I_h}{T_{id}} - \frac{R_h}{T_{lh}} \\ \frac{dS_v}{dt} &= \frac{K}{T_{lv}} - S_v \left( I_h \frac{C_{hv}}{N_h} + \frac{1}{T_{lv}} \right) \\ \frac{dE_v}{dt} &= S_v I_h \frac{C_{hv}}{N_h} - E_v \left( \frac{1}{T_{eit}} + \frac{1}{T_{lv}} \right) \\ \frac{dI_v}{dt} &= \frac{E_v}{T_{eit}} - \frac{I_v}{T_{lv}} \end{aligned}$$

O modelo SEIR é composto por parâmetros que demonstram a interações destes parâmetros bem como as classes existentes. Os parâmetros contidos no modelo que diferem do SIR são:

Tab. 2: Parâmetros do modelo SEIR

Parâmetros	Símbolo	Unidade
Expectativa de vida humana	$T_{lh}$	dias
Tempo necessário para o humano se infectar após a picada	$T_{iit}$	dias
Duração da infecção	$T_{id}$	dias
Expectativa de vida do vetor	$T_{lv}$	Dias
Tempo necessário para o vetor se infectar após picar o humano	$T_{eit}$	Dias
Capacidade de suporte ambiental do vetor	$K$	Vetores
Taxa de picada do vetor infectado	$b_i$	picadas/mosquito.dia
Taxa de picada do vetor susceptível	$b_s$	picadas/mosquito.dia

Os modelos apresentados neste artigo são compostos por equações diferenciais ordinárias. As equações diferenciais ordinárias contêm apenas derivadas ordinárias de uma ou mais variáveis dependentes em relação a uma variável independente, que podem ser resolvidas por método analítico (quando todas as equações podem ser resolvidas algebricamente, de forma exata) e método numérico (quando há equações não-lineares, onde não é possível encontrar solução exata, apenas uma aproximação da solução verdadeira). Por esse motivo, as soluções das equações serão estimadas utilizando-se o Método Numérico de Runge-Kutta de 4ª Ordem [6].

### Software de Simulação

Em virtude da complexidade de se obter soluções numéricas com precisão desenvolveu-se em linguagem de programação JAVA um software que permite a simulação numérica dos modelos SIR e SEIR a partir dos parâmetros que os compõem. Além da realização dos cálculos em um programa intuitivo e prático, o software permite a plotagem de gráficos e exportação dos resultados e parâmetros. Os resultados obtidos com o programa serão apresentados na próxima seção.

### III. RESULTADOS

O software de simulação para os modelos SIR e SEIR (Figura 1) auxilia na execução de inúmeras simulações permitindo a visualização da dinâmica das populações dos modelos representados em gráficos ou tabelas.



Fig. 1: Tela inicial do software de simulação dos modelos epidemiológicos SIR e SEIR.

Ao selecionar o modelo para a execução das simulações, são habilitadas automaticamente as variáveis referentes ao modelo escolhido, permitindo que o usuário informe os dados de cada parâmetro. O painel ‘Tempo’ utilizado em ambos os modelos, solicita ao usuário a quantidade de iterações que serão realizadas pelo software no campo ‘Valores’ e o intervalo de tempo entre cada iteração no campo ‘Passo’. O usuário tem ainda as opções de ‘Calcular’, ‘Salvar Valores’ e ‘Plotar’ um gráfico em janela extra do programa.

