

Introdução à Modelagem Computacional de Epidemias¹

Um Guia com Insight Maker e Python

Ligia Liani Barz, José Rafael Furlanetto e Fernando Deeke Sasse
Departamento de Matemática, CCT - UDESC

03 de junho de 2025

¹Trabalho associado ao Projeto de Pesquisa *Modelagem Baseada em Agentes Aplicada a Problemas de Epidemiologia e Mobilidade Urbana* - NPP4053-2022.

Resumo

Este trabalho apresenta um guia para modelagem contínua e discreta de epidemias utilizando a plataforma *Insight Maker* e Python. O público-alvo consiste em professores de matemática do ensino médio, pesquisadores da área de ciências médicas e biológicas. Parte das ferramentas aqui utilizadas são acessíveis a usuários sem conhecimento de cálculo diferencial e integral, utilizando representações visuais e equações de diferenças em vez de equações diferenciais. A abordagem mais simples envolve *Insight Maker*, um software livre baseado na web, que permite construir modelos baseados em equações, com diagramas de estoques e fluxos, e modelos baseados em agentes, que simulam comportamentos individuais. Alternativamente, são apresentados modelos discretos e contínuos em Python, com códigos comentados, para realizar a simulação da evolução de doenças infecciosas. O trabalho analisa modelos compartimentais básicos e algumas de suas variações, incluindo SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado), SEIR (com Expostos) e SEIRS (com perda de imunidade), considerando transmissão dependente da frequência e da densidade. Efeitos de sazonalidade e demografia são analisados. Os exemplos ilustram conceitos fundamentais da área e envolvem fenômenos dinâmicos que podem ocorrer em epidemias em sistemas humanos ou ecológicos, tais como surtos periódicos, oscilações endêmicas, equilíbrio estável e instável, bifurcação e caos.

Palavras-Chave: modelos epidêmicos, modelos compartimentais, modelos SIR

1 Introdução

O estudo de epidemias em termos dos chamados **modelos compartimentais** combina ferramentas matemáticas, computacionais e científicas para compreender e prever a disseminação de doenças infecciosas em populações. Este trabalho tem como objetivo principal fornecer um guia didático acessível para professores, estudantes e pesquisadores interessados em explorar modelos epidemiológicos sem a necessidade de conhecimentos avançados em cálculo diferencial e integral. Através do uso da plataforma *Insight Maker* e de modelos discretos e contínuos implementados em Python, este documento apresenta abordagens que facilitam o acesso à modelagem computacional, permitindo que usuários com formação matemática básica possam construir, simular e analisar modelos de epidemias de maneira intuitiva e visual.

A modelagem de epidemias é uma ferramenta poderosa para entender a dinâmica de doenças infecciosas, desde a propagação de patógenos em populações humanas até infecções em ecossistemas animais. Tradicionalmente, a modelagem epidemiológica envolve equações diferenciais e técnicas numéricas complexas, que requerem um domínio avançado de cálculo. Nosso objetivo é eliminar essa barreira. O uso do *Insight Maker* e Python permite que professores de ensino médio, por exemplo, introduzam conceitos de modelagem em sala de aula, promovendo o desenvolvimento do pensamento computacional e a resolução de problemas do mundo real.

O público-alvo principal deste trabalho inclui professores de matemática do ensino médio, que podem usar as ferramentas apresentadas para introduzir conceitos de modelagem em sala de aula. Por outro lado, esse material pode ser útil também a professores de outras áreas, como biologia e física, assim como pesquisadores iniciantes interessados em epidemiologia computacional. A ausência de pré-requisitos avançados em cálculo torna este guia especialmente valioso em contextos educacionais, onde o foco está na compreensão conceitual e na aplicação prática. Além disso, o uso de *Insight Maker* e Python para implementar modelos discretos amplia o alcance do documento, permitindo que usuários que têm somente conhecimentos básicos de programação possam explorar modelos relativamente complexos, entender, reproduzir e aplicar conhecimentos divulgados na literatura científica da área.

O *Insight Maker* é uma plataforma de software livre que se destaca por sua acessibilidade e interface visual intuitiva. Com ela, é possível construir diagramas de estoques e fluxos (na MBE) ou simular comportamentos individuais (na MBA) de maneira interativa, sem exigir conhecimento prévio de programação ou cálculo.

