

## Proposta de Trabalho

Implementar um modelo matemático epidemiológico para o estudo e previsão do comportamento de uma determinada epidemia utilizando o MATLAB. Para este fim, segue abaixo uma descrição do conhecido modelo **SIR**, um dos primeiros modelos matemáticos propostos e também um dos mais usados na modelagem da dinâmica de epidemias. Este modelo deve ser usado como ponto de partida para a execução do projeto.

## 1 Introdução

Uma hipótese fundamental de muitos modelos matemáticos aplicados ao estudo da evolução de epidemias é que a população pode ser dividida em um conjunto de agrupamentos distintos, cada um deles denominado compartimento. Por esta razão, estes modelos baseados em compartimentos ficaram popularmente conhecidos na área de epidemiologia como modelos compartimentais. Conforme se verá adiante, poderemos estabelecer uma analogia com a conhecida *visão sistêmica*, muito comum em diversas áreas da engenharia contemporânea. No contexto da Engenharia Mecatrônica, a visão sistêmica é de fundamental importância na modelagem, controle, projeto e otimização de sistemas mecatrônicos, como é o caso de robôs e manipuladores, dentre outras aplicações da área. A visão sistêmica considera que um determinado fenômeno físico possa ser estudado a partir de relações de entrada e saída, sendo as entradas os agentes que atuam no sistema (forças em sistemas mecânicos, por exemplo) e as saídas as respostas do sistemas às entradas aplicadas (movimentos decorrentes da aplicação de forças, por exemplo). Na Figura 1 é exibida uma conceituação da visão sistêmica, que pode ser aplicada à muitos problemas de modelagem, não se limitando apenas aos problemas de engenharia.

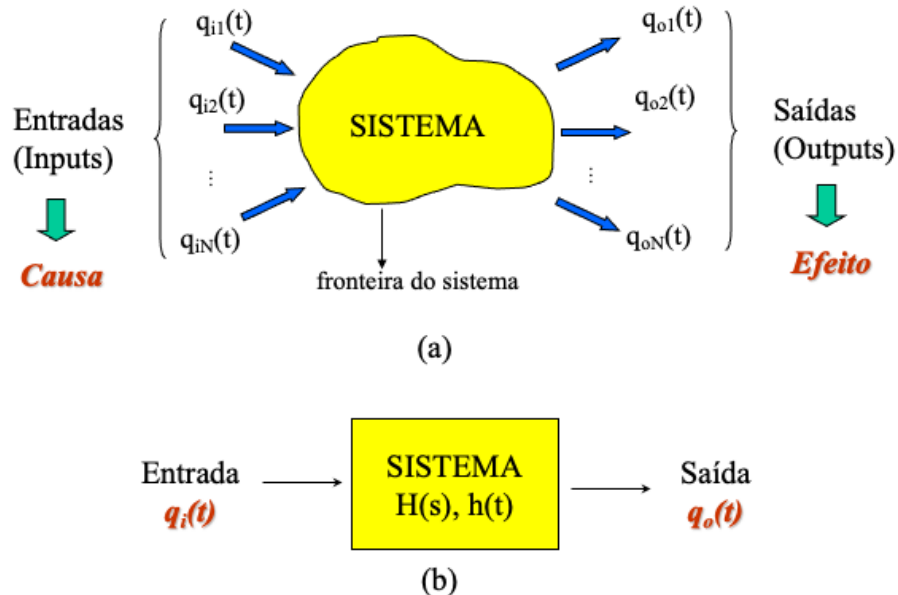


Figura 1: Visão sistêmica de modelagem: (a) Problema geral ; (b) Diagrama de blocos para um sistema com uma entrada e uma saída

