

Dinâmica e controle de doenças infecciosas

Modelos SIR e SIS

Oswaldo Santos Baquero



VPS-FMVZ-USP

2017

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

SIR em redes

- Dinâmica em redes

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

SIR em redes

- Dinâmica em redes
- Controle aleatório

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

SIR em redes

- Dinâmica em redes
- Controle aleatório
- Controle direcionado

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

SIR em redes

- Dinâmica em redes
- Controle aleatório
- Controle direcionado

SIS

- Estrutura

Classificação das doenças

Doenças

- Não infecciosas (osteoartrite).

Classificação das doenças

Doenças

- Não infecciosas (osteoartrite).
- Infecciosas.

Classificação das doenças

Doenças

- Não infecciosas (osteoartrite).
- Infecciosas.
 - Transmissão direta (influenza).

Classificação das doenças

Doenças

- Não infecciosas (osteoartrite).
- Infecciosas.
 - Transmissão direta (influenza).
 - Transmissão indireta (leishmaniose).

Classificação das doenças

Doenças

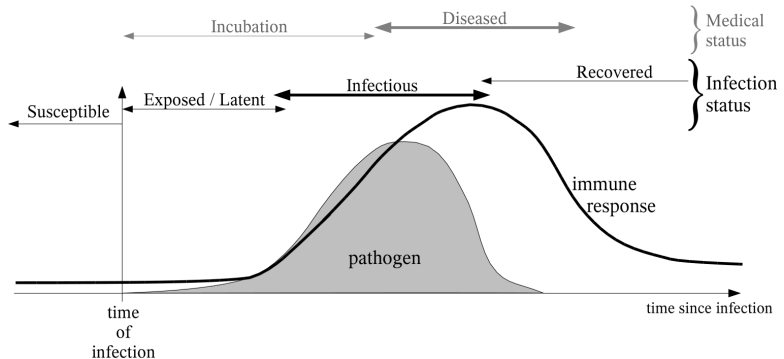
- Não infecciosas (osteoartrite).
- Infecciosas.
 - Transmissão direta (influenza).
 - Transmissão indireta (leishmaniose).
 - Microparasitas (virus, bacterias, protozoos).

Classificação das doenças

Doenças

- Não infecciosas (osteoartrite).
- Infecciosas.
 - Transmissão direta (influenza).
 - Transmissão indireta (leishmaniose).
 - Microparasitas (virus, bacterias, protozoos).
 - Macroparasitas (nemátodos, platelmintos, artrópodes).

Doenças infecciosas



Estudo das doenças infecciosas

Manifestações clínicas



www.business.qld.gov.au

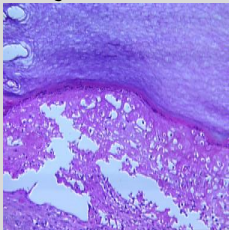
Estudo das doenças infecciosas

Manifestações clínicas



www.business.qld.gov.au

Alterações estruturais



www.dxpath.com

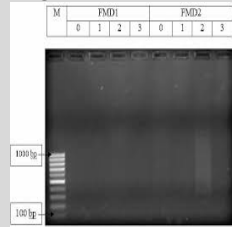
Estudo das doenças infecciosas

Manifestações clínicas



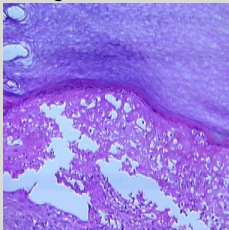
www.business.qld.gov.au

Agentes causais



www.jarvm.com

Alterações estruturais



www.dxpath.com

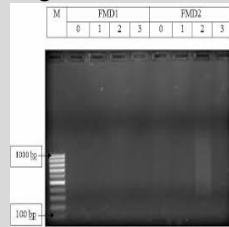
Estudo das doenças infecciosas

Manifestações clínicas



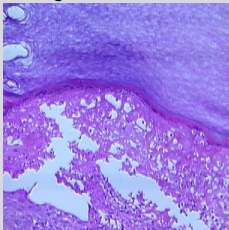
www.business.qld.gov.au

Agentes causais



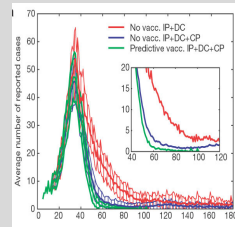
www.jarvm.com

Alterações estruturais



www.dxpath.com

Padrões e dinâmicas



Keeling & col., 2003

Modelagem matemática de doenças infecciosas

Doença

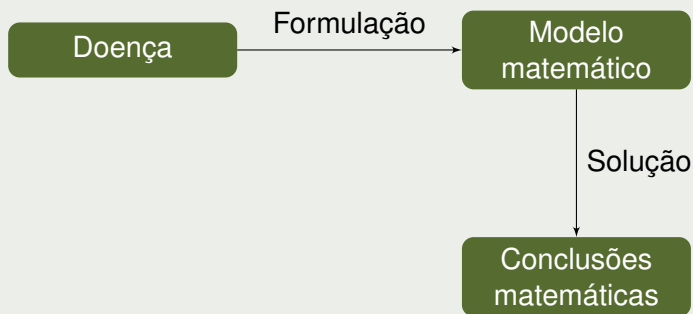
Modelagem matemática de doenças infecciosas

Doença

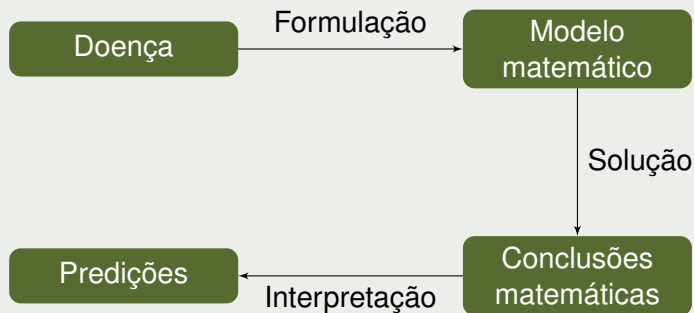
Formulação

Modelo
matemático

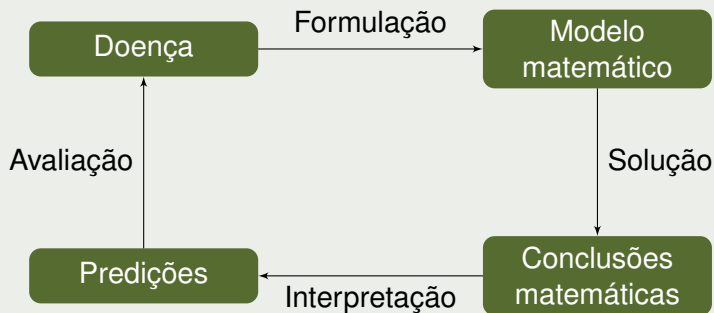
Modelagem matemática de doenças infecciosas



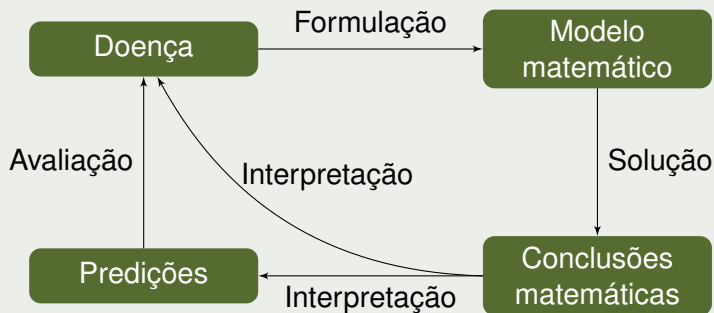
Modelagem matemática de doenças infecciosas



Modelagem matemática de doenças infecciosas



Modelagem matemática de doenças infecciosas



Os modelos simplificam a realidade



"Essentially, all models are wrong, but some are useful."

Os modelos simplificam a realidade



"Essentially, all models are wrong, but some are useful."



"El arte es la mentira que nos ayuda a ver la verdad."

Classificação dos modelos

Variabilidade	Determinísticos	Estocásticos
Tempo	Contínuos	Discretos
Espaço	Espaciais	Não espaciais
Estrutura populacional	Homogênea	Heterogênea

Modelos: características e usos

Características

- Acurácia.

Modelos: características e usos

Características

- Acurácia.
- Interpretabilidade.

Modelos: características e usos

Características

- Acurácia.
- Interpretabilidade.
- Flexibilidade.

Modelos: características e usos

Características

- Acurácia.
- Interpretabilidade.
- Flexibilidade.

Usos

- Entendimento.

Modelos: características e usos

Características

- Acurácia.
- Interpretabilidade.
- Flexibilidade.

Usos

- Entendimento.
- Geração de hipóteses.

Modelos: características e usos

Características

- Acurácia.
- Interpretabilidade.
- Flexibilidade.

Usos

- Entendimento.
- Geração de hipóteses.
- Predição.

Modelos: características e usos

Características

- Acurácia.
- Interpretabilidade.
- Flexibilidade.

Usos

- Entendimento.
- Geração de hipóteses.
- Predição.
- Avaliação de intervenções.

Modelos: características e usos

Características

- Acurácia.
- Interpretabilidade.
- Flexibilidade.

Usos

- Entendimento.
- Geração de hipóteses.
- Predição.
- Avaliação de intervenções.
- Monitoramento de intervenções.

