

# Modelo S-I-R (1927)

Modelo simplificado para o estudo da propagação de doenças proposto por Kermack-McKendrick. Vamos buscar apenas manter os elementos essenciais para o estudo, omitindo todos as complicações possíveis do mundo real:

- $S(t)$  → Número de indivíduos Suscetíveis;
- $I(t)$  → Número de indivíduos Infectados;
- $R(t)$  → Número de indivíduos Removidos: mortos ou curados;

Veja também a [Wikipedia](#).

# Hipóteses do modelo S-I-R

- 1) A população total permanece constante: o tempo da epidemia é curto (em relação ao tempo de vida médio do indivíduo);
- 2) A taxa de aumento dos infectados – que assumimos constante ao longo do tempo – é proporcional à taxa de contato entre suscetíveis e infectados;
- 3) Os indivíduos infectados recuperam-se ou morrem a uma taxa constante.

# Representação matemática

- Evolução temporal de S, R e I;
- $S(t=0)=S_0$ ,  $I(t=0)=I_0$ ,  $R(t=0)=0$ ;
- $a \rightarrow$  taxa de transmissão;  $b \rightarrow$  taxa de remoção.

$$\frac{dS}{dt} = -a \frac{SI}{N} \quad \frac{dI}{dt} = a \frac{SI}{N} - bI \quad \frac{dR}{dt} = bI$$

Extensividade

$$\frac{d}{dt} (S + R + I) = 0 \quad S + R + I = S_0 + I_0 = N$$

# Perguntas importantes

1) A doença irá se propagar?

- Haverá uma epidemia?

2) Qual será o número máximo de infectados ao mesmo tempo?

- Sobrecarga do sistema de saúde.

3) Quantas pessoas contrairão o vírus durante toda a epidemia?

- Efeitos totais da pestilência.

Podemos responder às três sem resolver as equações!

# A doença irá se propagar?

- Dizemos que a epidemia ocorre se  $I(t)$  aumenta no tempo;

$$S \leq S_0 \quad \frac{dI}{dt} \leq \left( a \frac{S_0}{N} - b \right) I \quad \frac{S_0}{N} > \frac{b}{a} = \frac{1}{R_0} \quad R_0 = \frac{a}{b} > \frac{N}{S_0} \approx 1$$

- $R_0 \rightarrow$  número básico de reprodução: número de novas infecções causadas por um infectado;  $R_0 = 1-1.5$  (“gripezinha”)  $R_0 = 2.5-3.5$  (COVID-19). Dinâmico na prática;
- A epidemia acaba por falta de infectados e não por falta de suscetíveis!

$$\frac{dS}{dt} = -a \frac{SI}{N} \quad \frac{dI}{dt} = a \frac{SI}{N} - bI \quad \frac{dR}{dt} = bI$$

# Número máximo de infectados?

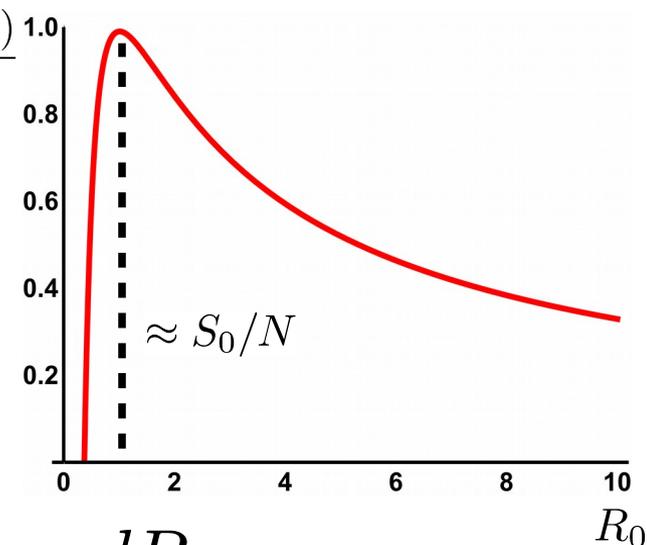
- Quantos indivíduos ficarão doentes ao mesmo tempo =  $I_{\max}$ ? Controlado por  $R_0$ .