Por outro lado, apresentamos também o Python como uma ferramenta para mo-

delagem com equações. Abordamos tanto a modelagem discreta, feita com equações de diferenças, quanto a contínua, por meio de equações diferenciais. Para leitores sem conhecimento de cálculo diferencial e integral, a abordagem contínua é opcional e pode ser ignorada, sem prejuízos para a sequência da apresentação. Sendo o Python uma linguagem de sintaxe relativamente fácil, nossa apresentação pode ser entendida por leitores com conhecimento mínimo dessa linguagem de programação. Todos os resultados das simulações realizadas com Python podem ser reproduzidos, pois todos os arquivos usados estão publicamente disponíveis.

Este documento está estruturado em seções que abordam diferentes aspectos da modelagem epidemiológica, desde a introdução às ferramentas até a implementação de modelos específicos para doenças infecciosas, aplicáveis a populações humanas e sistemas ecológicos. Abaixo, apresentamos uma breve descrição de cada seção, destacando os principais tópicos e objetivos:

- **Seção 2: Insight Maker como Ferramenta de Modelagem** — Esta seção apresenta uma visão geral da plataforma *Insight Maker*, descrevendo suas funcionalidades e vantagens para o ensino e a pesquisa. A plataforma é destacada por sua acessibilidade, sendo gratuita e baseada na web, e por sua capacidade de promover o aprendizado ativo através de simulações interativas. São discutidos exemplos de aplicações em matemática, biologia e outras áreas interdisciplinares, com ênfase na facilidade de uso para iniciantes.
- **Seção 3: Modelagem Baseada em Equações (MBE)** — Apresentamos a abordagem MBE no *Insight Maker*, que é foco principal desse trabalho, que utiliza diagramas de estoques e fluxos para representar sistemas dinâmicos, como a propagação de epidemias. Um tutorial detalhado guia o leitor na construção de um modelo epidêmico simples, destacando a simplicidade da interface e a ausência de necessidade de conhecimentos avançados em cálculo. Embora os cálculos realizados pelo *Insight Maker* sejam feitos resolvendo numericamente equações diferenciais, seu uso não exige o conhecimento desse formalismo.
- **Seção 4: Modelagem Baseada em Agentes (MBA)** — Apresentamos a abordagem que simula o comportamento individual de agentes (como pessoas em uma população) e suas interações. É apresentado um exemplo de modelagem de epidemias, mostrando como padrões globais emergem de ações locais. Embora não seja nosso foco principal, apresentamos uma revisão bibliográfica.
- **Seção 5: Diferenças entre MBE e MBA** — Uma comparação detalhada entre MBE e MBA é fornecida, destacando as vantagens e limitações de cada abordagem. A MBE é mais adequada para sistemas homogêneos, enquanto a MBA é ideal para modelar heterogeneidade e comportamentos individuais.

- **Seção 6: Modelagem e Pensamento Computacional** — Esta seção discute como, em uma abordagem mais básica, o uso do *Insight Maker* promove o pensamento computacional, uma habilidade essencial para resolver problemas de maneira estruturada. São apresentados exemplos de como é possível decompor problemas, reconhecer padrões e criar algoritmos implícitos ao modelar epidemias.
- **Seção 7: Modelos Compartimentais** — Aqui, são introduzidos os modelos compartimentais, que tem como protótipo o modelo SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado), que dividem a população em compartimentos com base em estados epidemiológicos. A abordagem utiliza tanto modelos discretos (equações de diferenças) quanto contínuos (equações diferenciais).
- **Seções 8 a 13: Modelos Compartimentais Básicos** — Essas seções abordam a aplicação de modelos SIR, SEIR, SEIRS e SI misto a doenças específicas, como influenza, COVID-19 e sarampo e suas variações mais clássicas (vacina, sazonalidade e demografia). Os conceitos fundamentais na modelagem de epidemias, tais como transmissão dependente da frequência e dependente da densidade, número básico de reprodução, surtos epidêmicos, intervalos interepidêmicos, equilíbrio endêmico são introduzidos e ilustrados por meio de exemplos. Será mostrado como bifurcações e caos podem surgir em modelos epidêmicos. Cada seção inclui atividades práticas em *Insight Maker* e Python, para simular a dinâmica de infecções.
- **Seção 14: Considerações Finais** — A seção final resume as contribuições do trabalho, discutindo a importância das ferramentas apresentadas para o ensino e a pesquisa em epidemiologia. São destacadas as implicações pedagógicas e as perspectivas futuras para a modelagem computacional.