Doença de interesse e objetivos do estudo

Doença de interesse e objetivos do estudo



Modelo conceitual

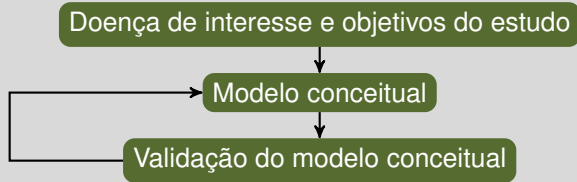
Doença de interesse e objetivos do estudo

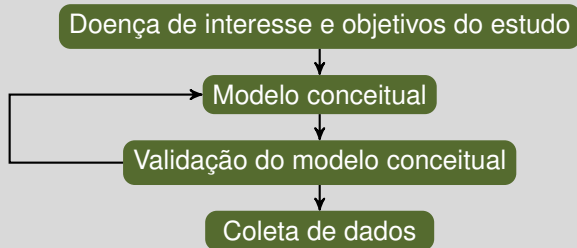


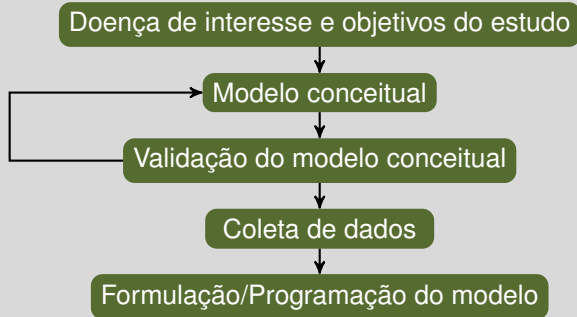
Modelo conceitual

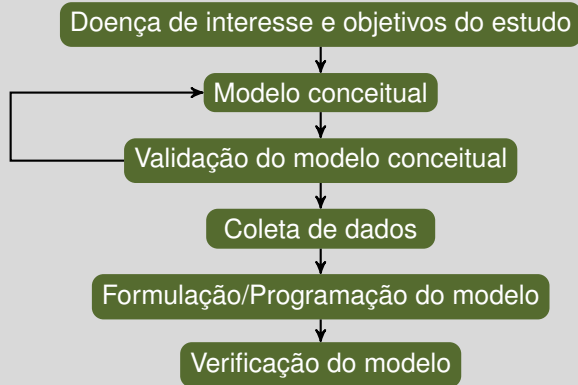


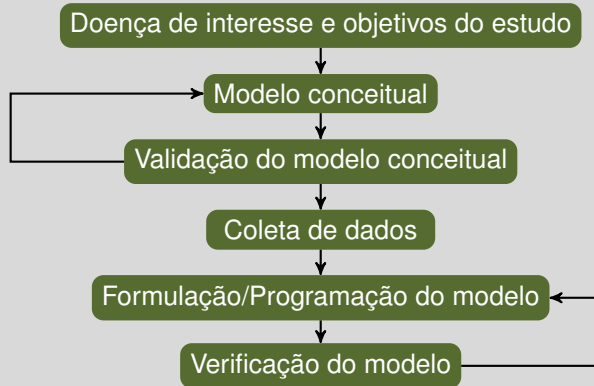
Validação do modelo conceitual

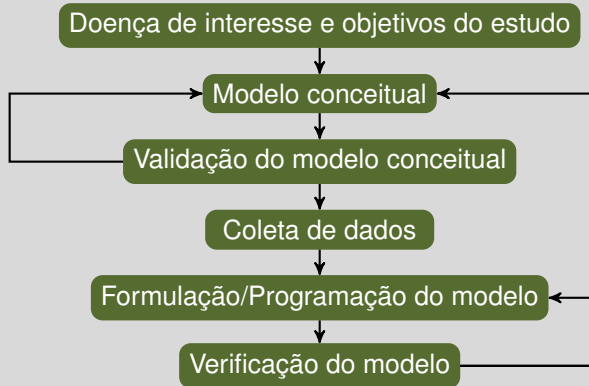


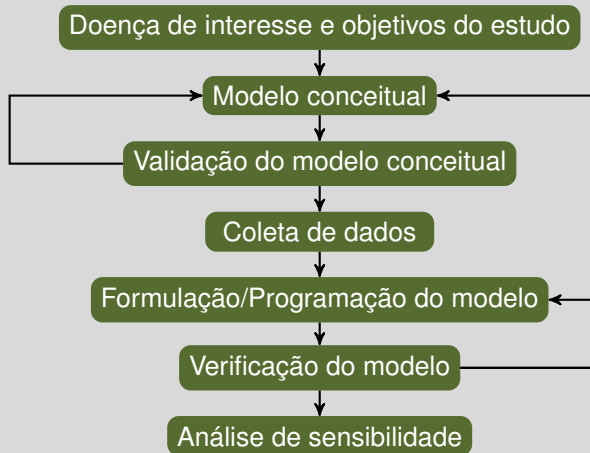


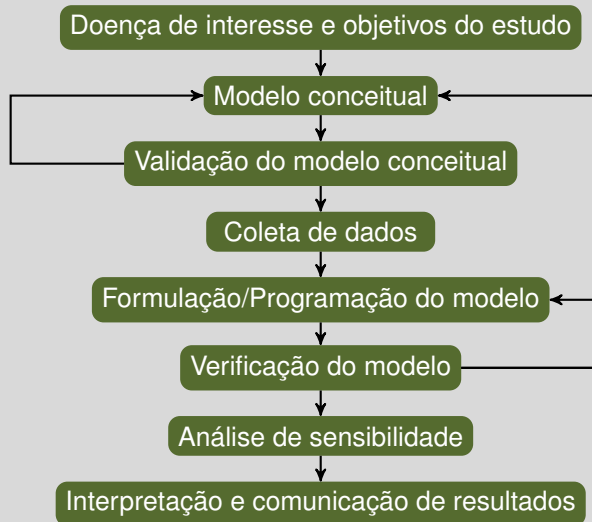












Taxas de variação, derivadas e equações diferenciais

- Suponha que t_0 representa um tempo inicial, $t_0 + t = t_1$, $t_0 + 2t = t_2$, e assim por diante.

Taxas de variação, derivadas e equações diferenciais

- Suponha que t_0 representa um tempo inicial, $t_0 + t = t_1$, $t_0 + 2t = t_2$, e assim por diante.
- Se a função $N(t)$ representa o tamanho populacional N no tempo t e Δt representa a distância entre dois tempos sequencias:

$$TV = \frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t}$$

Taxas de variação, derivadas e equações diferenciais

- Suponha que t_0 representa um tempo inicial, $t_0 + t = t_1$, $t_0 + 2t = t_2$, e assim por diante.
- Se a função $N(t)$ representa o tamanho populacional N no tempo t e Δt representa a distância entre dois tempos sequencias:

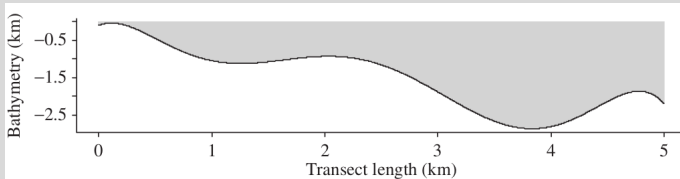
$$TV = \frac{N(t + \Delta t) - N(t)}{\Delta t}$$

- Quando Δt é infinitesimalmente pequeno (dt):

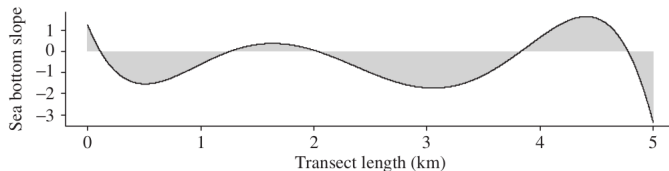
$$TV = \frac{N(t + dt) - N(t)}{dt} = \frac{dN}{dt} = N'(t)$$

Taxas de variação, derivadas e equações diferenciais

- $\frac{dN}{dt} = 0$: a população não muda.
- $\frac{dN}{dt} > 0$: a população aumenta.
- $\frac{dN}{dt} < 0$: a população diminui.



(a)



(b)

Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

SIR em redes

- Dinâmica em redes
- Controle aleatório
- Controle direcionado

SIS

- Estrutura

Modelo de **S**uscetíveis, **I**nfectados e **R**ecuperados



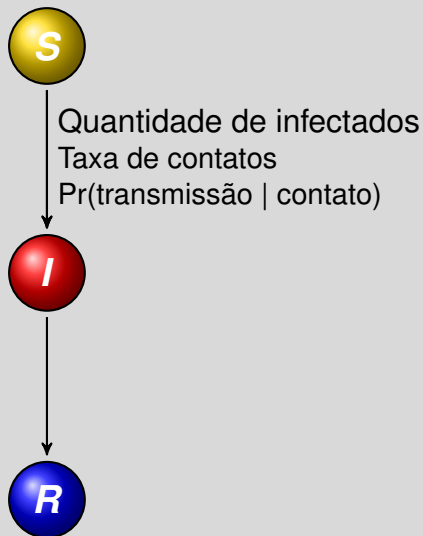
Modelo de Suscetíveis, Infectados e Recuperados



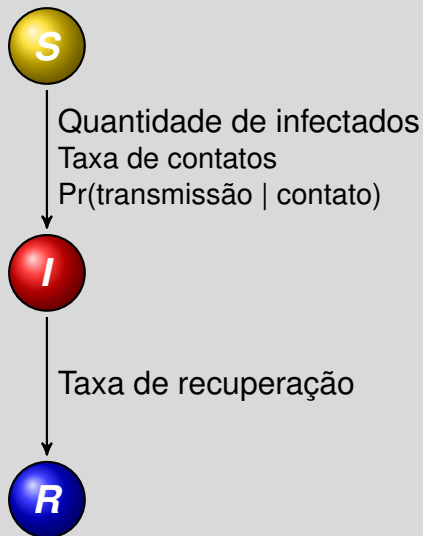
Modelo de **S**uscetíveis, **I**nfectados e **R**ecuperados



Modelo de Suscetíveis, Infectados e Recuperados



Modelo de Suscetíveis, Infectados e Recuperados



SIR determinístico em tempo contínuo



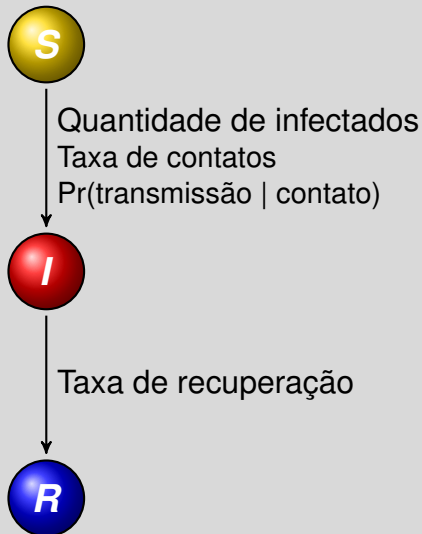
Quantidade de infectados
Taxa de contatos
 $\text{Pr}(\text{transmissão} \mid \text{contato})$