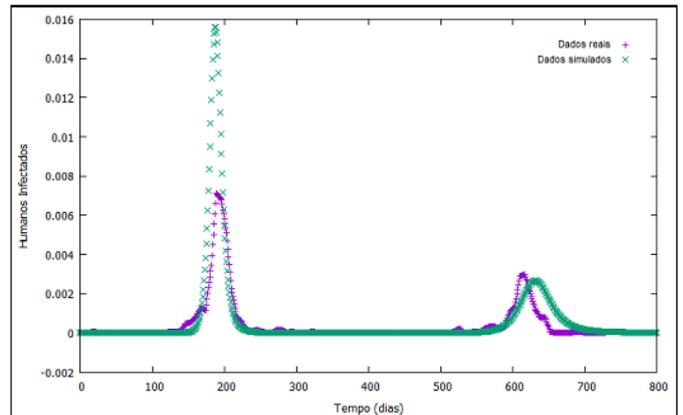
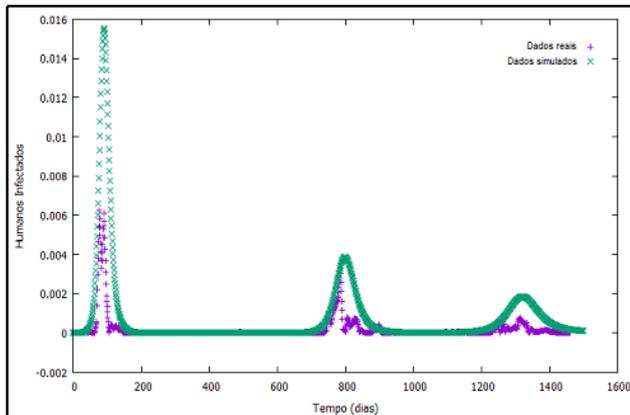


Fig. 2: Simulação dos dados de infecção por dengue para as cidades de Caetanos (BA) entre 2009 e 2012 e Piripá (BA) entre 2012 e 2013, respectivamente.

No modelo SIR, a taxa de picada do vetor ( $b$ ), a probabilidade de transmissão em humanos a partir do vetor infectado ( $\beta_H$ ) e a taxa de incremento ( $A$ ) influenciam diretamente na classe de humanos infectados. Já os parâmetros: hospedeiros alternativos ( $m$ ), taxa de mortalidade do mosquito ( $\mu_V$ ), taxa de recuperação dos humanos ( $\gamma_H$ ) e a taxa de natalidade de humanos ( $\mu_H$ )

Deve-se haver uma considerável compreensão dos parâmetros que influenciam nas demais classes dos modelos epidemiológicos SIR e SEIR, uma vez que as populações totais são consideradas constantes e a transição dos indivíduos afeta a dinâmica da classe emitente e receptora.

Observa-se a partir das simulações que quando aumentamos o recrutamento dos vetores ( $A$ ), há um conseqüentemente aumento na taxa de picadas. Estudos comprovaram que a taxa de picadas é ainda mais pronunciada em temperaturas mais quentes, portanto, estações como o verão necessitam de maior atenção por

#### IV. CONCLUSÕES

A partir dos resultados obtidos foi possível visualizar a evolução qualitativa da epidemia da dengue e entender quais parâmetros influenciam mais significativamente nas curvas de infecção dos humanos. Os resultados também mostram que softwares de simulações de epidemias com os modelos SIR e SEIR, podem auxiliar gestores nas tomadas de decisões na área da saúde. Sendo possível simulações das epidemias como zika vírus e chikungunya, uma vez que ambas possuem o mesmo vetor de transmissão, o *Aedes aegypti*. Além disso, conclui-se que há uma carência nos estudos dos modelos matemáticos, uma vez que as simplificações utilizadas para a sua

Foram obtidos dados de infecção por dengue na microrregião de Vitória da Conquista - BA na 20ª Diretoria Regional de Saúde (DIRES). Devido à ausência de dados contínuos e completos para as doenças da zika vírus e chikungunya, foram efetuadas apenas simulações para os casos de dengue no modelo SIR. A partir das interpretações matemáticas e das simulações realizadas, observou-se alguns comportamentos esperados sobre a classe de humanos infectados ( $I_h$ ), conseguindo assim representar qualitativamente a curva de transmissão da doença.

influenciam de maneira inversa nos números de humanos infectados. Soares *et al.* [7] comprovaram essa análise matemática dos parâmetros através de simulações do modelo SIR. Para o modelo SEIR, a expectativa de vida do humano ( $T_{lh}$ ), o período latente intrínseco ( $T_{lit}$ ) e a duração da infecção ( $T_{id}$ ) influenciam inversamente na classe de humanos infectados.

parte dos gestores.