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{1}{R_0} \frac{N}{S}, \quad I + S - \frac{N}{R_0} \ln S = \underbrace{I_0 + S_0}_{N} - \frac{N}{R_0} \ln S_0 \quad \frac{f(R_0)}{N}$$

$$I_{\max} = N - \underbrace{\frac{N}{R_0} \left( 1 + \ln \frac{S_0}{N} R_0 \right)}_{f(R_0)}$$

$dl/dS=0!$

$R_0$  grande = muitos infectados ao mesmo tempo = sobrecarga



$$\frac{dS}{dt} = -a \frac{SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = a \frac{SI}{N} - bI$$

$$\frac{dR}{dt} = bI$$

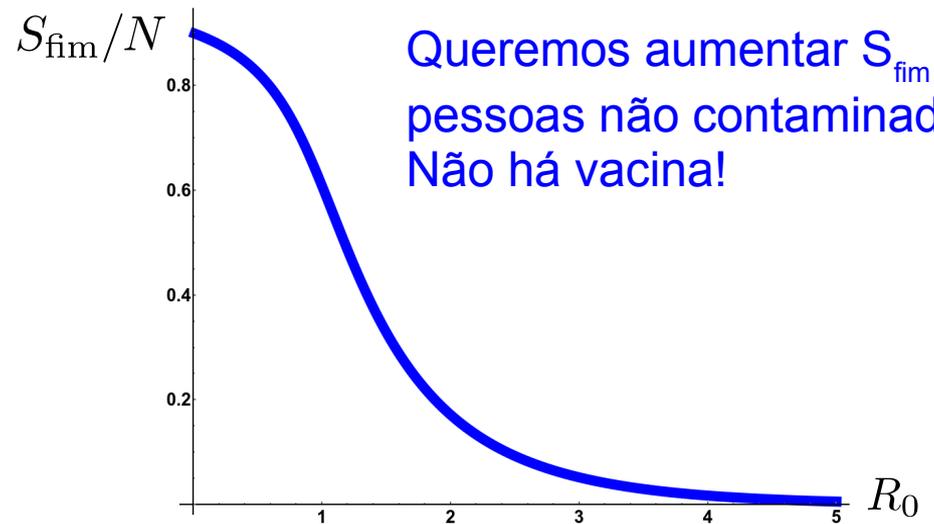
# Quantas pessoas contrairão o vírus?

- Quando  $I(t_{\text{fim}})=0$ , a epidemia acaba.  $R_{\text{fim}}=R(t_{\text{fim}})$  dá o número total de infectados junto da população

$$R_{\text{fim}} = -S_{\text{fim}} + N$$

$$S_{\text{fim}} = N + \frac{N}{R_0} \ln \frac{S_{\text{fim}}}{S_0}$$

Equação algébrica não linear



$$S + R + I = S_0 + I_0 = N \quad I + S - \frac{N}{R_0} \ln S = \underbrace{I_0 + S_0}_N - \frac{N}{R_0} \ln S_0$$