Taxa de recuperação



SIR determinístico em tempo contínuo



β : Taxa contato x
 $\text{Pr}(\text{transmissão} \mid \text{contato})$

SIR determinístico em tempo contínuo



Quantidade de infectados
Taxa de contatos
 $\Pr(\text{transmissão} \mid \text{contato})$



Taxa de recuperação



β : Taxa contato x
 $\Pr(\text{transmissão} \mid \text{contato})$

γ : taxa de recuperação

SIR determinístico em tempo contínuo



Quantidade de infectados
Taxa de contatos
 $\Pr(\text{transmissão} \mid \text{contato})$



Taxa de recuperação



β : Taxa contato x
 $\Pr(\text{transmissão} \mid \text{contato})$

γ : taxa de recuperação

$$\frac{dS}{dt}$$

SIR determinístico em tempo contínuo



Quantidade de infectados
Taxa de contatos
 $\Pr(\text{transmissão} \mid \text{contato})$



Taxa de recuperação



β : Taxa contato x
 $\Pr(\text{transmissão} \mid \text{contato})$

γ : taxa de recuperação

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

SIR determinístico em tempo contínuo



Quantidade de infectados
Taxa de contatos
 $\Pr(\text{transmissão} \mid \text{contato})$



Taxa de recuperação



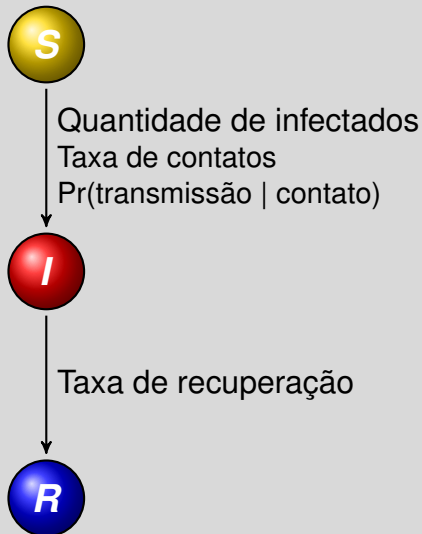
β : Taxa contato x
 $\Pr(\text{transmissão} \mid \text{contato})$

γ : taxa de recuperação

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

SIR determinístico em tempo contínuo



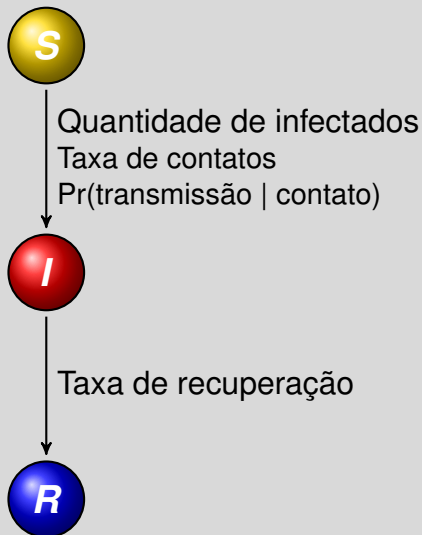
β : Taxa contato x
Pr(transmissão | contato)

γ : taxa de recuperação

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

SIR determinístico em tempo contínuo



β : Taxa contato x
Pr(transmissão | contato)

γ : taxa de recuperação

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Força de infecção (λ)

- λ determina a taxa à que são produzidos novos infectados.

Força de infecção (λ)

- λ determina a taxa à que são produzidos novos infectados.
- λ depende do β e da quantidade de infectados.

Força de infecção (λ)

- λ determina a taxa à que são produzidos novos infectados.
- λ depende do β e da quantidade de infectados.
- A quantidade de infectados pode ser expressada em termos da densidade ou da fração de indivíduos infectados.

Força de infecção (λ)

- λ determina a taxa à que são produzidos novos infectados.
- λ depende do β e da quantidade de infectados.
- A quantidade de infectados pode ser expressada em termos da densidade ou da fração de indivíduos infectados.
- A expressão dessa quantidade como uma fração pressupõe que o número absoluto de indivíduos não influencia a dinâmica da doença, o qual é compatível com uma estrutura heterogênea de contatos (rede de contatos sociais, rede de movimentações de animais).

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

$$S = X/N$$

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

$$S = X/N$$

$$I = Y/N$$

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

$$S = X/N$$

$$I = Y/N$$

λ frequência dependente (ação de massas):

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

$$S = X/N$$

$$I = Y/N$$

λ frequência dependente (ação de massas):

$$\lambda = \beta I$$

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

$$S = X/N$$

$$I = Y/N$$

λ frequência dependente (ação de massas):

$$\lambda = \beta I$$

Taxa de produção de novos infectados: $I = \lambda S$

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

$$S = X/N$$

$$I = Y/N$$

λ frequência dependente (ação de massas):

$$\lambda = \beta I$$

Taxa de produção de novos infectados: $I = \lambda S$

λ densidade dependente (pseudo ação de massas):

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

$$S = X/N$$

$$I = Y/N$$

λ frequência dependente (ação de massas):

$$\lambda = \beta I$$

Taxa de produção de novos infectados: $I = \lambda S$

λ densidade dependente (pseudo ação de massas):

$$\lambda = \beta Y$$

Força de infecção (λ)

X = total de suscetíveis.

Y = total de infectados.

N = tamanho populacional.

$$S = X/N$$

$$I = Y/N$$

λ frequência dependente (ação de massas):

$$\lambda = \beta I$$

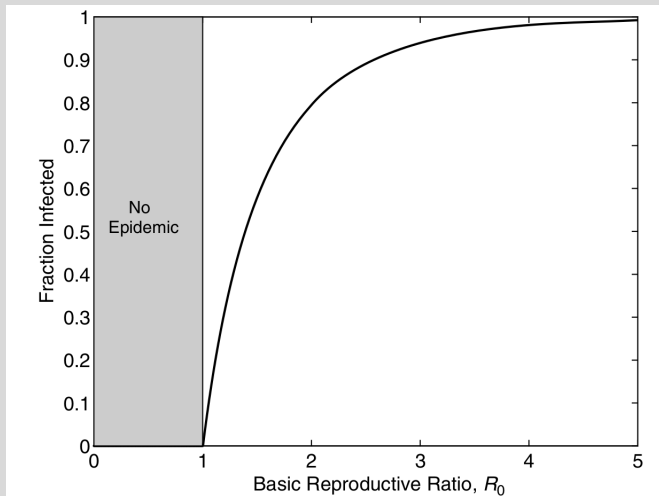
Taxa de produção de novos infectados: $I = \lambda S$

λ densidade dependente (pseudo ação de massas):

$$\lambda = \beta Y$$

Taxa de produção de novos infectados: $Y = \lambda X$

Razão de reprodução básica



Razão de reprodução básica

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

Razão de reprodução básica

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

Razão de reprodução básica

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

$\frac{\gamma}{\beta}$: taxa de remoção relativa

Razão de reprodução básica

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

$\frac{\gamma}{\beta}$: taxa de remoção relativa

$S > \frac{\gamma}{\beta} \implies$ espalhamento da doença

Razão de reprodução básica

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

$\frac{\gamma}{\beta}$: taxa de remoção relativa

$S > \frac{\gamma}{\beta} \implies$ espalhamento da doença

$\frac{\beta}{\gamma}$: R_0 (razão de reprodução básica)

Razão de reprodução básica

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

$\frac{\gamma}{\beta}$: taxa de remoção relativa

$S > \frac{\gamma}{\beta} \implies$ espalhamento da doença

$\frac{\beta}{\gamma}$: R_0 (razão de reprodução básica)

Razão de reprodução básica (R_0)

Número médio de casos secundários originados de um caso primário médio, em uma população inteiramente suscetível.

Razão de reprodução básica

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

$\frac{\gamma}{\beta}$: taxa de remoção relativa

$S > \frac{\gamma}{\beta} \implies$ espalhamento da doença

$\frac{\beta}{\gamma}$: R_0 (razão de reprodução básica)

Razão de reprodução básica (R_0)

Número médio de casos secundários originados de um caso primário médio, em uma população inteiramente suscetível.

$R_0 > 1 \implies$ espalhamento da doença; $S(0) = 1$

Razão de reprodução básica

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

$\frac{\gamma}{\beta}$: taxa de remoção relativa

$S > \frac{\gamma}{\beta} \implies$ espalhamento da doença

$\frac{\beta}{\gamma}$: R_0 (razão de reprodução básica)

Razão de reprodução básica (R_0)

Número médio de casos secundários originados de um caso primário médio, em uma população inteiramente suscetível.

$R_0 > 1 \implies$ espalhamento da doença; $S(0) = 1$

$S > \frac{1}{R_0} \implies$ espalhamento da doença

Razão de reprodução básica

Doença	Hosp.	$\hat{R}_0$	Referência
FIV	Gatos	1.1 - 1.5	Simth (2001)
Raiva	Cães	2.44	Kitala (2002)
		1.18 - 1.24	Fitzpatrick (2012)
Tuberculose	Bovinos	2.6	Goochild et al. (2001)
Febre aftosa	Bovinos	3.5 - 4.5	Ferguson et al. (2001)
Sarampo	Humanos	16 - 18	Anderson et al. (1982)

Esgotamento epidêmico

Quando uma epidemia se extingue, é pela diminuição dos infectados, não pela falta de suscetíveis.