2 Insight Maker como ferramenta de modelagem

O *Insight Maker* é uma plataforma de software livre e de fácil aprendizado, útil para a construção e simulação de modelos computacionais de sistemas que envolvem evolução temporal. Ele permite explorar a dinâmica de sistemas complexos e interações em diversos contextos, usando uma interface visual intuitiva e recursos avançados. Tal ferramenta é eficaz para o ensino de matemática, mesmo no nível básico escolar. Ele permite que os estudantes visualizem conceitos abstratos de maneira interativa, promovendo uma aprendizagem ativa e pensamento crítico, envolvendo as etapas básicas do método científico para resolver problemas do mundo real. Em particular, nosso interesse aqui é o ensino de matemática. Essencialmente, as vantagens do uso do *Insight Maker* nessa área são as seguintes:

- **Acessibilidade:** é gratuito e baseado na web, não requerendo instalação.

- Facilidade de uso: ideal para iniciantes e para uso em sala de aula.
- Interatividade: promove o aprendizado por meio de simulação e experimentação.

Alguns tópicos que podem ser explorados nesse escopo são os seguintes:

- Funções e gráficos: os estudantes podem explorar como diferentes tipos de funções (lineares, exponenciais, etc.) afetam o comportamento dos sistemas modelados.
- Modelos de crescimento: simulações de crescimento populacional, economia doméstica e outros sistemas acessíveis ao contexto dos estudantes.
- Dinâmica de sistemas simples: representação visual de conceitos como taxas, proporções e mudanças ao longo do tempo.
- Abordagem interdisciplinar: integração com biologia (modelagem de ecossistemas ou epidemias), geografia (dinâmicas populacionais) e até história (simulação de dinâmicas sociais).

O Insight Maker oferece duas abordagens principais que se destacam por sua utilidade e complementaridade conhecidas como Modelagem Baseada em Equações (MBE) e Modelagem Baseada em Agentes (MBA). Ambas permitem compreender e analisar fenômenos que variam no tempo e espaço, desde processos naturais até sistemas sociais e econômicos. Faremos a seguir uma descrição mais detalhada da plataforma e suas duas abordagens.

3 Modelagem Baseada em Equações (MBE)

Insight Maker permite criar modelos para análise qualitativa de sistemas dinâmicos, que são representações gráficas da evolução das variáveis que descrevem o sistema ao longo do tempo. Esta é a abordagem tradicional e é comumente denominada Modelagem Baseada em Equações (MBE). No contexto do Insight Maker, ela utiliza diagramas de estoques e fluxos para descrever processos como crescimento populacional, dinâmicas econômicas, ecossistemas, epidemias, sistemas mecânicos e elétricos. Essencialmente, esta abordagem é similar a uma modelagem qualitativa envolvendo a resolução numérica de sistemas de equações diferenciais, lineares ou não. Ou seja, em vez de construir um modelo definindo equações diferenciais que definem as leis que regem a evolução das variáveis de interesse, ele agora é construído a partir de diagramas de estoques (variáveis) e fluxos (taxas de variação das variáveis em estoque). Os principais recursos do Insight Maker em MBE são:

- Facilidade no uso das ferramentas: interface drag-and-drop para construir diagramas.

- Definição de estoques e fluxos: blocos representam acúmulos e transferências de recursos (como água em um reservatório, indivíduos infectados ou capital em uma economia).
- Fluxos (feedbacks) positivos e negativos: fluxos representados por setas simulam ciclos de reforço ou estabilização, como o crescimento populacional (fluxo positivo) ou a autorregulação de um ecossistema (fluxo negativo).
- Simulação gráfica: recursos gráficos de saída são obtidos imediatamente nas simulações, envolvendo tanto diagramas de evolução de parâmetros em função do tempo ou diagramas de evolução do sistema no espaço de fase.
- Exploração do modelo: botões deslizantes podem ser definidos para que parâmetros do modelo sejam variados. Os resultados podem ser imediatamente observados. Condições iniciais podem ser incluídas em botões deslizantes.

Por exemplo, para modelar o crescimento populacional de uma cidade com recursos limitados, Insight Maker permite:

- Representar a população como um estoque.
- Criar fluxos de natalidade e mortalidade, cujas taxas podem depender de recursos disponíveis.
- Incluir fatores externos, como imigração ou políticas públicas, para observar seus impactos.

Tal tipo de modelagem é amplamente utilizado em estudos ambientais, planejamento urbano e dinâmica econômica (veja, por exemplo, [2, 20, 46]). Uma modelagem similar pode ser aplicada a sistemas que envolvem a disseminação de infecções em uma epidemia.