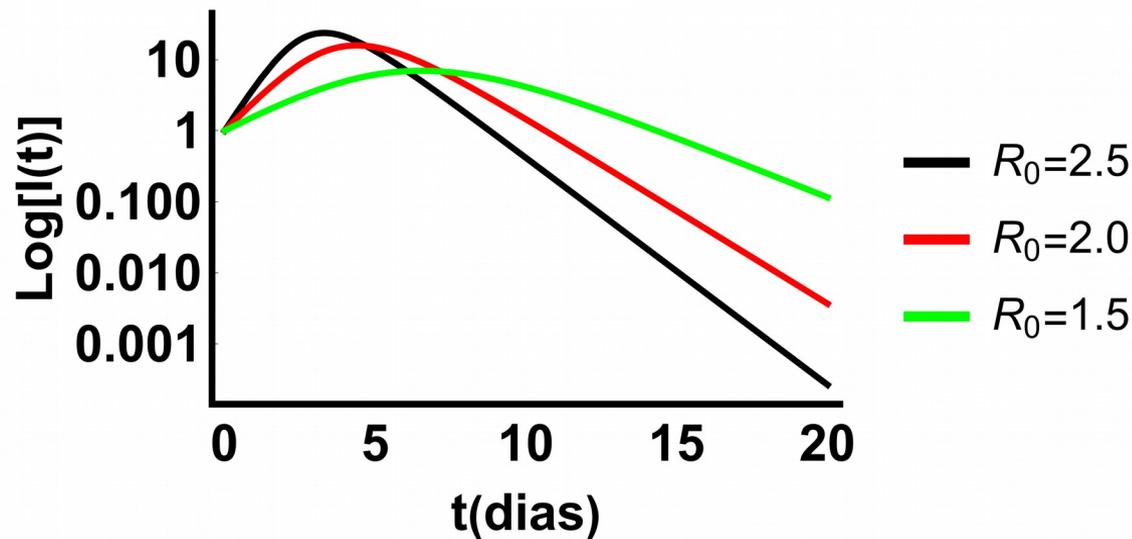
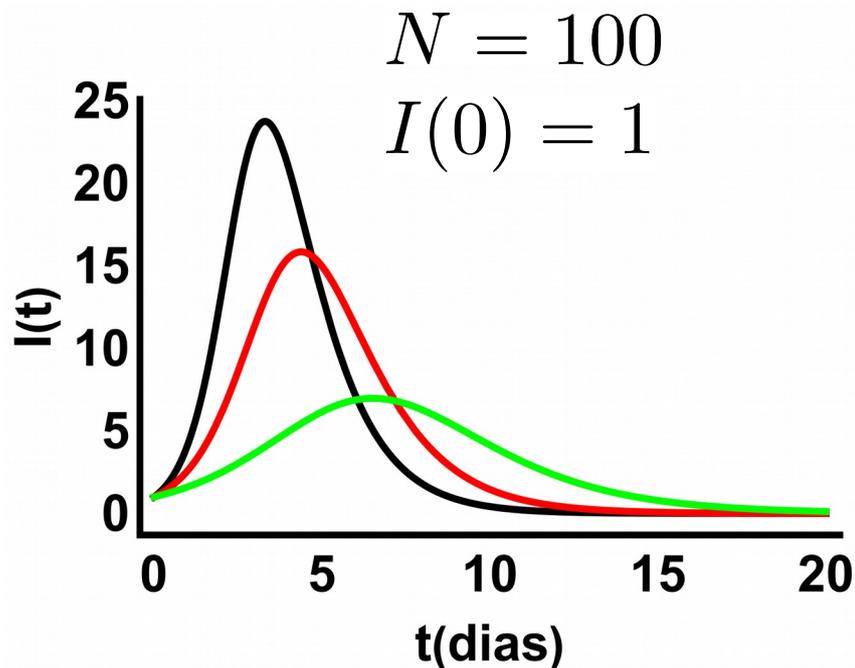
# A importância do parâmetro $R_0$

- Dada uma epidemia, queremos diminuir seus efeitos;
- O modelo SIR nos diz como: reduza o valor de  $R_0 = a/b$ ;
  - Diminui o número máximo de infectados em um dado  $t$ ,  $I_{\max}$ ;
  - Diminui o número máximo de pessoas que contrairão o vírus,  $R_{\text{fim}}$ ;
- $R_0$  dá o número médio de indivíduos para qual um membro infectado transmite a doença:
  - Lave as mãos: aumenta  $b$
  - Isolamento social: diminui  $a$

$$\frac{dS}{dt} = -a \frac{SI}{N} \quad \frac{dI}{dt} = a \frac{SI}{N} - bI \quad \frac{dR}{dt} = bI$$