Como pode-se notar, a Figura 1a mostra o sistema, suas entradas (causas) e suas saídas (efeitos). A designação *sistema* possui uma interpretação bastante ampla. No contexto da engenharia, um sistema pode ser entendido como um conjunto de componentes interligados e destinados, de forma geral, a transformar energia. Exemplos clássicos incluem mas não se limitam a: (a) uma suspensão de um automóvel; (b) a asa de uma aeronave; (c) um servo-motor de atuação de um sistema mecatrônico. Em outros casos, o sistema pode ser o conjunto total (a aeronave) e não apenas algum sub-conjunto. Sistemas que possuem esta natureza, quer formados pelo todo ou pelas partes possuem uma fronteira física, geralmente delimitada pelas características geométricas do sistema. Em outros casos, a fronteira do sistema não necessariamente é um ente físico, palpável do ponto de vista geométrico. É o caso, por exemplo, daqueles modelos matemáticos que buscam estudar o comportamento do mercado financeiro, ou mesmo de epidemias, onde claramente não existe um sistema físico, palpável à luz de suas características geométricas, mas apresentando uma fenomenologia plenamente possível de ser modelada através da visão sistêmica *ESS* (*Entradas-Sistema-Saídas*). E, para estes sistemas aparentemente "invisíveis" é plenamente possível estabelecer-se um sistema de equações que procure revelar e até mesmo prever seu comportamento dinâmico.

Para completar a conceituação da visão sistêmica, é comum a utilização dos chamados diagramas de blocos, como mostrado na Figura 1b, a qual mostra a versão mais simples de um modelo dinâmico, possuindo uma única entrada, uma única saída e sendo representado por um único bloco, no interior do qual existe uma função ou uma equação (no caso mais geral uma transformação) que opera a entrada (ou se preferirem opera sobre a entrada), fornecendo então a saída ou resposta do sistema. Como se observa, dentro de cada bloco existe uma equação ou função, de natureza algébrica ou diferencial que representa o sistema físico em estudo. A obtenção da equação ou função que descreve um determinado sistema depende da adoção de *hipóteses simplificadoras* e, a partir delas aplicam-se as leis físicas pertinentes, obtendo-se assim as funções ou equações que descrevem o sistema. Vale observar que, dependendo da complexidade do fenômeno físico em estudo, a obtenção de um modelo matemático depende dentre outras, de observações empíricas das variáveis que virão a compor tal modelo. Ainda mais, fica claro que podem existir diferentes visões do mesmo problema ou seja, para um mesmo problema pode existir mais de um modelo matemático que o descreva. É por esta razão que sempre dizemos que: "Para um problema físico nunca existe o modelo mas sim os modelos". Outra forma de expressar a idéia seria: "Todos os modelos matemáticos estão errados, mas alguns são úteis!".

Em linhas gerais, esta introdução buscou então dar uma noção, mesmo que introdutória ao importante conceito da visão sistêmica, que no transcorrer do curso de Engenharia Mecatrônica certamente será aprofundada em outras disciplinas da área de Dinâmica de Sistemas. Vamos agora descrever o problema proposto para o presente projeto.

## 2 Descrição do Problema

Como é de conhecimento de todos, a humanidade passa por um momento muito delicado e de forte apreensão e incertezas. Não obstante, o momento atual também se coloca como uma oportunidade extraordinária para o aprendizado. Neste contexto, o presente projeto propõe aos estudantes da disciplina SEM0530-Problemas de Engenharia Mecatrônica II o desafio de estudar um modelo epidemiológico aplicado à disseminação do SARS-COV-2, causador da COVID-19. Espera-se que, com a execução do projeto, o estudante não apenas adquira conhecimentos adicionais sobre pro-

gramação mas também possa aprender conceitos relacionados à modelagem de sistemas dinâmicos que poderão servir para aplicações em outras áreas do conhecimento.

Uma hipótese simplificadora fundamental da maioria dos chamados modelos epidemiológicos compartimentais, os quais se encaixam perfeitamente bem na visão sistêmica recém discutida, é que a população de indivíduos pode ser dividida em um conjunto de compartimentos, doravante denominados sub-sistemas. Esses sub-sistemas são definidos em relação ao status da doença, ou também em relação aos diferentes estágios que a epidemia pode assumir. O modelo mais simples, inicialmente descrito por Kermack e McKendrick em 1927, consiste em dividir a população em três sub-sistemas: Suscetíveis (S), Infectados (I) e Recuperados (R), de forma que:

- Suscetíveis: Indivíduos que nunca foram infectados pelo vírus em estudo, e são capazes de contraí-lo. Uma vez contraído, estes indivíduos passam a pertencer ao segundo sub-sistema, o de Infectados.
- Infectados: São aqueles indivíduos que contraíram o vírus e podem transmiti-lo a outras pessoas não infectadas, porém susceptíveis. Os infectados passam um intervalo de tempo nesta condição, enquanto foram capazes de contaminar outros indivíduos, e ao término deste intervalo de tempo passam a fazer parte do sub-sistema Recuperados.
- Recuperados: São aqueles indivíduos que, uma vez tendo contraído a enfermidade, passam por um período da mesma e se recuperam, e atingindo a cura, por hipótese **passam a ser imunes ao agente agressor**. Fica claro que aqueles que não se recuperam, infelizmente passam a aumentar o número de óbitos, o que, indubitavelmente se procura mitigar com inúmeras medidas de proteção sanitária e social.