4 Modelagem Baseada em Agentes (MBA)

Enquanto a modelagem de sistemas dinâmicos se concentra nas interações agregadas, a MBA [61, 54, 69, 87] analisa o comportamento individual de agentes autônomos e suas interações. Essa abordagem é ideal para explorar fenômenos emergentes, onde padrões globais surgem de ações locais. Ela simula indivíduos em uma população, usando um agente diferente para cada indivíduo. Cada indivíduo ou agente possui um conjunto de atributos que define o estado deste indivíduo. Por exemplo, ao construir um modelo predador-presa simples, baseado em agentes, podemos atribuir a cada predador dois possíveis estados: faminto e saciado. O estado no qual cada predador se encontra determinará seu comportamento. Se estiver faminto, irá procurar por uma presa. Se estiver saciado, ficará

no mesmo lugar. No caso de uma epidemia, cada indivíduo é um agente com estados como “Suscetível”, “infectado” ou “recuperado”. As infecções ocorrem com base no contato entre agentes, refletindo interações sociais reais. Intervenções, como isolamento ou vacinação, podem ser incluídas e seus impactos observados. Em resumo, a ideia fundamental da MBA é que muitos fenômenos podem ser efetivamente modelados por agentes, um ambiente e uma caracterização das interações agente-agente e agente-ambiente.

A técnica MBA tem resolvido problemas que não são tratáveis por métodos convencionais. Por exemplo, An [4] mostrou que uma modelagem simples com MBA poderia explicar uma dinâmica, intratável por outros métodos, de uma síndrome fatal. Em ecologia, modelos tradicionais podem não ser convenientes para as relações predador-presa, por ignorarem comportamentos individuais representados com sucesso com MBA [70, 71]. A crise financeira de 2008 foi em parte causada por políticas baseadas em modelos dinâmicos tradicionais que simplificavam complexidades essenciais que poderiam ter sido levadas em conta na modelagem MBA [21].

A ideia fundamental da MBA é que muitos (se não a maioria) dos fenômenos podem ser efetivamente modelados por agentes, um ambiente e uma caracterização das interações agente-agente e agente-ambiente [87].

De modo mais preciso, um agente é um membro autônomo da população com particulares propriedades que podem ser expressas em termos de ações e objetivos. O ambiente onde os agentes interagem pode ser geométrico (geográfico), redes ou dados do mundo real. As interações agente-agente e agente-ambiente podem mudar com o tempo de modo determinístico, aleatório ou dependente de troca de informações. Agentes mantêm atualizados seus estados internos ou passam a executar ações adicionais.

Por exemplo, em um modelo de trânsito, eles podem definir agentes como “carros” com atributos como “velocidade” e “distância mínima segura”, além de regras, tais como “reduzir a velocidade se houver um carro próximo”. Tal abstração permite que os estudantes entendam como pequenos conjuntos de regras podem gerar padrões emergentes, como engarrafamentos ou fluxo eficiente.

Outro exemplo é o problema da determinação de um *índice de caminhada* [36]. Na última década, evidências têm mostrado que a inatividade física é a quarta maior causa global de doenças não transmissíveis [10], de modo que o incentivo à atividade física mais simples, que é a caminhada, é uma prioridade mundial. A determinação do índice de caminhada, no entanto, por ter uma característica estática, é melhor complementada por uma abordagem de MBA. Neste contexto, indivíduos caminhantes são simulados por agentes que podem ser definidos por

meio de regras de interação com outros agentes e com o ambiente. Tais regras podem ser simples ou complexas (por exemplo, envolvendo aprendizado). Abordagens deste tipo foram feitas em [94, 9, 68, 55]. Tal abordagem pode ser complementada com outra mais geral, envolvendo agentes diferentes de caminhantes [89]. É fato que, em cidades, a polarização de atividades envolvendo movimento local impôs um limite na densidade de tráfego: a velocidade média do deslocamento urbano em grandes cidades se manteve inalterada em aproximadamente 10 km/h desde a Roma antiga [64]. Modelos de transporte urbano tradicionais (baseados em equações) são construídos em termos de uma rede de transportes e como os fluxos ocorrem nesta rede, sendo que a rede em si não é o objeto principal da análise. Na abordagem da MBA, por outro lado, a rede é central na definição das regras que definem as interações entre agentes. Aqui os processos de *feedback* e emergência, que são refletidos nos processos de rede, podem ser determinantes fundamentais de padrões complexos globais. Neste sentido, MBA está mais relacionada à teoria de redes do que a modelagem baseada em equações [47]. O escopo da MBA é multidisciplinar, pois seus princípios são independentes da área de investigação científica. Listamos a seguir alguns exemplos nos quais a MBA foi aplicada com sucesso:

- Ecologia [49, 80, 25, 70, 9, 7, 50, 71]
- Mercado financeiro [40, 21].
- Pesquisa farmacêutica [48, 78].
- Fenômenos sociais e psicologia [1, 32].
- Desenvolvimento urbano [37, 7, 89, 26, 54, 92, 36, 10, 55, 47].
- Epidemiologia [15, 34, 77, 33, 6, 38, 30, 75, 72, 23, 62, 58, 56, 57, 66, 65, 41, 28, 27, 76, 82, 3, 84, 51, 24].

O Insight Maker possui em MBA, tal como no caso da MBE, ferramentas de blocos com saídas gráficas para simular o comportamento do sistema. Tal abordagem é novamente aplicável ao ensino de matemática no nível médio, por não envolver técnicas tradicionais de cálculo diferencial. Estudantes podem aprender a abstrair os elementos essenciais do comportamento de um agente.

5 Diferenças entre MBE e MBA

A técnica MBA pode modelar indivíduos de uma população heterogênea, enquanto que modelos baseados em equações (MBE) tipicamente usam a hipótese da homogeneidade. De fato, quando o sistema é sabidamente homogêneo, a abordagem MBE é mais apropriada, por ser computacionalmente muito menos intensiva. Em muitos casos, no entanto, tais como em ciências sociais, a

heterogeneidade é fundamental e o custo computacional adicional é um preço justo. Além disso, quando modelamos indivíduos, as interações e resultados são discretos e não contínuos. Modelos contínuos apresentam alguns problemas em certas ocasiões. Por exemplo, na modelagem de dinâmica populacional a MBE trata as populações como quantidades contínuas. Durante uma simulação, um típico problema é que uma população pode chegar a ter uma fração de um indivíduo para depois voltar a crescer. Uma vantagem do MBA sobre MBE é que ele não necessita do conhecimento do padrão global (agregado). Ao usar MBE normalmente necessitamos do conhecimento de propriedades globais do sistema, normalmente representados por equações diferenciais ou equações de diferenças, com diversas hipóteses simplificadoras explícitas ou não. Ambas as abordagens podem ser complementares. Um processo de modelagem usualmente começa com a MBE e, muitas vezes, pode ser refinado com MBA. A Tabela 1 resume algumas diferenças entre os dois tipos de abordagem.

Aspecto	MBE	MBA
Foco	Variáveis agregadas e seus fluxos.	Comportamento individual e interações entre agentes.
Escala	Macro: análise do sistema como um todo.	Micro: análise individual que resulta em padrões emergentes.
Exemplo Clássico	Propagação de doenças (modelo SIR).	Simulação de epidemias com diferentes perfis de agentes.
Facilidade de Implementação	Mais simples, ideal para sistemas contínuos.	Mais detalhada, ideal para heterogeneidade.

Tabela 1: Comparação entre MBE e MBA.

6 Modelagem e pensamento computacional

O pensamento computacional [88] é uma abordagem pedagógica que desenvolve habilidades essenciais para resolver problemas de maneira lógica e estruturada, usando conceitos da ciência da computação. Ao usar ferramentas como o Insight Maker em contextos escolares, os estudantes têm a oportunidade de aplicar esse tipo de raciocínio enquanto exploram sistemas dinâmicos e modelagem baseada em agentes [42]. Descrevemos algumas etapas que podem ser percorridas:

1. Decomposição em componentes do sistema. Ao modelar sistemas, estudantes podem aprender a dividir problemas em estoques, fluxos e parâmetros. Por exemplo, no estudo de um ecossistema, eles podem decompor o sistema em com-

ponentes como “população de predadores”, “população de presas” e “recursos disponíveis”. Cada componente é tratada como uma parte isolada inicialmente, mas as interações entre elas criam um sistema integrado. Essa prática ajuda os estudantes a entenderem como partes menores se relacionam para formar o todo.

2. Reconhecimento de padrões em simulações. Durante as simulações, os estudantes observam padrões nos resultados, como: (i) crescimento exponencial em um modelo populacional, (ii) oscilações em sistemas de retroalimentação, como ciclos predador-presa, (iii) propagação de uma epidemia em diferentes cenários. Ao identificar esses padrões, estudantes desenvolvem habilidades para prever comportamentos futuros e entender fenômenos complexos.