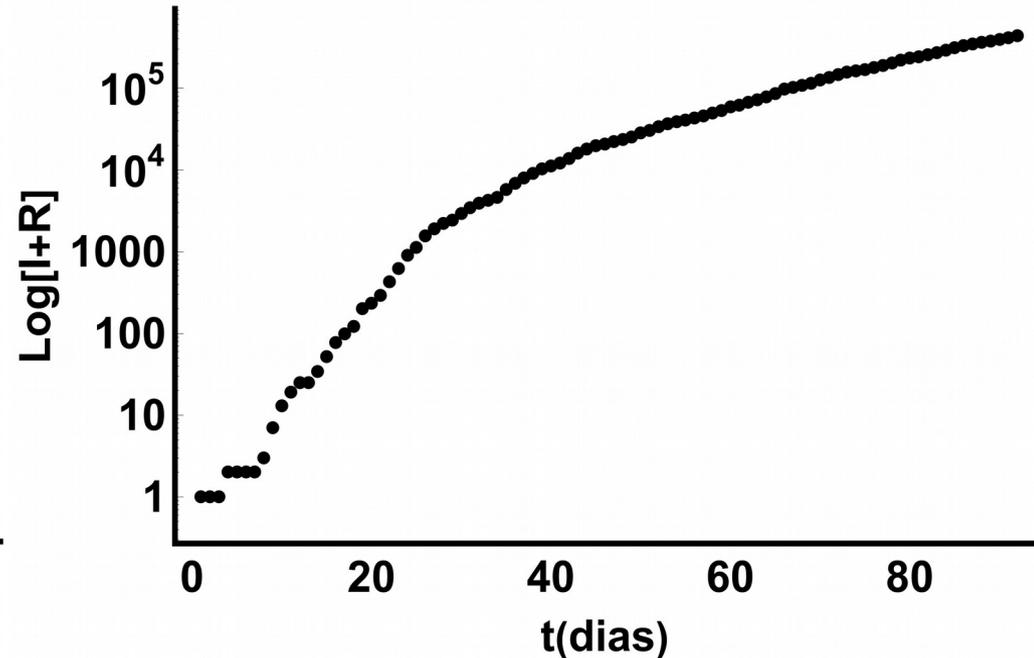
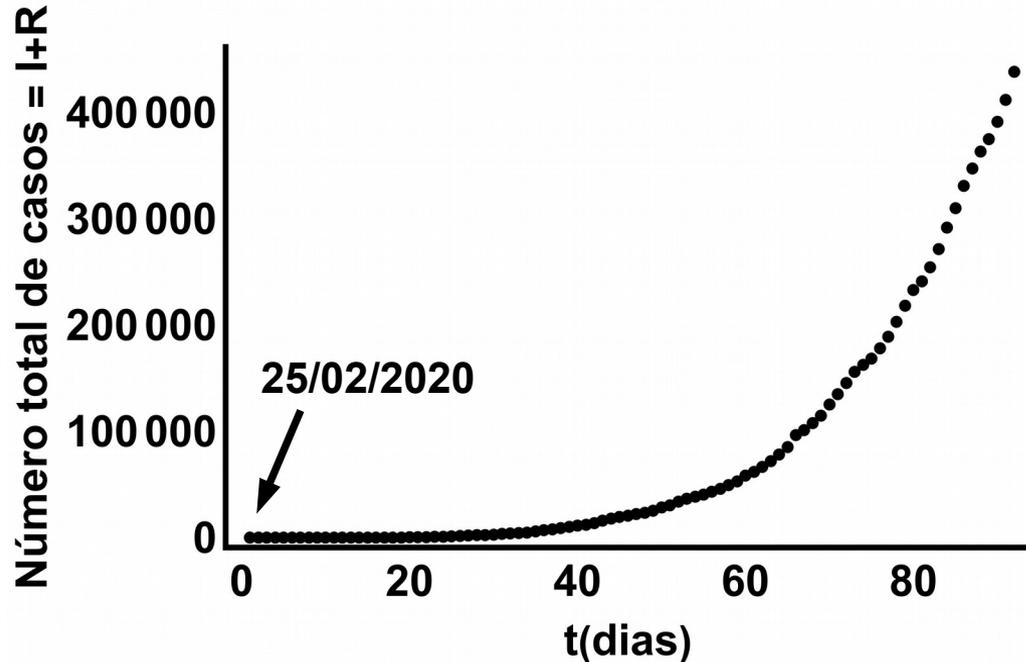
# Simulação de uma epidemia

- Solução numérica do sistema de equações diferenciais;
- Número de infectados em um dado  $t$ : “achatando a curva”