Esgotamento epidêmico

Quando uma epidemia se extingue, é pela diminuição dos infectados, não pela falta de suscetíveis.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

Esgotamento epidêmico

Quando uma epidemia se extingue, é pela diminuição dos infectados, não pela falta de suscetíveis.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Esgotamento epidêmico

Quando uma epidemia se extingue, é pela diminuição dos infectados, não pela falta de suscetíveis.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

$$\frac{dS}{dR} = \frac{-\beta S}{\gamma} = -R_0 S$$

Esgotamento epidêmico

Quando uma epidemia se extingue, é pela diminuição dos infectados, não pela falta de suscetíveis.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

$$\frac{dS}{dR} = \frac{-\beta S}{\gamma} = -R_0 S$$

$$S(t) = S(0)e^{-R(t)R_0}$$

Esgotamento epidêmico

Quando uma epidemia se extingue, é pela diminuição dos infectados, não pela falta de suscetíveis.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

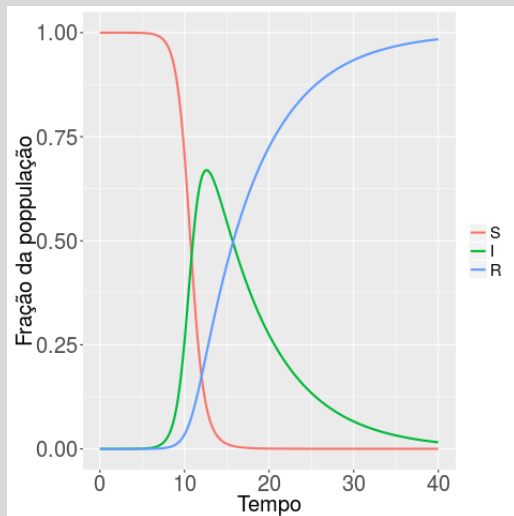
$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

$$\frac{dS}{dR} = \frac{-\beta S}{\gamma} = -R_0 S$$

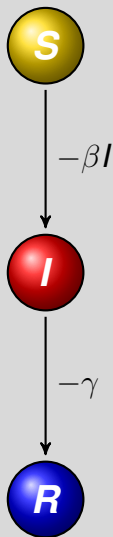
$$S(t) = S(0)e^{-R(t)R_0}$$

O termo $S(t)$ é sempre positivo. Em outras palavras, sempre haverá suscetíveis na população.

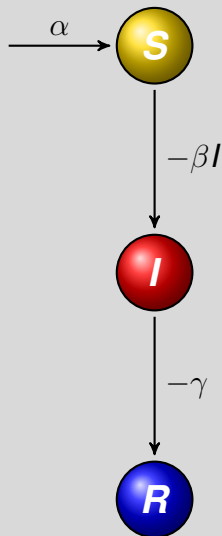
Dinâmica SIR ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$)



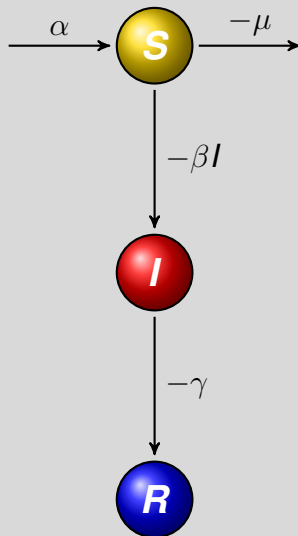
SIR com demografia



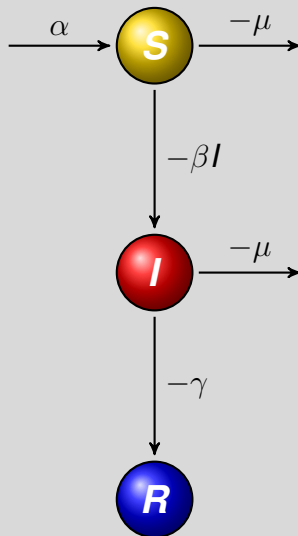
SIR com demografia



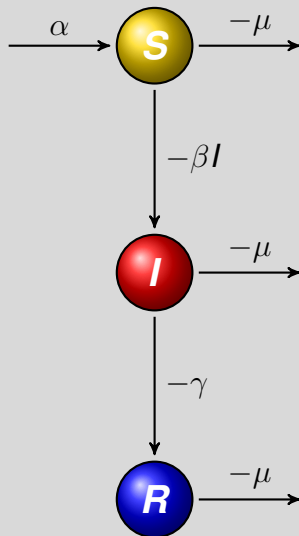
SIR com demografia



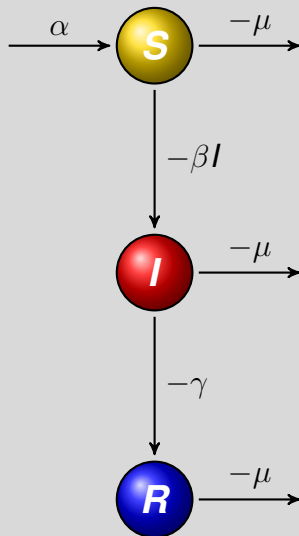
SIR com demografia



SIR com demografia



SIR com demografia

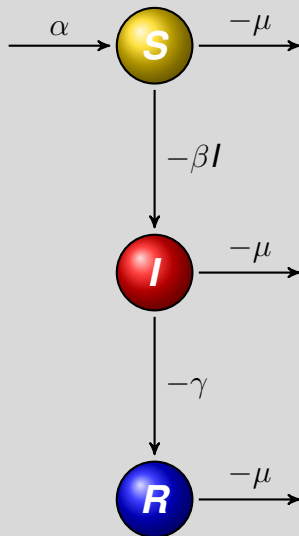


$$\frac{dS}{dt} = \alpha - \beta SI - \mu S$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

SIR com demografia



$$\frac{dS}{dt} = \alpha - \beta SI - \mu S$$

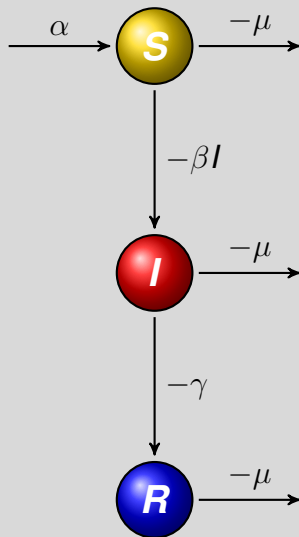
$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \mu I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

$$\alpha = \mu S + \mu I + \mu R$$

$$\alpha - \mu S - \mu I - \mu R = 0$$

SIR com demografia



$$\frac{dS}{dt} = \alpha - \beta SI - \mu S$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

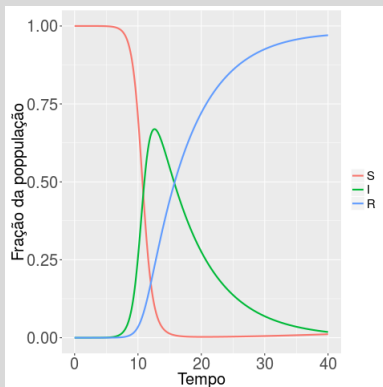
$$\alpha = \mu S + \mu I + \mu R$$

$$\alpha - \mu S - \mu I - \mu R = 0$$

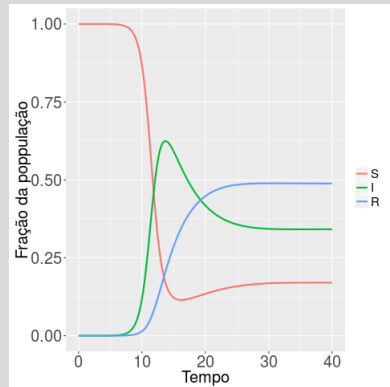
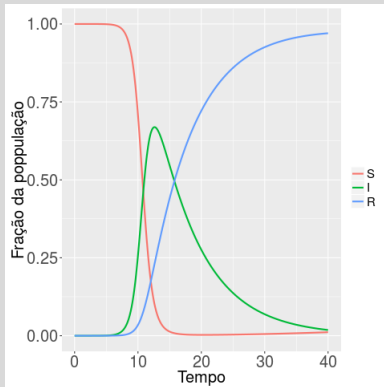
$$\Downarrow$$

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0$$

Dinâmica SIR ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$; $\mu = 0.001, 0.1$)



Dinâmica SIR ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$; $\mu = 0.001, 0.1$)



Métodos de controle

Método	Efeito
Vacinação	$\downarrow$ Suscetíveis ($S < \gamma/\beta$)

Métodos de controle

Método	Efeito
Vacinação	↓ Suscetíveis ($S < \gamma/\beta$)
Quarentena	↓ Infectados misturando-se na população

Vacinação

Em uma população fechada, uma doença infecciosa com um dado R_0 só se espalha se a fração de suscetíveis é maior do que $1/R_0$.

Vacinação

Em uma população fechada, uma doença infecciosa com um dado R_0 só se espalha se a fração de suscetíveis é maior do que $1/R_0$.

A vacinação pode ser usada para reduzir a proporção de suscetíveis abaixo de $1/R_0$ e portanto, para erradicar a doença.

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1$$

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

V : proporção de vacinados.

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

V : proporção de vacinados.

No máximo, $S^* = 1 - V$

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

V : proporção de vacinados.

No máximo, $S^* = 1 - V$

$$R = (1 - V) R_0$$

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

V : proporção de vacinados.

No máximo, $S^* = 1 - V$

$$R = (1 - V) R_0$$

Controle da transmissão:

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

V : proporção de vacinados.

No máximo, $S^* = 1 - V$

$$R = (1 - V) R_0$$

Controle da transmissão:

$$R = (1 - V) R_0 < 1$$

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

V : proporção de vacinados.

No máximo, $S^* = 1 - V$

$$R = (1 - V) R_0$$

Controle da transmissão:

$$R = (1 - V) R_0 < 1$$

↓

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

V : proporção de vacinados.

No máximo, $S^* = 1 - V$

$$R = (1 - V) R_0$$

Controle da transmissão:

$$R = (1 - V) R_0 < 1$$

$$\Downarrow$$
$$V > 1 - \frac{1}{R_0}$$

Proporção crítica de vacinação

S^* : S em equilíbrio.

$$R = S^* R_0$$

R : razão de reprodução efetiva.