3. Abstração em MBA. Estudantes aprendem a abstrair os elementos essenciais do comportamento de um agente, entendendo como um pequeno conjunto de regras pode gerar padrões emergentes observáveis globalmente.

4. Algoritmos e lógica na modelagem. A construção de modelos no Insight Maker exige que os estudantes desenvolvam e implementem algoritmos implícitos, como: (i) definir taxas de fluxo (por exemplo, taxa de natalidade e mortalidade), (ii) criar regras de interação entre agentes (por exemplo, “se infectado, interagir com não infectados aumenta a infecção”).

Ao integrar conceitos de sistemas dinâmicos e modelagem baseada em agentes, os estudantes não apenas aprendem conteúdos acadêmicos, mas também desenvolvem habilidades de resolução de problemas e pensamento crítico. Essa abordagem interativa e interdisciplinar prepara os estudantes para problemas do mundo real.

7 Modelos Compartimentais

Um tipo de modelagem de epidemias é a *modelagem compartmental* que consiste em descrever os indivíduos da população afetada em compartimentos associados aos possíveis estados do indivíduo frente a uma epidemia. Nesses modelos, todos os indivíduos em um dado compartimento estão sujeitos às mesmas circunstâncias. Ou seja, cada compartimento modela o comportamento médio individual de seus integrantes. Tal suposição é denominada **hipótese de homogeneidade**.

Por exemplo, podemos ter compartimentos associados aos estados "suscetível", "infectado", "recuperado", "imune", etc. O estado do sistema em um dado instante é definido pelo número de indivíduos em cada compartimento e a dinâmica do sistema descreve como esses números variam com o tempo. O processo de modelagem envolve a formulação matemática das taxas de transição entre os compartimentos, que podem ser determinísticas ou estocásticas.

8 Modelo SIR Básico

8.1 Introdução

O modelo SIR é o protótipo dos modelos compartimentais, cuja introdução é comumente atribuída a Kermack e McKendrick [53] em 1927, consistindo de três compartimentos, um para cada um dos três tipos de indivíduos da população de interesse: suscetíveis, infectados e recuperados.

Denotemos, em cada compartimento, o número de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, a um certo instante t , por $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$, respectivamente. Além disso, $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ denota a população total. Usaremos tais símbolos para rotular os respectivos compartimentos com cada tipo de indivíduo. O fluxo do compartimento S para o compartimento I , ou seja, o número de indivíduos que fica infectado por unidade de tempo, é denotado por $\Phi_{S \rightarrow I}$ e o fluxo do compartimento I para o compartimento R é denotado por $\Phi_{I \rightarrow R}$. Na Figura 1 temos o diagrama de blocos que mostra tais transições.

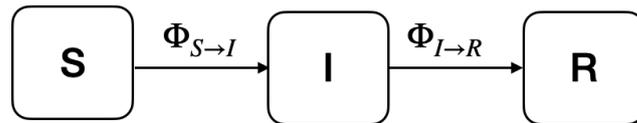


Figura 1: Modelo SIR básico.

É razoável supor que o fluxo de infecção $\Phi_{S \rightarrow I}$, ou seja, o número de indivíduos que fica infectado por unidade de tempo, seja proporcional ao número de indivíduos suscetíveis a cada instante, ou seja,

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \lambda S \tag{1}$$

A constante de proporcionalidade λ é denominada *força de infecção*. Por outro lado, suporemos que o fluxo de recuperação, denotado por $\Phi_{I \rightarrow R}$, é proporcional ao número de infectados, ou seja,

$$\phi_{I \rightarrow R} = \gamma I, \tag{2}$$

sendo γ a taxa de recuperação.

A forma termo λ em (1) é crucial para o tipo de modelo. Na próxima subseção, consideraremos dois tipos básicos de transmissão.

