

MODELOS BÁSICOS DE DINÂMICA POPULACIONAL NA PROPAGAÇÃO DE EPIDEMIAS

BASIC MODELS OF POPULATION DYNAMICS IN THE SPREAD OF EPIDEMICS

Valdir de Oliveira Junior¹
Josenildo de Souza Chaves²

Resumo: Modelagem matemática é uma ferramenta crucial para caracterizar o comportamento de doenças infecciosas ao longo do tempo. Neste trabalho apresentamos alguns modelos básicos para o acompanhamento ao longo do tempo de epidemias. Destacamos a aplicação de um modelo compartimental para a determinação de indicadores relativos à propagação de doenças. A linguagem R é utilizada para construir representações gráficas e soluções numéricas de equações.

Palavras-chave: Crescimento Populacional. Modelo Compartimental SIR. Covid-19.

Abstract: Mathematical modeling is a crucial tool for characterizing the behavior of infectious diseases over time. In this work we present some basic models for the follow-up of epidemics over time. We highlighted an application of a compartmental model for the determination of indicators related to the spread of diseases. The R language is used to build graphical representations and numerical solutions of equations.

Keywords: Population Growth. Compartmental SIR Model. Covid-19.

1 - Mestre em Matemática pelo Programa de Mestrado Profissional em Matemática em Rede Nacional da Universidade Federal do Maranhão, São Luís-MA. Servidor técnico administrativo na Universidade Federal do Maranhão. Lattes: <http://lattes.cnpq.br/7570833229659369>. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1945-4278>. E-mail: junior.valdir@ufma.br

2 - Doutor em Estatística pela Universidade Federal de São Carlos (2010). Professor associado da Universidade Federal do Maranhão. Tem experiência na área de estatística e probabilidade, com ênfase em inferência bayesiana aplicada e análise de sobrevivência. Lattes: <http://lattes.cnpq.br/5748689441032603>. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1579-3667>. E-mail: js.chaves@ufma.br

Introdução

No início do século XX, a epidemiologia foi marcada pela introdução de novos métodos matemáticos para testar hipóteses sobre o número e distribuição dos casos de uma enfermidade. Com os trabalhos de Kermack e McKendrick nos anos 1920 e 1930 os modelos compartimentais impulsionaram os métodos matemáticos na análise de dados de epidemias, vide por exemplo, Kermack & McKendrick (1927, 1932 e 1933), Murray (2002) e Brauer (2017).

Neste trabalho apresentamos alguns modelos básicos para o acompanhamento ao longo do tempo de epidemias. Na Seção 2, definimos três modelos de crescimento sob o ponto de vista das taxas médias de natalidade e mortalidade naturais e de taxas de interações entre seres-vivos que habitam a mesma área. Na Seção 3, caracterizamos o modelo compartimental SIR a partir da análise dos conceitos de crescimento populacional e lei de ação das massas. Este modelo é usado na Seção 4 para analisar dados de uma propagação viral em um ambiente escolar hipotético. A Seção 5 trata das considerações finais.

Modelos de Malthus, logístico de Verhulst e predador-presa de Lotka-Volterra

Três modelos são básicos para a construção de modelos mais gerais de dinâmica populacional, o de Malthus, o logístico de Verhulst e o predador-presa de Lotka-Volterra. Como não existem ambientes ideais com recursos ilimitados, deve-se considerar o fato de que à medida que o tamanho da população cresce, tais recursos diminuem; suponha, por exemplo, os alimentos.

Modelo Malthusiano

De acordo com Chasnov (2009), consideramos $N(t)$ o tamanho de uma população no tempo t , b e d as taxas médias per capita de natalidade e de mortalidade, respectivamente. Em uma pequena variação de tempo Δt , o número de nascimentos na população é indicado por $b\Delta tN(t)$, ao passo que o de óbitos é $d\Delta tN(t)$. Por conseguinte, podemos representar N no tempo $t + \Delta t$ na forma $N(t + \Delta t) = N(t) + b\Delta tN(t) - d\Delta tN(t)$. Dividindo ambos os membros desta equação por Δt e fazendo $\Delta t \rightarrow 0$, segue-se que $\frac{dN}{dt} = (b - d)N$. De onde se extrai o modelo de crescimento exponencial malthusiano, dado por

$$N(t) = N_0 e^{rt} \quad (1)$$

em que, N_0 é a população inicial e $r = b - d$.