Como forma de combate ao aumento de infectados podemos ressaltar políticas públicas que tenham como objetivo a diminuição dos focos criadores do mosquito (como maior número de agentes fiscalizadores), além de atividades de educação ambiental que visem conscientizar as populações sobre a necessidade de não manter ambientes que propiciam a reprodução do vetor. Essas atitudes contribuem para o aumento do parâmetro ( $\mu_V$ ), que em uma interpretação matemática do modelo, possibilita menores taxas de infecção por dengue.

construção afetam diretamente na representatividade do modelo, como por exemplo, a consideração de que parâmetros como  $\beta_H$ ,  $\beta_V$ , população total e  $b$  se mantêm constantes ao longo do tempo.

#### V. BIBLIOGRAFIA

- [1] BRASIL. MINISTERIO DA SAUDE. Secretaria de Vigilância em Saúde. Boletim Epidemiológico, v.46, semana 45, 2015.
- [2] FERREIRA, J. A. et al. Um modelo multiescalas de autômatos celulares para pandemia da dengue. 2009.
- [3] SILVA, S. O. da. Modelagem de propagação da dengue com o uso de equações diferenciais e modelos tipo SEIR. 2013.
- [4] ESTEVA, L; VARGAS, C. Analysis of a dengue disease transmission model. Mathematical biosciences, v. 150, n. 2, p. 131-151, 1998.
- [5] NEWTON, E. A.; REITER, P. A model of the transmission of dengue fever with an evaluation of the impact of ultra-low volume

(ULV) insecticide applications on dengue epidemics. The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, v. 47, n. 6, p. 709-720, 1992.

- [6] PRESS, W. H.; TELKSOLY, S. A.; WETTERLING, W. T.; FLANNERY, B. P. Numerical Recipes in C - The Art of Scientific Computing. Cambridge University Press. Second Edition. New York, 1992.
- [7] SOARES, A. S. S.; SANTOS, D. A.; COELHO, D. A.; BARBOSA, R. S. Análise e influência dos parâmetros do modelo SIR em uma simulação computacional da transmissão de dengue. In: SECITEC - Semana de Ciência e Tecnologia, 2014, Vitória da Conquista.

## VI. BIOGRAFIA



**Ranaya Silva Barbosa** é graduanda em Engenharia Ambiental do Instituto Federal da Bahia, Campus Vitória da Conquista. Membro em grupo de pesquisa em Modelagem e Simulação Computacional, bolsista do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação em Desenvolvimento Tecnológico e Inovação (PIBITI 2014/2015 e 2015/2016). Foi voluntária do Programa de Educação Tutorial - PET (2014/2016) e bolsista da segunda edição (2013/2014) do programa Jovens Talentos para a Ciência (CAPES/Cnpq).



**Andresa Sampaio Santos Soares** é graduanda em Engenharia Ambiental pelo Instituto Federal da Bahia - IFBA, campus Vitória da Conquista. Membro de pesquisa com ênfase em Modelagem Matemática e computacional aplicado a sistemas ambientais. Membro fundador do Centro Acadêmico de Engenharia Ambiental - CAAMB e da EAmbJr - Empresa Júnior de Engenharia Ambiental, na qual ocupa o cargo de Diretora de Marketing atualmente.



**Deisy de Assis Coelho** é graduanda em Engenharia Ambiental pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Bahia (IFBA) Câmpus Vitória da Conquista; bolsista do Programa de Educação Tutorial (grupo PET Engenharias); membro fundador da Empresa Júnior de Engenharia Ambiental (EAmbJr) e integrante do grupo de pesquisa intitulado Sistemas de Hardware e Software com atuação em Modelagem e Simulação Computacional.



**Djan Almeida Santos** é doutorando em Ciência da Computação na Universidade Federal da Bahia (UFBA - 2015). Mestre em Ciências Ambientais com Área de Concentração em Meio Ambiente e Desenvolvimento e linha de pesquisa em modelagem computacional pela Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB - 2013), especialista em Administração de Sistemas de Informação pela Universidade Federal de Lavras - MG (UFLA), especialista em Desenvolvimento de Sistemas Web pela Faculdade de Tecnologia e Ciência (FTC) e Bacharel em Ciências da Computação pela Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC - 2003). Atualmente é Professor efetivo do IFBA - Instituto Federal da Bahia - Campus Vitória da Conquista. Tem experiência na área da Ciência da Computação com ênfase em Engenharia de Software, Desenvolvimento de Sistemas, SPL, Modelagem Matemática e Simulação Computacional.