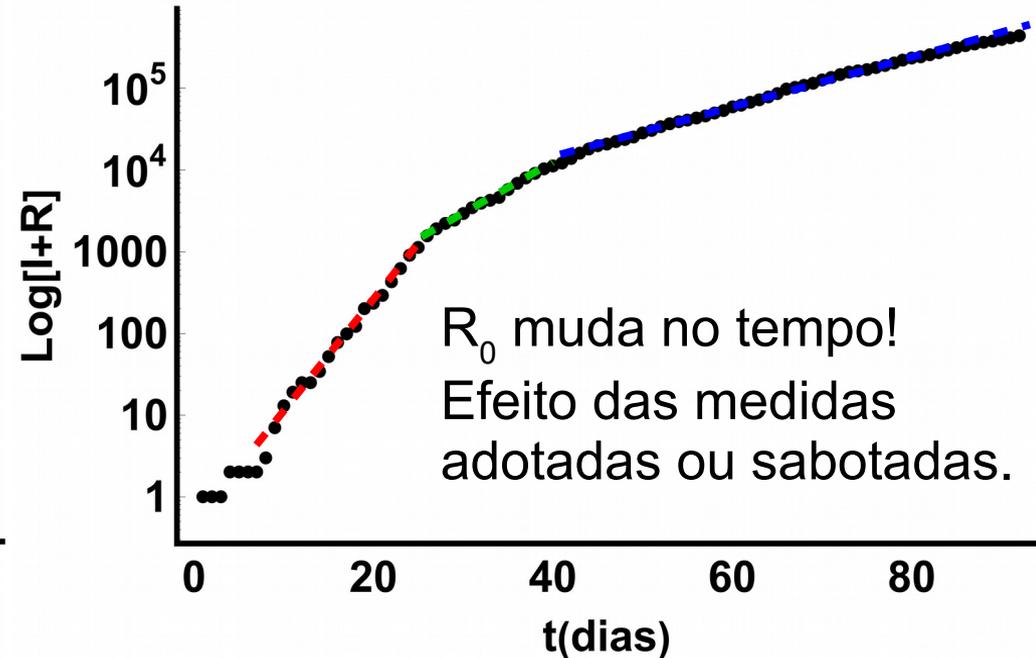
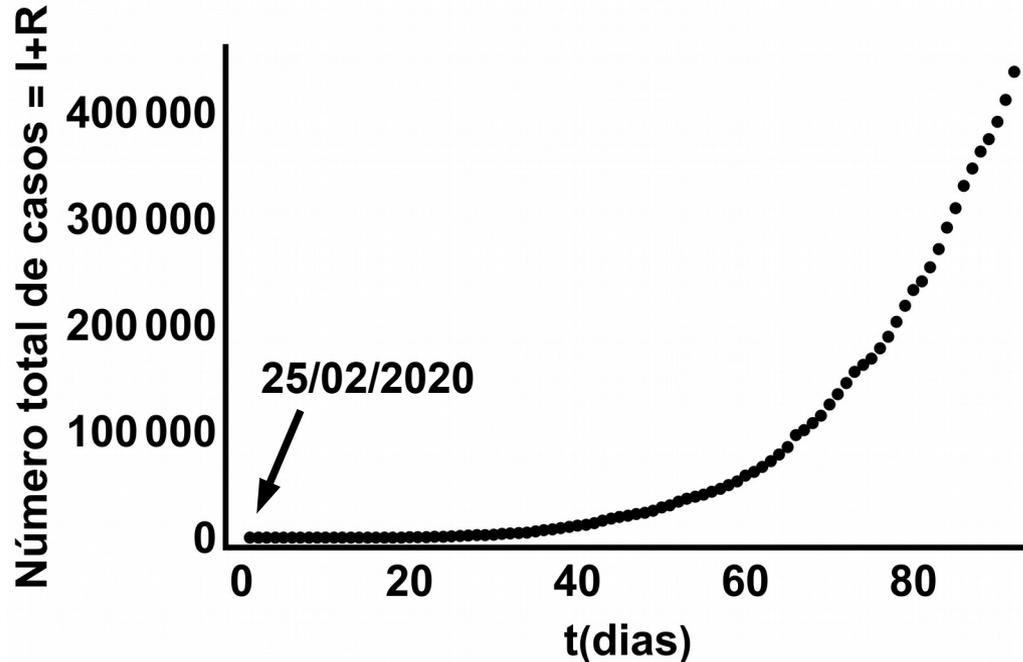
# COVID-19 no Brasil