Modelo logístico de Verhulst

Embora o modelo Malthusiano seja atrativo pela simplicidade, a lei de crescimento exponencial para o tamanho da população mostra-se irrealista para um grande intervalo de tempo. De acordo com Garfinkel et al. (2017), a formulação de um modelo mais realístico consiste em multiplicar o fator de crescimento rN por um fator de aglomeração, que caracteriza a limitação do ambiente em comportar uma ou mais espécies.

O matemático Pierre Verhulst (1804-1849) foi o primeiro a determinar, em 1838, um modelo de crescimento populacional, que obedece a uma capacidade de suporte ambiental K

K , especificado pela equação diferencial ordinária não-linear $\frac{dN}{dt} = rN \left(1 - \frac{N}{K}\right)$. Da qual, a solução analítica permite escrever o modelo logístico de Verhulst na forma

$$N(t) = \frac{N_0}{\frac{N_0}{K} + \left(1 - \frac{N_0}{K}\right) e^{-rt}} \quad (2)$$

O modelo logístico de Verhulst rapidamente ganhou popularidade e passou a ser generalizado com a implementação de componentes estocásticos e variáveis explicativas.

Modelo predador-presa de Lotka-Volterra

Ao considerarmos duas populações de animais que vivem em uma relação de predatismo, designaremos por P a população de predadores e Q a de presas, tendo assim um sistema (P, Q) . Primeiramente, devemos pensar em P' e Q' , ou seja, o que causa(m) as variações nos números das duas populações. Assim, denotamos a taxa de natalidade das presas por b , a taxa de mortalidade dos predadores por m e supomos que a taxa de natalidade destes seja proporcional à quantidade de alimento disponível a (Garfinkel et al., 2017). Além disso, existe uma certa probabilidade de que o encontro predador-presa resulte em uma predação bem-sucedida (o predador alimenta-se da presa).

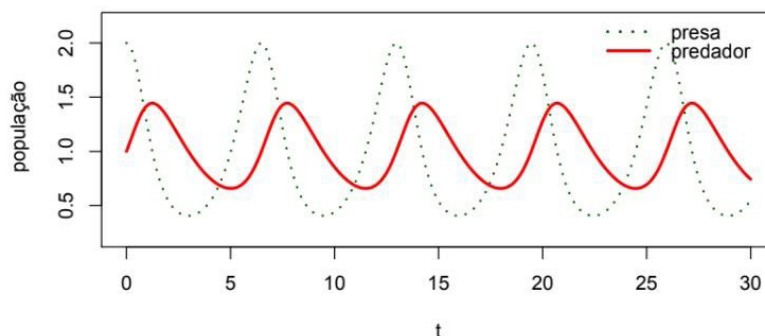
Outra maneira de representar o encontro é mediante o produto PQ . É definido como lei de ação das massas, um conceito químico explicado por Singh (2017), como sendo a taxa de uma reação elementar, definida pela redução do reagente ou formação do produto, proporcional à concentração de cada componente envolvido na reação. Logo, de acordo com Garfinkel et al., 2017, se β é a probabilidade de sucesso do predador, podemos escrever $P' = \alpha\beta PQ - mP$.

Consequentemente, escrevemos a equação de mudança para a população de presas na forma $Q' = bQ - \beta PQ$. Se considerarmos todos os parâmetros iguais a 1, teremos

$$P' = PQ - P \text{ e } Q' = Q - PQ.$$

Essas são as equações de Lotka-Volterra, desenvolvidas para descrever o modelo predador-presa ao observarem a interação entre lebres e linces. O contato bem-sucedido entre predadores e presas aumenta o número de predadores e diminui o número de presas (Chasnov, 2009), vide Figura 1.

Figura 1. Dinâmica populacional sob o modelo predador-presa de Lotka-Volterra



Fonte: Os autores (2022).

As Seções 3 e 4 tratam do modelo SIR empregado na análise de dados de epidemias.

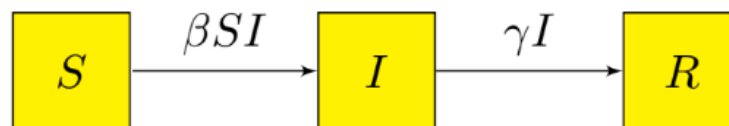
Modelos compartimentais epidemiológicos

Em modelos compartimentais, que segundo Enderle (2012, p. 359-445, tradução dos autores)¹, “é uma das abordagens mais antigas usadas para descrever interações entre variáveis fisiológicas e definida como o movimento de uma substância de um compartimento a outro”. Neste caso, a lei de ação das massas assume que a taxa de encontro entre indivíduos suscetíveis e infectados é proporcional ao produto dessas subdivisões populacionais. Analogamente à aplicação química, os indivíduos suscetíveis reagem com os infectados formando uma nova parcela de infectados, obedecendo a uma constante de contágio, que grosso modo indica a probabilidade de que o contato resulte em uma nova infecção.