No equilíbrio endêmico:

$$R = 1 \Rightarrow S^* = \frac{1}{R_0}$$

V : proporção de vacinados.

No máximo, $S^* = 1 - V$

$$R = (1 - V) R_0$$

Controle da transmissão:

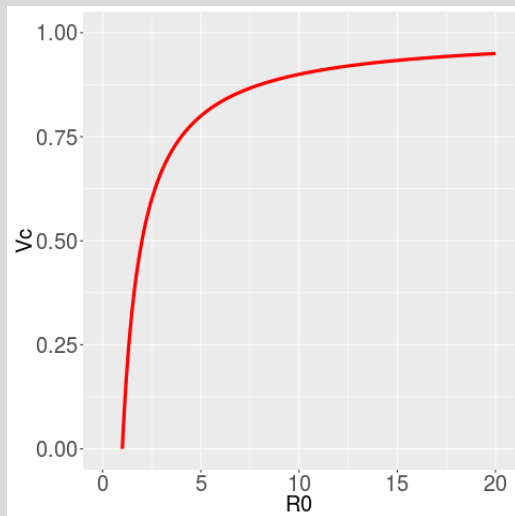
$$R = (1 - V) R_0 < 1$$

↓

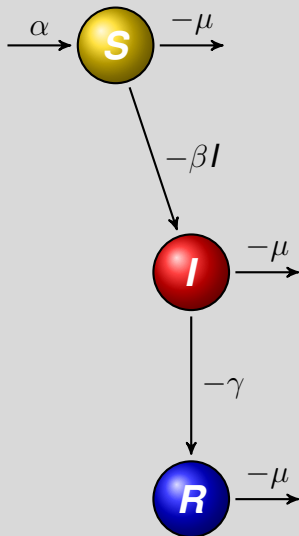
$$V > 1 - \frac{1}{R_0}$$

$$V_c = 1 - \frac{1}{R_0}$$

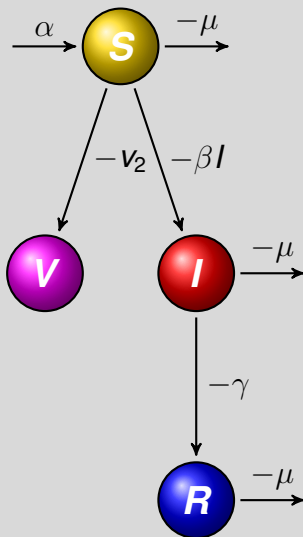
Proporção crítica de vacinação



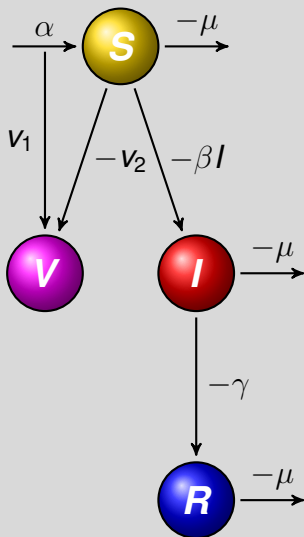
SIR com vacinação (SIRV)



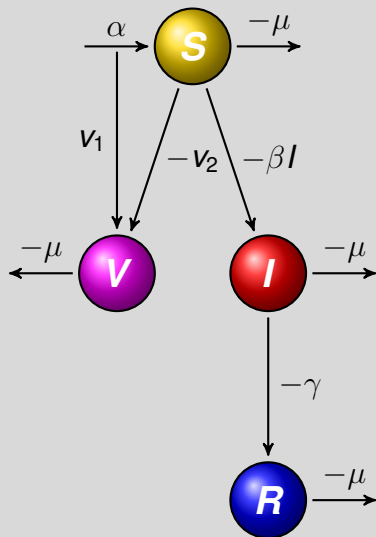
SIR com vacinação (SIRV)



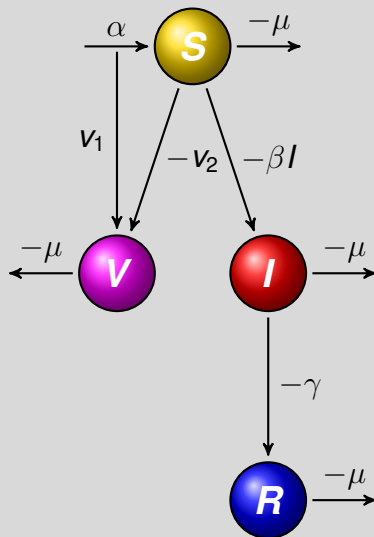
SIR com vacinação (SIRV)



SIR com vacinação (SIRV)



SIR com vacinação (SIRV)



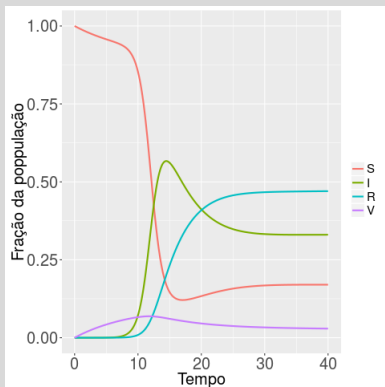
$$\frac{dS}{dt} = (1 - v_1)\alpha - (\beta I + \mu + v_2)S$$

$$\frac{dI}{dt} = (\beta S - \gamma - \mu)I$$

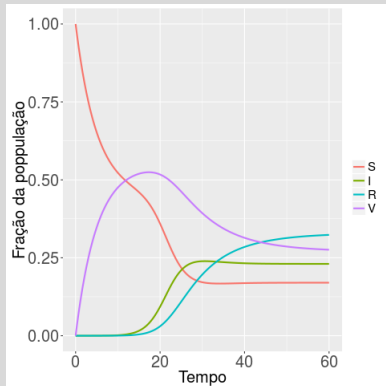
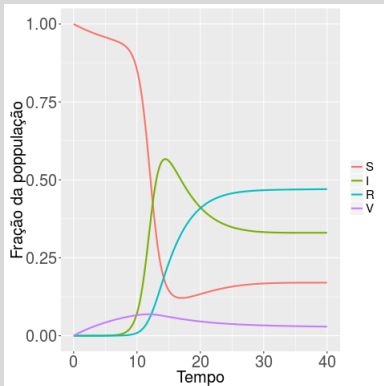
$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

$$\frac{dV}{dt} = v_1\alpha + v_2S - \mu V$$

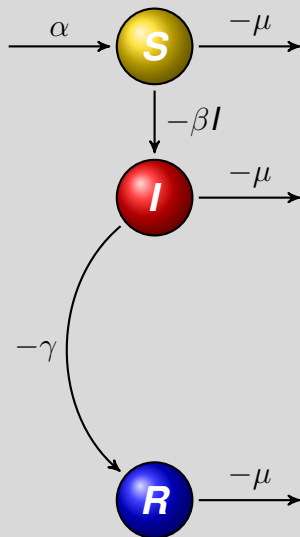
Dinâmica SIRV ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$; $\mu = 0.1$; $\nu_1 = \nu_2 = 0.01, 0.1$)



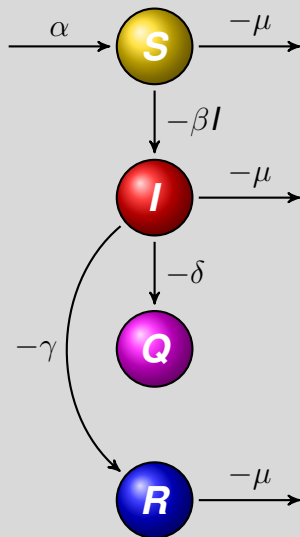
Dinâmica SIRV ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$; $\mu = 0.1$; $\nu_1 = \nu_2 = 0.01, 0.1$)



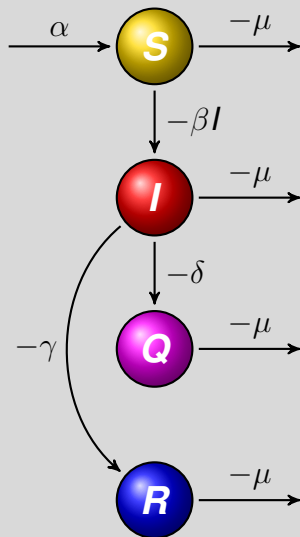
SIR com quarentena (SIRQ)



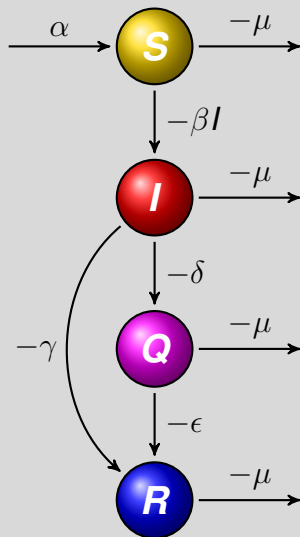
SIR com quarentena (SIRQ)



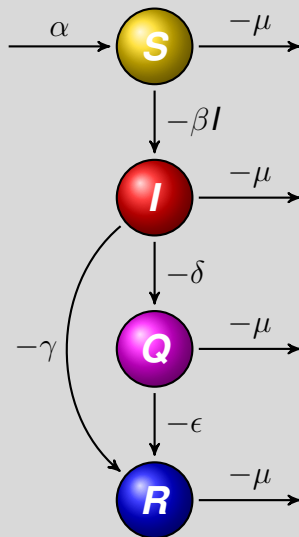
SIR com quarentena (SIRQ)



SIR com quarentena (SIRQ)



SIR com quarentena (SIRQ)