- Dados oficiais: [Wiki COVID-19 pandemic in Brazil](#)
- Número total de casos acumulados =  $I(t) + R(t)$



# COVID-19 no Brasil

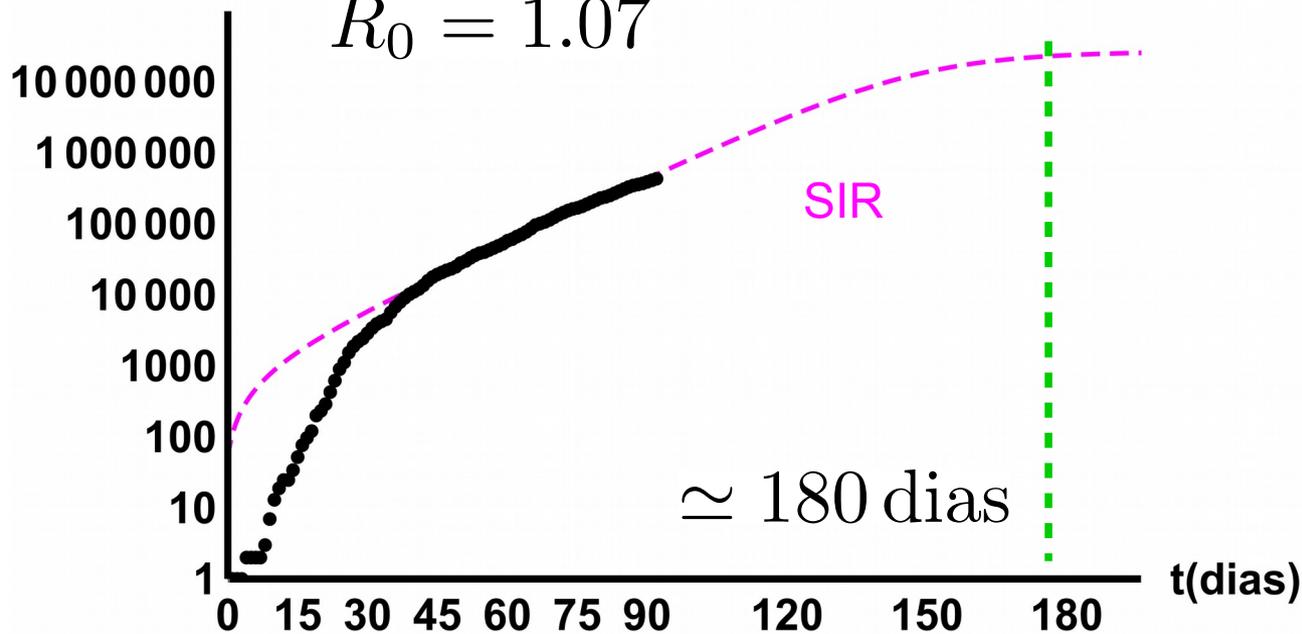
- Dados oficiais: [Wiki COVID-19 pandemic in Brazil](#)
- Número total de casos acumulados =  $I(t) + R(t)$



# COVID-19 no Brasil

- Dados oficiais: [Wiki COVID-19 pandemic in Brazil](#)

$$I(t)+R(t) \quad N = 211289547 \quad I(0) = 54 \\ R_0 = 1.07$$



Qualitativamente correto, mas quantitativamente insuficiente!  
Extensões do modelo SIR são aplicadas na prática:

- Divisão da população em mais subgrupos: recuperados, falecidos, quarentena, expostos, ...
- $R_0$  que varia no tempo;
- Análise de dados para extração de parâmetros. (veja vídeos Luis Vitor IFSC)

# Conclusões

- Modelo SIR útil para entendermos os aspectos básicos de uma pandemia: ocorrência, pico e efeito total;
- Toda a informação em um único parâmetro  $R_0$ ;
- Simplicidade tem um preço: quantitativamente impreciso;
- Combinação com análise de dados é importante:  $R_0(t)$ , extrapolações, ...
- Incorporar informações extras fundamentais
  - **Classe social**: acesso a água, condição de isolamento, plano de saúde;
  - Grupo de risco e comorbidades;
  - Espaciais (São Paulo vs. São Carlos);
  - ...