Modelo SIR

No modelo SIR, a população é dividida em três classes distintas: Suscetíveis (*S*), Infectados (*I*) e Removidos (*R*). Sendo que, (i) Suscetíveis são os indivíduos vulneráveis no tempo *t* que ainda não foram infectados; (ii) Infectados são os contaminados no tempo *t* propagadores da doença; (iii) Removidos são os que adquiriram imunidade permanente ou foram a óbito no tempo *t* em decorrência da doença. Uma representação gráfica do modelo SIR é dada na Figura 2 na qual, as caixas são os diferentes compartimentos, as setas a transição entre os compartimentos e as quantidades βSI e γI estão definidas a seguir.

Figura 2. Representação por diagrama de blocos do modelo compartimental SIR



Fonte: Os autores (2022).

De acordo com Brauer (2017), as condições a serem satisfeitas são (i) o tamanho da população, *N*, é constante ao longo do tempo e todos têm igual probabilidade de infecção (misturam-se homoganeamente); (ii) a condição única para sair do grupo de suscetíveis é adquirir a enfermidade ou ser imunizado; (iii) para deixar a população de infectados o indivíduo deve recuperar-se, tornando-se permanentemente imune à doença ou ir a óbito. Sendo *NN* o tamanho da população, tem-se que $N = S + I + R = S(t) + I(t) + R(t)$.

Ao multiplicarmos esta equação por $\frac{1}{N}$, obtemos

$$1 = \frac{S(t)}{N} + \frac{I(t)}{N} + \frac{R(t)}{N} = s(t) + i(t) + r(t). \quad (3)$$

¹ Cf. “Compartmental modeling describes the movement of a substance from one compartment to another [...] The compartmental modeling approach is the most familiar and one of the oldest approaches used to describe interactions between physiological variables.”

As equações diferenciais que governam o modelo SIR dependem inicialmente do número de indivíduos que são infectados durante o tempo Δt . Dessa forma, seja $\beta \Delta t$ a probabilidade de que uma pessoa contaminada infecte uma vulnerável aleatoriamente durante o tempo Δt , então com S suscetíveis e I infectados, o número esperado de novos infectados na população durante o tempo Δt será dado por $\beta \Delta t SI$. Portanto, temos $I(t + \Delta t) = I(t) + \beta \Delta t SI$. Em ambos os membros desta equação, subtraindo-se $I(t)$, dividindo-se, em seguida por Δt , segue-se que

$$\frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = \beta SI. \quad (4)$$

Note que, I indivíduos infectados causam βSI infecções por unidade de tempo. Assim, na Equação (4), fazendo-se $\Delta t \rightarrow 0$, temos $I' = \frac{dI}{dt} = \beta SI$. Sendo que, β é um parâmetro denominado taxa de transmissão, definido pelo número médio diário de novos infectados por cada pessoa já infectada. Assumindo-se a probabilidade de que um infectado se recupere durante o tempo Δt seja $\gamma \Delta t$, tem-se que o número total de indivíduos contaminados que se recuperam no tempo Δt é dado por $I \gamma \Delta t$. Portanto,

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \beta \Delta t S(t)I(t) - \gamma \Delta t I(t).$$

Em ambos os membros desta equação, subtraindo-se $I(t)$, dividindo-se, em seguida por Δt e fazendo-se $\Delta t \rightarrow 0$, temos

$$I' = \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I.$$

Ao fazermos a análise dimensional da variável de mudança I' , que governa a variação do número de infectados temos, $I' = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I$. O parâmetro γ é denominado taxa de remoção, que se refere à movimentação de indivíduos do compartimento I para o R . Collins (2020) considera $\gamma = \frac{1}{r}$, em que r é o “atraso de recuperação”, ou mais simplesmente o tempo que o indivíduo permanece infectado antes de passar para a classe de removidos, seja por recuperação ou morte.

Para o número de removidos, consideramos que a variação da população R é obtida a partir da recuperação ou morte de indivíduos infectados, sendo, portanto, representado por γI . Logo, $R' = \gamma I$.