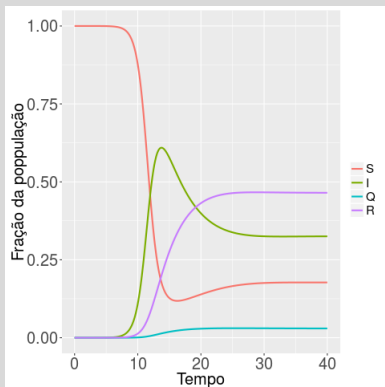
$$\frac{dS}{dt} = \alpha - (\beta I + \mu)S$$

$$\frac{dI}{dt} = [\beta S - (\delta + \gamma + \mu)]I$$

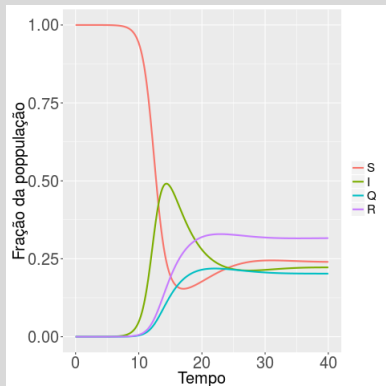
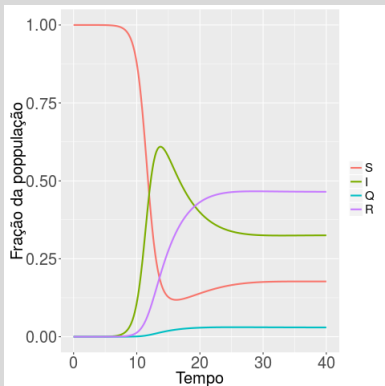
$$\frac{dQ}{dt} = \delta I - (\epsilon + \mu)Q$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \epsilon Q - \mu R$$

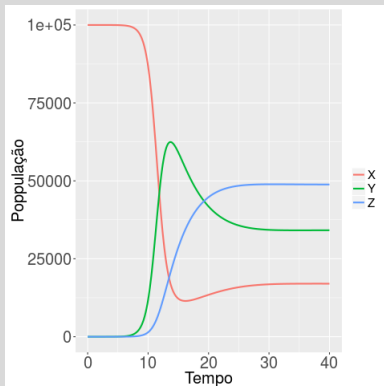
Dinâmica SIRQ ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$; $\mu = 0.1$; $\epsilon = 0.01$; $\delta = 0.01, 0.1$)



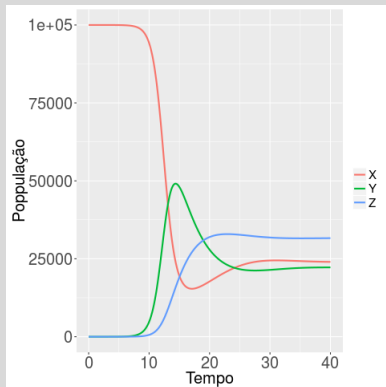
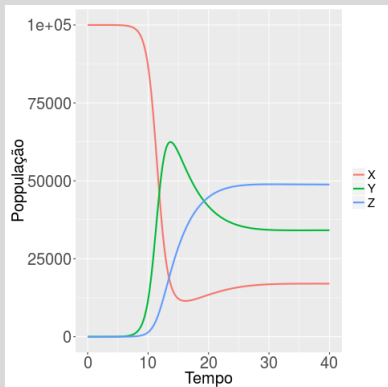
Dinâmica SIRQ ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$; $\mu = 0.1$; $\epsilon = 0.01$; $\delta = 0.01, 0.1$)



Dinâmica SIRQ ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$; $\mu = 0.1$; $\phi = 0, 0.1$)



Dinâmica SIRQ ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$; $\mu = 0.1$; $\phi = 0, 0.1$)



Análises de sensibilidade

- Avaliação das variações nos resultados do modelo produzidas por variações nos parâmetros.

Análises de sensibilidade

- Avaliação das variações nos resultados do modelo produzidas por variações nos parâmetros.
- Identificação dos parâmetros mais influentes.

Análises de sensibilidade

- Avaliação das variações nos resultados do modelo produzidas por variações nos parâmetros.
- Identificação dos parâmetros mais influentes.
- Identificação de parâmetros que devem ser estimados com maior precisão.

Análises de sensibilidade

- Avaliação das variações nos resultados do modelo produzidas por variações nos parâmetros.
- Identificação dos parâmetros mais influentes.
- Identificação de parâmetros que devem ser estimados com maior precisão.
- Identificação de parâmetros insignificantes que podem ser removidos do modelo.

Análises de sensibilidade

- Avaliação das variações nos resultados do modelo produzidas por variações nos parâmetros.
- Identificação dos parâmetros mais influentes.
- Identificação de parâmetros que devem ser estimados com maior precisão.
- Identificação de parâmetros insignificantes que podem ser removidos do modelo.
- Priorização de intervenções.

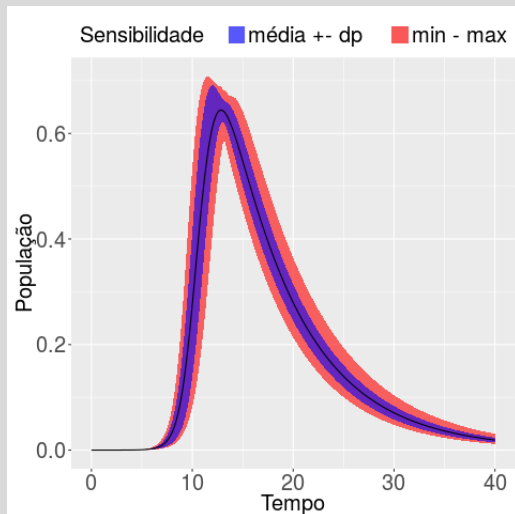
Análises de sensibilidade global

- Incorporação de incertezas aos parâmetros.

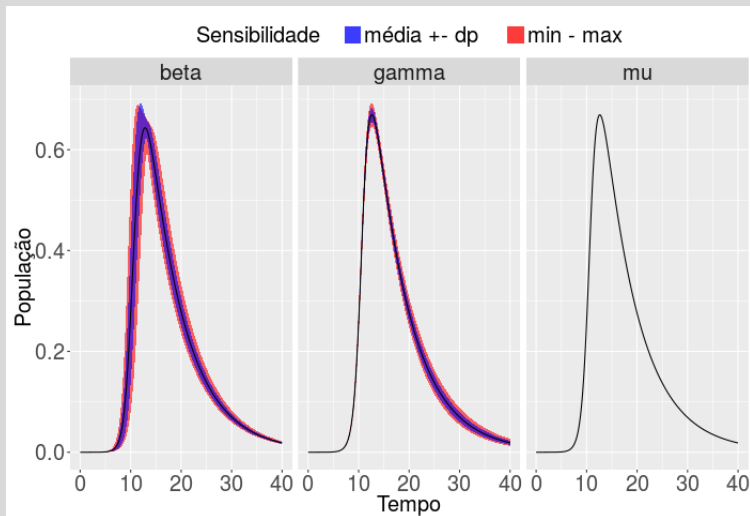
Análises de sensibilidade global

- Incorporação de incertezas aos parâmetros.
- Avaliação do efeito conjunto das incertezas dos parâmetros.

Análises de sensibilidade global para todos os parâmetros



Análises de sensibilidade global para cada parâmetro



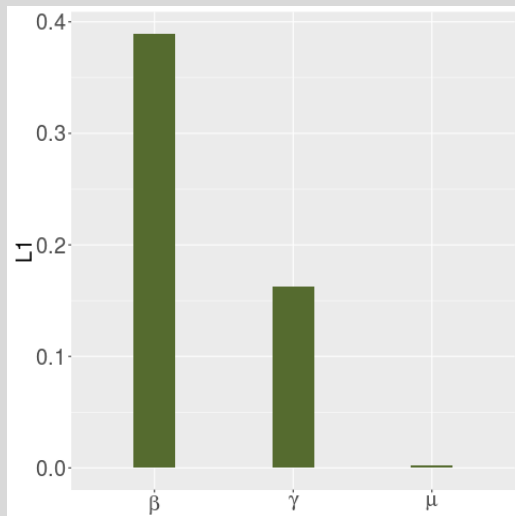
Análises de sensibilidade local

- Determinam a influência que cada parâmetro, no seu valor nominal, tem nos resultados do modelo.

Análises de sensibilidade local

- Determinam a influência que cada parâmetro, no seu valor nominal, tem nos resultados do modelo.
- Auxiliam na definição de prioridades de intervenção.

Análises de sensibilidade local



Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

SIR em redes

- Dinâmica em redes
- Controle aleatório
- Controle direcionado

SIS

- Estrutura

Estocasticidade

- Os modelos vistos até agora, são determinísticos.

Estocasticidade

- Os modelos vistos até agora, são determinísticos.
- Uma vez instanciados os parâmetros e as condições iniciais, os resultados sempre serão os mesmos.

Estocasticidade

- Os modelos vistos até agora, são determinísticos.
- Uma vez instanciados os parâmetros e as condições iniciais, os resultados sempre serão os mesmos.
- Entretanto, os fenômenos biológicos apresentam variabilidade.

Estocasticidade

- Os modelos vistos até agora, são determinísticos.
- Uma vez instanciados os parâmetros e as condições iniciais, os resultados sempre serão os mesmos.
- Entretanto, os fenômenos biológicos apresentam variabilidade.
- Nos modelos estocásticos, os parâmetros seguem distribuições probabilísticas e sua a variabilidade se propaga no tempo.

Estocasticidade

- Os modelos vistos até agora, são determinísticos.
- Uma vez instanciados os parâmetros e as condições iniciais, os resultados sempre serão os mesmos.
- Entretanto, os fenômenos biológicos apresentam variabilidade.
- Nos modelos estocásticos, os parâmetros seguem distribuições probabilísticas e sua a variabilidade se propaga no tempo.
- Os modelos estocásticos são mais realistas.

Modelos estocásticos

Úteis na simulação de dinâmicas onde a estocasticidade pode provocar extinção.

- Doenças com baixa prevalência:

Modelos estocásticos

Úteis na simulação de dinâmicas onde a estocasticidade pode provocar extinção.

- Doenças com baixa prevalência:
 - Sob controle por vacinação.

Modelos estocásticos

Úteis na simulação de dinâmicas onde a estocasticidade pode provocar extinção.

- Doenças com baixa prevalência:
 - Sob controle por vacinação.
 - Em fase de erradicação.