8.2 Tipos de Transmissão

Nesta subseção discutiremos diferentes formas da força de infecção λ . Embora estejamos no contexto do modelo SIR básico, as discussões apresentadas aqui valem para as outras extensões do modelo SIR que veremos mais adiante. Vamos supor que a força da infecção é da forma:

$$\lambda = cp\nu, \quad (3)$$

sendo c a taxa de contatos, p a probabilidade de que o contato seja de fato com um indivíduo infeccioso, e ν é a probabilidade de que o contato entre um indivíduo infeccioso e um suscetível de fato leve à transmissão. Uma hipótese simples é $p = I/N$. Tal termo é denominado *prevalência da infecção*. Temos então

$$\lambda = c \frac{I}{N} \nu, \quad (4)$$

de modo que a equação (1) então torna-se:

$$\Phi_{S \rightarrow I} = c \frac{I}{N} \nu S. \quad (5)$$

A forma da taxa de contato c define os dois tipos básicos de transmissão:

(i) Transmissão dependente da densidade

Este é o tipo de transmissão originalmente usado no modelo SIR. Denotando por A a área ocupada pela população, a taxa de contatos é proporcional à densidade N/A da população, ou seja,

$$c = \kappa \frac{N}{A}, \quad (6)$$

sendo κ a constante de proporcionalidade. Temos então,

$$\lambda = \kappa \frac{N}{A} \frac{I}{N} \nu = \kappa \nu \frac{I}{A}. \quad (7)$$

e

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \kappa \frac{N}{A} \frac{I}{N} \nu S = \kappa \nu \frac{IS}{A}. \quad (8)$$

Definindo um novo parâmetro, chamado *coeficiente de transmissão ou infecciosidade*,

$$\beta := \kappa \nu, \quad (9)$$

obtemos

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \frac{\beta}{A} S I. \quad (10)$$

Observando o primeiro termo da equação (7) notamos que a força de infecção aumenta com a densidade populacional N/A e também com a densidade de infectados I/N , justificando a designação *transmissão dependente da densidade*. O

resultante fluxo (10) é apropriado para modelos epidemiológicos que envolvem ambientes tipicamente densamente habitados, limitados espacialmente (ambientes urbanos, escolas, etc.), envolvendo doenças transmitidas pela mera proximidade física ou, de maneira geral, contatos que aumentam com a densidade populacional. No caso especial em que:

- A área total A é constante - não somente para uma dada população num dado tempo, mas também entre diferentes populações que são comparadas,
- A probabilidade ν de que o contato entre um indivíduo infeccioso e um suscetível de fato leve à transmissão é constante, de modo que $\beta = \kappa\nu$ é constante,

podemos definir um novo coeficiente de transmissão $\bar{\beta} := \beta/A$, de modo que

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \bar{\beta} S I. \quad (11)$$

Normalmente β (ou $\bar{\beta}$) é determinado empiricamente para cada tipo de doença.

Embora a forma (10) seja amplamente utilizada na literatura para modelar epidemias, tanto em populações humanas quanto gerais, é importante notar, como Begon et al. [11] apontaram, que é interessante manter em mente as equações originais (8) e (10) de modo a evitar simplificações não apropriadas.

(ii) **Transmissão dependente da frequência**

Outro tipo de transmissão usado em modelos compartimentais é aquele aplicável aos casos em que a taxa de contatos c é igual a uma constante η (independente da densidade populacional):

$$c = \eta = \text{const.}, \quad (12)$$

o que resulta numa força de infecção, supondo que ainda $p = I/N$,

$$\lambda = \eta p \nu = \eta \frac{I}{N} \nu. \quad (13)$$

A equação (5) torna-se

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \eta \frac{I}{N} \nu S. \quad (14)$$

Definindo um novo coeficiente de transmissão (com unidades diferentes de β)

$$\beta' = \eta \nu, \quad (15)$$

temos

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \frac{\beta' S I}{N}. \quad (16)$$

Notemos que a força de infecção $\lambda = \eta \nu I/N$ é proporcional à prevalência da infecção I/N , e à taxa de contatos constante η , que pode ser denominada *frequência*

de contatos, o que justifica a designação *transmissão dependente da frequência*. Tal modelo é apropriado para casos de doenças cuja transmissão depende de um contato associado a fatores comportamentais e sociais. O risco de infecção depende mais da proporção de infectados nesses grupos do que do número absoluto de infectados na população total. Nesse contexto, o número de contatos por pessoa não cresce indefinidamente com a densidade populacional, pois as interações são limitadas por redes sociais e rotinas.

A discussão sobre a escolha entre força de infecção dependente de densidade ou da frequência em modelos compartimentais é feita em alguns artigos (veja, por exemplo, [11, 73, 59, 63]), mas é ignorada na maioria dos artigos e livros sobre o assunto. Um modelo que combina as forças de infecção por densidade e frequência foi apresentado em [73]. Outros modelos de força de infecção, mais complicados do que os dois apresentados aqui, foram listados em [63].