Como N é constante em qualquer tempo, tem-se que $N' = (S + I + R)'$. Logo,

$$S' + \beta \frac{SI}{N} - \gamma I + \gamma I = 0 \Rightarrow S' = -\beta \frac{SI}{N}. \quad (5)$$

Portanto, na forma determinística, o modelo SIR é representado pelo sistema formado pelas equações diferenciais ordinárias (6) - (8)

$$\frac{dS}{dt} = S' = -\beta \frac{SI}{N}. \quad (6)$$

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

$$\frac{dR}{dt} = R' = \gamma I. \quad (8)$$

Em geral, o método de Euler é utilizado para a solução numérica desse sistema de equações.

Definição 3.1 O número reprodutivo básico R_0 é definido como o número esperado de indivíduos secundários produzidos por um indivíduo ao longo de sua vida.

Do sistema de equações do modelo SIR, temos que $I' = \left(\beta \frac{S}{N} - \gamma \right)$.

No início de uma epidemia ($S \approx N$). Para haver crescimento no número de contaminados, devemos ter $(\beta - \gamma) > 0 \Rightarrow \frac{\beta}{\gamma} - 1 > 0 \Rightarrow \frac{\beta}{\gamma} > 1 \Rightarrow R_0 > 1$.

No limiar epidêmico: (a) se $R_0 > 1$, cada indivíduo infectado contamina, em média, mais de um indivíduo suscetível, a doença se alastra na população de hospedeiros e pode tornar-se epidêmica e, eventualmente, pandêmica; (b) se $R_0 < 1$, em média, um indivíduo infectado contamina menos de um indivíduo suscetível ao longo de seu período infeccioso, o que impede o crescimento e disseminação da enfermidade, atingindo, segundo Anderson (2016), a extinção determinística; (c) se $R_0 = 1$, a enfermidade pode tornar-se endêmica, uma vez que nessa situação, muitos dos suscetíveis já foram infectados e estão recuperados e imunes (para infecções que induzem imunidade duradoura), ou podendo retornar à condição de suscetíveis, em não havendo imunidade permanente.

Modelo SIR na propagação do SARS-CoV-2

Declarada pandemia em 11 de março de 2020 pela Organização Mundial da Saúde (OMS), a COVID-19 é uma doença infecciosa causada pelo SARS-CoV-2, denominado de novo coronavírus, membro da família (CoV), responsável pela ocorrência da SARS (*Severe Acute Respiratory Syndrome*), Síndrome Respiratória Aguda Grave principalmente em humanos (OMS, 2020). Membro do gênero *Betacoronavirus*, um dos gêneros da família *Coronaviridae*, o SARS-CoV-2 é transmitido a humanos por animais, sendo a transmissão subsequente, essencialmente, inter-humana (OMS, 2020).

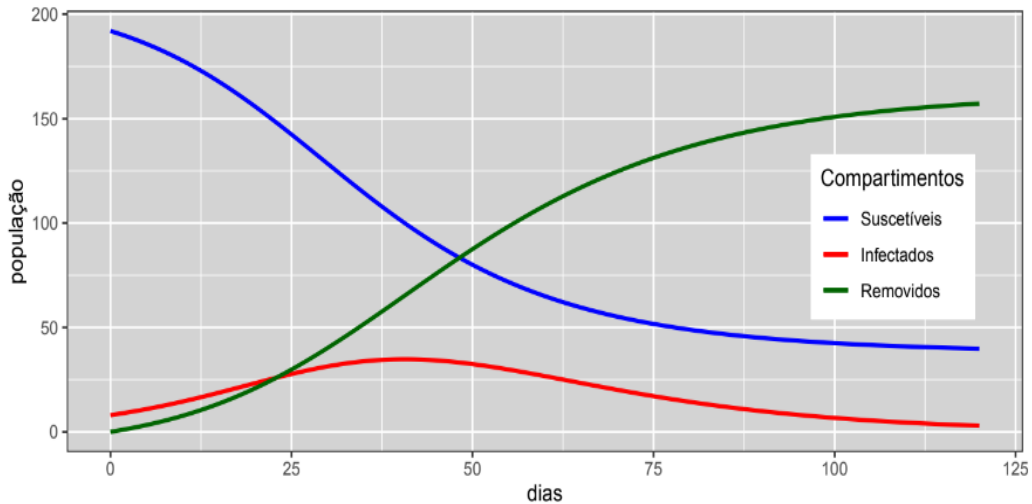
Propagação da Covid-19 em um ambiente escolar hipotético

Esta aplicação foi idealizada seguindo Sulsky (2012) e Murray (2002) que analisaram dados de uma epidemia de gripe do ano de 1978 de um internato inglês. Para gerar os dados simulados consideramos um ambiente com 200 alunos em meio a propagação do coronavírus durante 120 dias. Além disso, estabelecemos algumas condições adequadas ao modelo determinístico SIR em cenário de contágio inicial com 192 alunos suscetíveis e 8 infectados. (i) Ninguém entra ou sai da escola e todos são suscetíveis à COVID-19; (ii) A capacidade de atendimento médico da escola é de 30 alunos; (iii) O tempo médio de recuperação (γ) da COVID-19 é de 14 dias; (iv) Todo aluno infectado necessita de cuidados especiais durante 14 dias após apresentar sintomas.