Modelos estocásticos

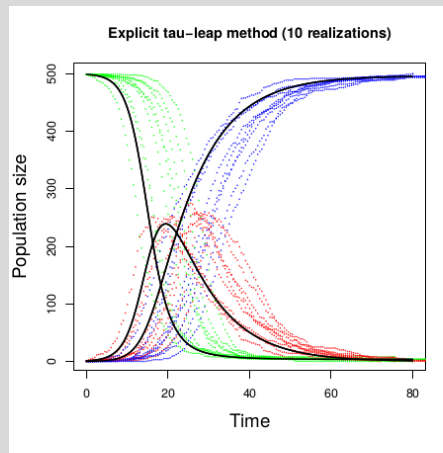
Úteis na simulação de dinâmicas onde a estocasticidade pode provocar extinção.

- Doenças com baixa prevalência:
 - Sob controle por vacinação.
 - Em fase de erradicação.
- Começo de uma epidemia.

Modelos estocásticos

Úteis na simulação de dinâmicas onde a estocasticidade pode provocar extinção.

- Doenças com baixa prevalência:
 - Sob controle por vacinação.
 - Em fase de erradicação.
- Começo de uma epidemia.



Algoritmo de simulação estocástica

- Existem várias formas de incorporar estocasticidade.

Algoritmo de simulação estocástica

- Existem várias formas de incorporar estocasticidade.
- Uma delas é o algoritmo de simulação estocástica de Gillespe.

Algoritmo de simulação estocástica

- Existem várias formas de incorporar estocasticidade.
- Uma delas é o algoritmo de simulação estocástica de Gillespe.
- Trata-se de um procedimento para construir percursos simulados de populações finitas em tempo contínuo.

Algoritmo de simulação estocástica

- Existem várias formas de incorporar estocasticidade.
- Uma delas é o algoritmo de simulação estocástica de Gillespe.
- Trata-se de um procedimento para construir percursos simulados de populações finitas em tempo contínuo.
- No procedimento há reações instantâneas que mudam o número de indivíduos em pelo menos um dos compartimentos (S, I, R).

Algoritmo de simulação estocástica

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Algoritmo de simulação estocástica

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Reações:



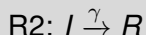
Algoritmo de simulação estocástica

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Reações:



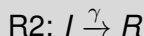
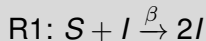
Algoritmo de simulação estocástica

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Reações:



Matrix de mudança
de estado:

$$v = \begin{matrix} & R1 \\ S & \begin{bmatrix} -1 \\ +1 \\ 0 \end{bmatrix} \\ I & \\ R & \end{matrix}$$

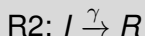
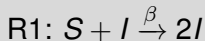
Algoritmo de simulação estocástica

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Reações:



Matrix de mudança de estado:

$$v = \begin{matrix} & \begin{matrix} R1 & R2 \end{matrix} \\ \begin{matrix} S \\ I \\ R \end{matrix} & \begin{bmatrix} -1 & 0 \\ +1 & -1 \\ 0 & +1 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

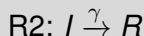
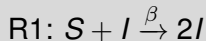
Algoritmo de simulação estocástica

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Reações:



Matrix de mudança de estado:

$$v = \begin{matrix} & \begin{matrix} R1 & R2 \end{matrix} \\ \begin{matrix} S \\ I \\ R \end{matrix} & \begin{bmatrix} -1 & 0 \\ +1 & -1 \\ 0 & +1 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Funções de propensão:

$$Pr(R1) = a1(\beta SI)$$

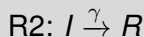
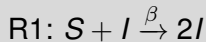
Algoritmo de simulação estocástica

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Reações:



Matrix de mudança de estado:

$$v = \begin{matrix} & \begin{matrix} R1 & R2 \end{matrix} \\ \begin{matrix} S \\ I \\ R \end{matrix} & \begin{bmatrix} -1 & 0 \\ +1 & -1 \\ 0 & +1 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

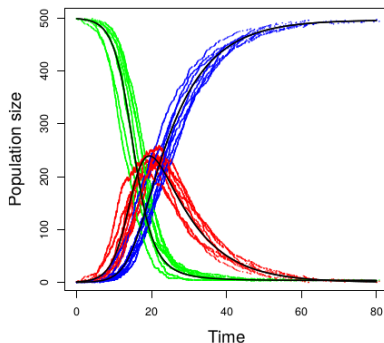
Funções de propensão:

$$Pr(R1) = a1(\beta SI)$$

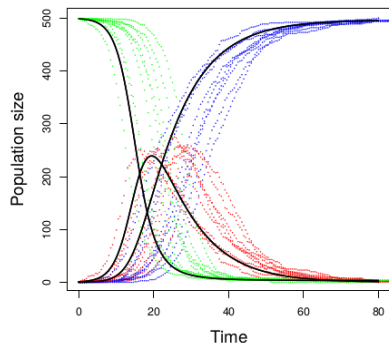
$$Pr(R2) = a2(\gamma I)$$

Algoritmo de simulação estocástica

Direct method (10 realizations)



Explicit tau-leap method (10 realizations)



Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

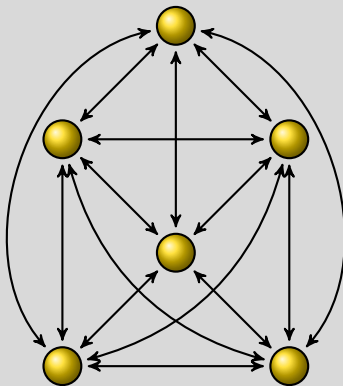
SIR em redes

- Dinâmica em redes
- Controle aleatório
- Controle direcionado

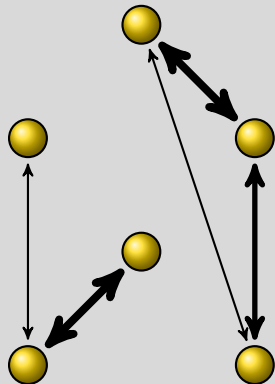
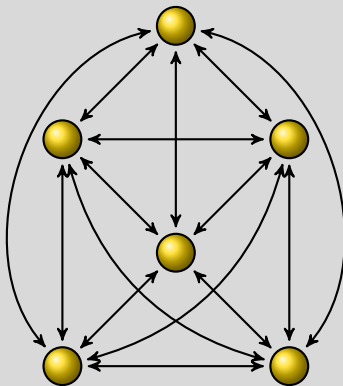
SIS

- Estrutura

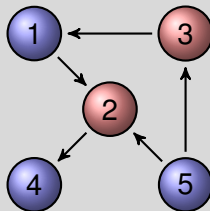
Modelos de redes e estrutura dos contatos



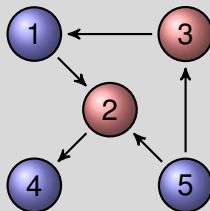
Modelos de redes e estrutura dos contatos



Estrutura de contatos e probabilidade de infecção

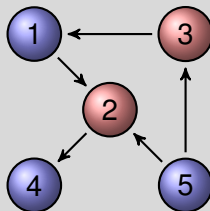


Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



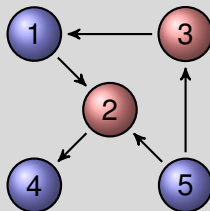
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \left[\begin{array}{ccccc} & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{array} \right] \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



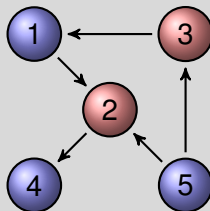
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} & & & & \\ & 1 & & & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



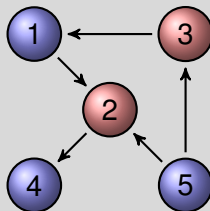
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ & 1 & 0 & 0 & 0 \\ & & 0 & 0 & 0 \\ & & & 0 & 0 \\ & & & & 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



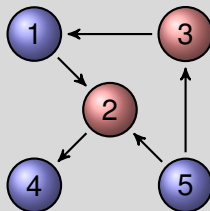
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ & & & 1 & \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



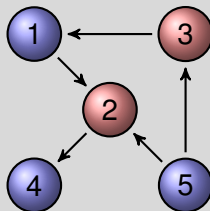
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



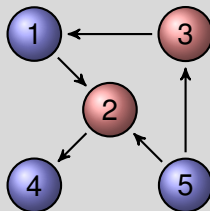
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & & & & \\ & & & & \\ & & & & \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



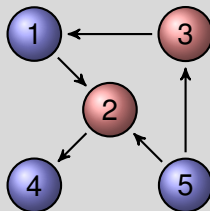
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ & & & & \\ & & & & \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



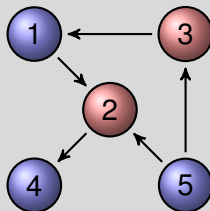
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



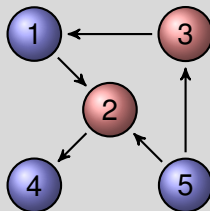
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



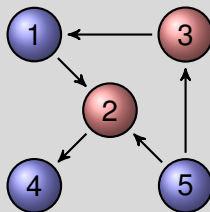
$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix} \quad I = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \\ 1 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

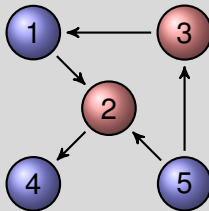
Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix} \quad I = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \\ 1 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

λ : probabilidade de transmissão entre um único vértice infectado e outro suscetível.

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção

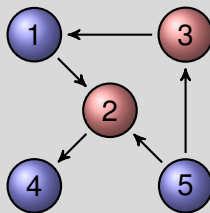


$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix} \quad I = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \\ 1 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

λ : probabilidade de transmissão entre um único vértice infectado e outro suscetível.

$$V = I A$$

Estrutura de contatos e probabilidade de infecção



$$A = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix} \quad I = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \\ 1 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

λ : probabilidade de transmissão entre um único vértice infectado e outro suscetível.