O conhecido modelo epidemiológico **SIR**, cuja sigla alude à estes três compartimentos ou sub-sistemas (*Susceptible-Infected-Recovered*), originalmente, pode ser expresso por um conjunto bastante simplificado de equações diferenciais de primeira ordem através de um modelo determinístico (modelo que não considera nenhuma aleatoriedade no processo, também por hipótese !). Usar este modelo determinístico implica que as mesmas condições iniciais na entrada sempre conduzem à mesma saída, o que não aconteceria no caso de haver componentes aleatórias no modelo. Neste modelo é assumido que os encontros (e portanto contágios) entre indivíduos susceptíveis e infectados ocorrem a uma razão proporcional aos respectivos números (susceptíveis S e infectados I) no conjunto total da população. A taxa de variação de novas infecções pode então ser definida por  $\beta SI$ , sendo  $\beta$  um parâmetro que descreve a razão de infecção. Indivíduos infectados, por hipótese, possuem a mesma probabilidade de recuperação em todos os instantes, a qual se traduz em uma taxa de recuperação per capita constante  $r$ , sendo portanto  $rI$  a taxa de recuperação. Baseado nestas hipóteses e considerações, o diagrama de blocos do modelo SIR é mostrado na Figura 2.

E, de acordo com o modelo acima, as seguintes equações diferenciais podem ser escritas para o mesmo

$$\frac{dS}{dt} + \beta SI = 0 \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} + rI - \beta SI = 0 \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} - rI = 0 \quad (3)$$

Observe que, do ponto de vista matemático, as expressões acima possuem as seguintes características principais: (i) são equações diferenciais de primeira ordem na variável independente

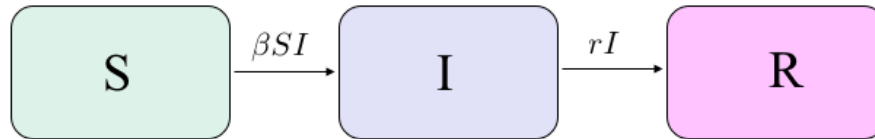


Figura 2: Diagrama de blocos do modelo epidemiológico SIR. Cada bloco representa um compartimento ou sub-sistema e entre os sub-sistemas são mostradas as variáveis de fluxo

tempo  $t$ ; (ii) são escritas como equações diferenciais homogêneas; (iii) São equações diferenciais acopladas, pois a solução  $S$  aparece na equação de  $I$  e esta última aparece na equação de  $R$ . Geralmente, em estudos epidemiológicos, é mais comum expressarmos as equações do modelo na forma de taxas de variação das grandezas envolvidas, ou seja

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - rI \quad (5)$$

$$\frac{dR}{dt} = rI \quad (6)$$

A proposta de trabalho é então desenvolver uma rotina em ambiente MATLAB para implementação destas equações do modelo SIR inicialmente para uma população de tamanho  $N$  e considerada fechada, ou seja, sem considerar efeitos de variações demográficas, ou seja,  $N = S + I + R$  é constante. Isto significa dizer que, numa primeira implementação, todas as pessoas infectadas atingirão a recuperação. Claramente esta é uma situação ideal, a qual gostaríamos que acontecesse na prática, mas ainda serve como um bom exercício não apenas para praticarmos a programação como também aprendermos um pouco mais sobre este cenário que se coloca perante o mundo todo. É claro que existem modelos matemáticos muito mais sofisticados do que este, o que confirma o que foi dito acima, que para um fenômeno não necessariamente existe O modelo mas sim OS modelos. Então seu trabalho pode ser dividido em três partes, a título de sugestão:

- Escreva um programa em MATLAB (.m) que chamaremos de *main* que defina um instante inicial  $t_0$  e um instante final  $t_f$  para a análise. A diferença entre estes instantes pode ser horas, semanas, meses, depende de sua escolha. Defina então um vetor de tempo, por exemplo usando o comando *linspace* do matlab que contenha estes dois instantes como inicial e final. Em seguida defina um vetor de parâmetros inicializadores para as equações diferenciais acima. Este vetor deve ter a seguinte forma, por exemplo:  $y_0 = [N, I_0, R_0]$  sendo  $N$  o número total de indivíduos,  $I_0$  o número inicial de infectados e  $R_0$  o número inicial de recuperados. Estes parâmetros são indispensáveis conforme já dito para a inicialização do processo de solução das equações.
- Escreva uma subrotina do tipo *function* que irá resolver as três equações acima. Para tanto, use o comando implícito *ODE45* do MATLAB que resolve equações diferenciais lineares. Como resultado desta sub-rotina deveremos ter então a solução para as três variáveis. Esta sub-rotina deverá ser chamada através de uma linha de comando do programa *main*.

- Mostre suas soluções num mesmo gráfico destacando a evolução temporal das três variáveis ( $S$ ,  $I$ ,  $R$ ) da sua população.

Logo, a implementação numérica do modelo acima com condições iniciais escolhidas de acordo com a população alvo (bairro, cidade, município, estado, país) é capaz de fornecer a variação temporal de  $S$ ,  $I$  e  $R$ , como soluções das três equações diferenciais do modelo. E tais variações devem ser exibidas em um mesmo gráfico em função do intervalo de tempo previamente definido. Portanto, *o mínimo esperado de cada estudante é que ao final do projeto entregue um relatório no formato .pdf contendo: (a) a descrição de sua implementação, ou seja, como implementou as rotinas, mostrando claramente quais dados utilizou para a população e condições iniciais bem como o intervalo de tempo; (b) uma cópia das rotinas; (c) pelo menos um gráfico mostrando as soluções encontradas.* Este projeto será a única avaliação da disciplina durante o semestre. Então, o atendimento à estas três demandas garantirá aprovação na disciplina com uma média mínima igual a 7,0 (sete), desde que os resultados apresentados sejam representativos da solução das equações do modelo. A título de exemplo, mostramos na Figura 3 abaixo uma solução possível das equações do modelo para determinadas condições iniciais.

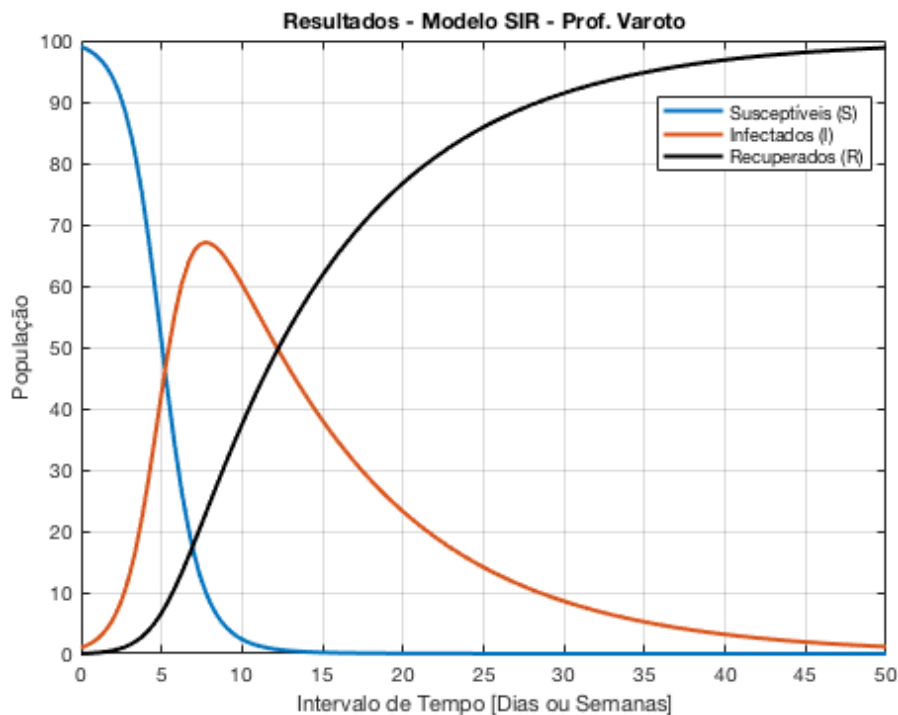


Figura 3: Resultados típicos do modelo SIR. Autor: Prof. Varoto

## 2.1 Explorando o Modelo

Conforme apontado acima, o resultado mostrado na Figura 3 consitui o mínimo que se espera ver em cada solução. No entanto, é possível explorar o modelo através de algumas operações básicas, dentre elas:

- Rode o programa para diferentes condições iniciais para os susceptíveis, infectados e recuperados. Altere também o parâmetro  $N$  e veja como ele muda a forma dos gráficos.
- Um parâmetro chave nos estudos epidemiológicos é a famosa **Taxa de Reprodução**,  $R_0$ . Esta taxa é definida pelo número médio de casos secundários transmitidos por um único indivíduo infectado que é inserido em uma população susceptível. Em outras palavras,  $R_0$  nos diz sobre a velocidade de disseminação da doença. Se  $R_0 > 1$ , significa que cada indivíduo transmite o vírus para mais de uma pessoa susceptível e neste cenário certamente haverá o desenvolvimento de um cenário epidêmico. Se  $R_0 < 1$  o(s) infectado(s) presente(s) na população de susceptíveis se recuperarão (ou infelizmente falecerão) sem que outros indivíduos sejam infectados e assim, não se desenvolve a doença. Para o presente modelo é bastante trivial de se obter o  $R_0$ . A condição livre de doença corresponde a  $S = N$ ,  $I = 0$ ,  $R = 0$ . Se um indivíduo infectado aparece na população, haverá uma epidemia se e somente se  $dI/dt > 0$  ou seja se a derivada temporal ou taxa de variação dos infectados for maior do que 1 ! Se na primeira equação do modelo substituirmos  $S$  por  $N$  isto leva a  $\beta N/r > 1$ . Ou seja:

$$R_0 = \frac{\beta N}{r} \quad (7)$$

Você pode checar esta última expressão simulando o modelo para diferentes conjuntos de parâmetros. Fixe um valor para  $N$ , e varie  $\beta$  e  $r$ . Escolha seus valores numéricos tal que se tenha  $R_0 > 1$  e  $R_0 < 1$ . Pelo simples fato de que o que realmente importa é o quociente entre os dois parâmetros  $\beta$ ,  $r$  escolhas adequadas para os parâmetros mostrarão de fato a importância do  $R_0$ .

- A vacinação pode prevenir a infecção de um indivíduo. Adicionalmente, ela também pode proteger a população inteira da epidemia, mesmo no caso onde nem todos os indivíduos sejam vacinados (este é o popular conceito de *imunidade de rebanho*). Baseado no conceito do coeficiente  $R_0$  você consegue pensar em uma explicação intuitiva para este fenômeno ? Implemente a vacinação em seu modelo sem no entanto alterar a estrutura do modelo. Para tanto você pode alterar as condições iniciais. Um indivíduo vacinado não pode infectar ou ser infectado. Assuma que a vacinação aconteça antes do estabelecimento da emergência sanitária. Escolha diferentes proporções de indivíduos vacinados e execute seu programa. Verifique em cada execução se a doença se espalha e tente determinar um limite para a proteção da vacina. Repita este procedimento para vários valores de  $\beta$ . Procure estabelecer uma relação entre o limite da vacina e o grau de disseminação da doença.
- O portal <https://covid.saude.gov.br/> permite baixar o arquivo *.csv* que pode facilmente ser lido em planilha Excel e suas colunas serem copiadas para vetores no MATLAB. Você poderá comparar os resultados de seu modelo com dados reais bastando para tanto escolher fazer isto para o Brasil, Estados ou Municípios individualmente. Seria um ótimo exercício para se ter uma idéia geral do enorme desafio em se obter modelos epidemiológicos confiáveis.

### 3 Entrega

- Até o dia 15/07/2020
- A entrega será através do sistema e-disciplinas (instruções para entrega serão postadas oportunamente)
- Trabalho em grupo de até 4 alunos por grupo.