Em qualquer tempo, o tamanho da população é dado por $N = S + I + R$. A Figura 3, mostra uma tendência inicial de crescimento exponencial do número de infectados e de removidos, ao passo que o número de suscetíveis experimenta um decrescimento exponencial. Consideramos, o coeficiente de transmissão (β) - taxa de sucesso em que um contato Suscetível-Infectado resulte em uma nova infecção de 0,14, e uma taxa de remoção (γ) - taxa em que infectados se recuperam ou vêm a óbito de 0,07, que é o inverso do tempo médio de recuperação para uma versão mais amena da Covid-19: 14 dias. Assim, um aluno infectado pode causar até duas novas infecções, valor pertencente ao intervalo sugerido pela

OMS. O número máximo de infectados I_{max} é igual a 31, valor atingido aproximadamente no 40º dia epidêmico. Além disso, (i) Quando $t \rightarrow \infty$, o número de suscetíveis é igual a 26; (ii) A imunidade de rebanho seria atingida com 50% da população vacinada; (iii) No fim da simulação ($t = 120$), tem-se que, $S \approx 40, I \approx 4$ e $R \approx 156$.

Figura 3. Número de suscetíveis, infectados e removidos para $R_0 = 2$



Fonte: Os autores (2022).

Considerações Finais

Os conceitos que foram expostos estão diretamente relacionados ao crescimento populacional e modelos compartimentais, analisados sob as óticas da matemática e biologia. A modelagem matemática da propagação do SARS-CoV-2 sugerida com o uso do modelo SIR poderá ser diretamente estendida com outros modelos e ser útil para reforçar a importância do respeito a medidas de contenção do avanço de uma pandemia e ainda para a compreensão de fenômenos interdisciplinares.

Para trabalhos futuros, várias abordagens podem ser feitas, como por exemplo, a inclusão de novos compartimentos no modelo SIR. Tem-se, por exemplo, o compartimento E, resultando no modelo SEIR. Podemos ainda sugerir a adição de um compartimento Q resultando no modelo SIQR, a inclusão de componentes estocásticos, entre outros.

Referências

ANDERSON, Roy M. The impact of vaccination on the epidemiology of infectious diseases. In: **The vaccine book**. Academic Press, 2016. p. 3-31.

BRAUER, Fred. Mathematical epidemiology: Past, present, and future. **Infectious Disease Modelling**, v. 2, n. 2, p. 113-127, 2017.

CHASNOV, Jeffrey R. et al. Mathematical biology lecture notes for MATH 4333. 2009.

COLLINS, B. **Dynamic modeling of COVID-19**. 2020.

ENDERLE, John D. Compartmental modeling. In: **Introduction to biomedical engineering**.

Academic Press, 2012. p. 359-445.

GARFINKEL, Alan; SHEVTSOV, Jane; GUO, Guo. **Modeling Life: The Mathematics of Biological Systems**. 2017.

KERMACK, William Ogilvy; MCKENDRICK, Anderson G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. **Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character**, v. 115, n. 772, p. 700-721, 1927.

KERMACK, William Ogilvy; MCKENDRICK, Anderson G. Contributions to the mathematical theory of epidemics. II.—The problem of endemicity. **Proceedings of the Royal Society of London. Series A, containing papers of a mathematical and physical character**, v. 138, n. 834, p. 55-83, 1932.

KERMACK, William Ogilvy; MCKENDRICK, Anderson G. Contributions to the mathematical theory of epidemics. III.—Further studies of the problem of endemicity. **Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character**, v. 141, n. 843, p. 94-122, 1933.

MURRAY, James Dickson. **Mathematical biology: I. An introduction**. Springer. 2002.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE. **Estimating mortality from COVID-19**. 2020.

SINGH, Meenesh R. et al. Mechanistic insights into electrochemical reduction of CO₂ over Ag using density functional theory and transport models. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 114, n. 42, p. E8812-E8821, 2017.

SULSKY, D. **Using real data in an SIR model**. 2012.

Recebido em: 30 de novembro de 2022.

Aceito em: 20 de janeiro de 2023.