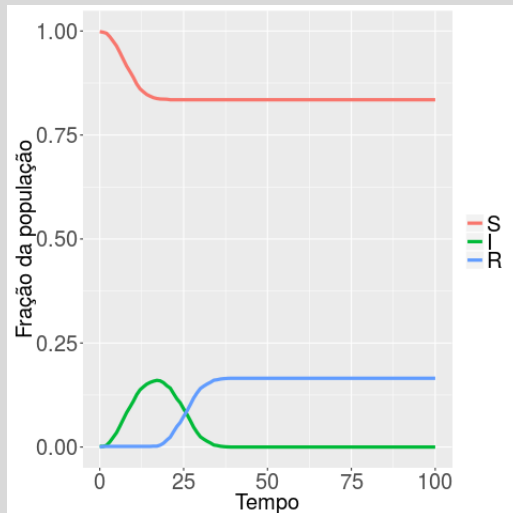
$$V = IA$$

Probabilidade de infecção do vértice i :

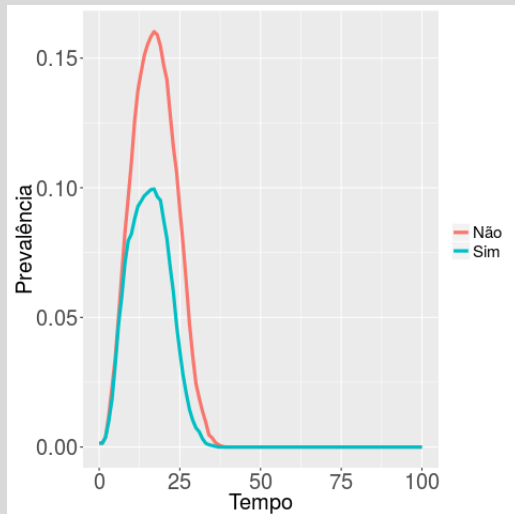
$$p_i = 1 - (1 - \lambda)^{V_i}$$

Dinâmica SIR em uma rede

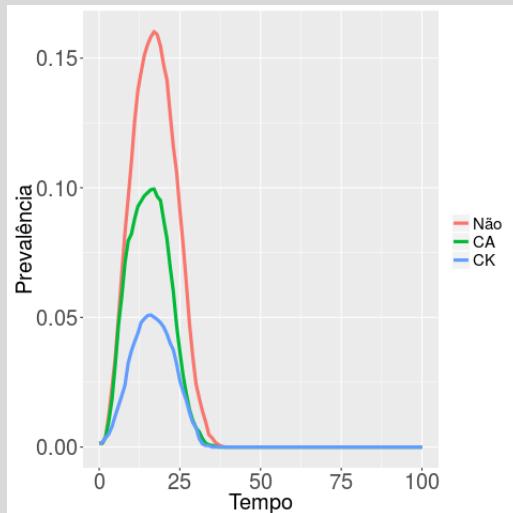
Dinâmica SIR em uma rede ($I_0: 0.001$, $\lambda: 0.7$, $Tl: 15(t) - 20(t)$)



Dinâmica SIR com controle aleatório ($I_0: 0.001$, $\lambda: 0.7$, $Tl: 15(t) - 20(t)$, $C: 0.2$)



Dinâmica SIR com controle direcionado (I_0 : 0.001, λ : 0.7, TI : $15(t) - 20(t)$, k : 0.01)



Sumário

Introdução

- Doenças infecciosas
- Modelagem matemática

SIR

- Estrutura
- Força de infecção
- Razão de reprodução básica (R_0)
- Esgotamento epidêmico
- Demografia
- Controle
- Sensibilidade

SIR estocástico

- Estocasticidade
- Algoritmo de simulação estocástica de Gillespie

SIR em redes

- Dinâmica em redes
- Controle aleatório
- Controle direcionado

SIS

- Estrutura

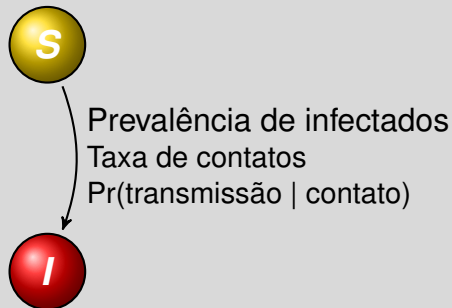
Modelo de **S**uscetíveis, **I**nfectados e **S**uscetíveis



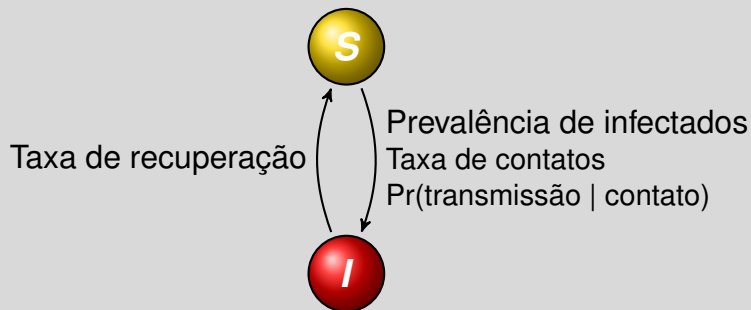
Modelo de Suscetíveis, Infectados e Suscetíveis



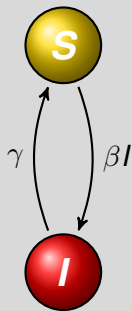
Modelo de Suscetíveis, Infectados e Suscetíveis



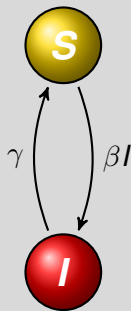
Modelo de Suscetíveis, Infectados e Suscetíveis



SIS determinístico em tempo contínuo



SIS determinístico em tempo contínuo

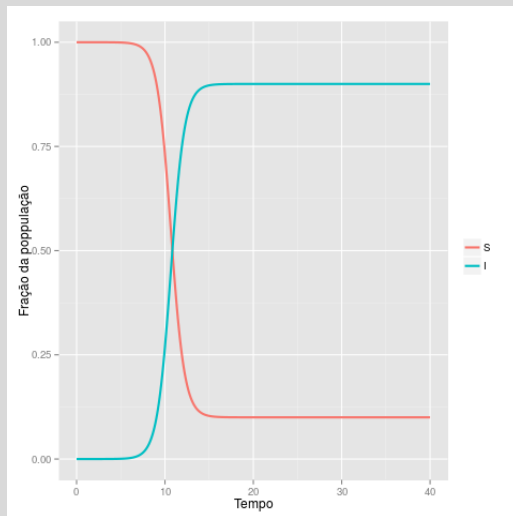


$$\frac{dS}{dt} = \gamma I - \beta SI$$

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

$$S = 1 - I$$

Dinâmica SIS ($\beta = 1.428$; $\gamma = 0.1428$)



Dynamic Models in Epidemiology



Documentation for package 'EpiDynamics' version 0.3.0

- [DESCRIPTION file.](#)
- [Package NEWS.](#)

Help Pages

[EpiDynamics-package](#)
[MultiStrainPartialImmunity](#)
[PlotMods](#)
[SEIR](#)
[SEIR4AgeClasses](#)
[SEIRnStages](#)
[SIR](#)
[sir2AgeClasses](#)
[SIR2Stages](#)
[SIR2TypesImports](#)
[SIRAdditiveNoise](#)
[SIRBirthDeath](#)
[SIRCCarrierState](#)
[SIRDemogStoch](#)
[SIRInducedMortality](#)
[SIRInducedMortality2](#)
[SIRPartialImmunity](#)
[SIRScaledAdditiveNoise](#)
[SIRSinusoidalBirth](#)
[SIRSinusoidalForcing](#)
[SIRTauLeap](#)
[SIRTermTimeForcing](#)
[SIRVector](#)
[SIS](#)
[SIS2RiskGroups](#)
[SISDemogStoch](#)
[SISinusoidalTransBrith](#)
[SISnRiskGroups](#)
[SISPairwiseApprox](#)

The EpiDynamics Package

Partial immunity model that cycles (P 4.2).

Plot results of capm model functions

SEIR model (2.6).

SEIR model with 4 age classes and yearly aging (P 3.4).

SEIR model with n stages (P 3.5).

Simple SIR model (P 2.1).

SIR model with 2 age classes (P 3.3).

SIR model with 2 age classes (P 3.3).

SIR model with two types of imports (P 6.6).

SIR model with constant additive noise (P 6.1).

SIR model with births and deaths (P 2.2).

SIR model with carrier state (2.7).

SIR model with demographic stochasticity (P 6.4).

SIR model with disease induced mortality: Density-dependent transmission (P 2.3).

SIR model with disease induced mortality: frequency-dependent transmission (P 2.4).

SIR model with partial immunity (P 4.1).

SIR model with Scaled additive noise (P 6.2).

SIR model with sinusoidal births (P 5.3).

SIR model with sinusoidal forcing (P 5.1).

SIR model with tau leap method (P 6.5).

SIR model with corrected term-time forcing (P 5.2).

SIR model for mosquito vectors (P 4.4).

Simple SIS model (P 2.5).

SIS model with 2 risk groups (P 3.1).

SIS model with demographic stochasticity (P 6.3).

Rabbit Hemorrhagic Disease model with sinusoidal transmission rate and per capita birth rate (P 5.4).

SIS model with multiple risk groups (P 3.2).

Pairwise SIS approximation model (P 7.8).

Referências

- Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). Modeling infectious diseases in humans and animals. Princeton University Press.
- Pineda-Krch, M. (2009). GillespieSSA: A user-friendly stochastic simulation package for R.
- Grisi-Filho JHH & Amaku M (2015). VPS 5732 - Análise de redes em epidemiologia veterinária.
- Oswaldo Santos Baquero & Fernando Silveira Marques (2015). EpiDynamics: Dynamic Models in Epidemiology. R package version 0.3.0.
- Oswaldo Santos Baquero, Marcos Amaku & Fernando Ferreira (2015). capm: Companion Animal Population Management. R package version 0.9.0.