8.3 Número básico de reprodução R_0

Nos modelos descritos a seguir, vamos tomar o modelo SIR com transmissão dependente da frequência, a menos que mencionado em contrário. Em tal caso, podemos nos perguntar quando um surto pode se iniciar. Certamente, para que isso aconteça, o fluxo líquido no compartimento I deve ser inicialmente positivo, ou seja,

$$\phi_{S \rightarrow I} - \phi_{I \rightarrow R} = \beta \frac{I}{N} S - \gamma I > 0. \quad (17)$$

ou

$$\frac{\beta S}{N} > \gamma. \quad (18)$$

Como no instante inicial t_0 devemos ter $S_0 = S(t_0) \approx N$, (18) torna-se

$$R_0 := \frac{\beta}{\gamma} > 1. \quad (19)$$

O fator R_0 é denominado *número básico de reprodução*, pode ser entendido como o número médio de infecções causadas por um indivíduo infectado de uma população suscetível. Se $R_0 < 1$ o surto não se inicia. Os valores de R_0 estão em intervalos típicos, razoavelmente determinados empiricamente para cada tipo de epidemia. A Tabela 2 mostra os modos de transmissão e os valores de R_0 para alguns tipos de doenças infecciosas para as quais a suposição de transmissão dependente de frequência é apropriada. No caso do modelo SIR com transmissão dependente da densidade, usando o método descrito acima, é fácil mostrar que

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} S_0 \approx \frac{\beta}{\gamma} S_0. \quad (20)$$

Doença	Transmissão	R_0
Sarampo [44]	Aerossóis	12–18
Difteria [81]	Saliva	1.7–4.3
Varicela-Zoster [8]	Aerossóis	10–12
Varíola [39, 35]	Gotículas respiratórias	4–7
Poliomielite [35]	Via fecal-oral	5–7
Rubéola [35]	Gotículas respiratórias	7–7
Caxumba [35]	Gotículas respiratórias	4–7
Coqueluche [35]	Gotículas aerossóis	12–17
Difteria [81]	Saliva	1.7–4.3
SARS (2002–2003) [45]	Gotículas aerossóis	3.5
Influenza(1918) [14]	Gotículas respiratórias	1.53–1.70
Ebola (2014) [90]	Fluidos corporais	1.4–1.8

Tabela 2: Número básico de reprodução (R_0) para doenças com transmissão dependente de frequência.

Embora os valores de R_0 possam dar uma ideia geral sobre quão transmissível é uma doença, e que possam servir como um guia para testes de modelos SIR, é importante notar que tais valores tabelados devem ser tomados sempre relativamente ao modelo utilizado. A relação (19), por exemplo, é válida no modelo SIR básico. Expressões distintas para R_0 devem ser calculadas para diferentes modelos compartimentais. Por exemplo, para entender o valor de R_0 no caso de varíola, mostrado na Tabela 2, é necessário examinar a seção *Methods* do artigo [39], que mostra o emprego de um modelo compartimental mais complicado que SIR e uma expressão que define R_0 diferente daquelas descritas acima.

8.4 O Efeito da Vacina

Antes mesmo de estudar a dinâmica da epidemia, podemos examinar, no contexto do modelo SIR, como a vacinação de parte da população pode evitar o surto. Seja p a proporção da população de suscetíveis a ser vacinada. A quantidade inicial de suscetíveis é, então

$$S(t_0) \approx (1 - p)N, \quad (21)$$

Para que um surto não se inicie, devemos ter, de acordo com (17),

$$\phi_{S \rightarrow I} - \phi_{I \rightarrow R} = \beta \frac{I}{N} (1 - p)N - \gamma I < 0. \quad (22)$$

ou

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} < \frac{1}{1 - p} \quad (23)$$

e

$$p > 1 - \frac{1}{R_0}. \quad (24)$$

Veremos a seguir como descrever a dinâmica da epidemia usando diferentes métodos.

8.5 Modelo SIR com MBE no Insight Maker

Usaremos o Insight Maker para descrever como essas quantidades variam, definindo blocos e fluxos. É interessante que o leitor siga o presente trabalho, a partir desta seção, com a janela do Insight Maker aberta no seu computador. Nenhuma instalação é necessária. Basta fazer a inscrição em <https://insightmaker.com/>. Na terminologia do software Insight Maker, MBE é designada como modelagem de sistemas dinâmicos (System Dynamics modeling). Criaremos, passo a passo, um modelo para a propagação de uma epidemia. Os elementos do modelo são chamados *Primitives* (que denominaremos primitivos) e devem ser adicionados à área de trabalho a partir do menu indicado na Figura 2.

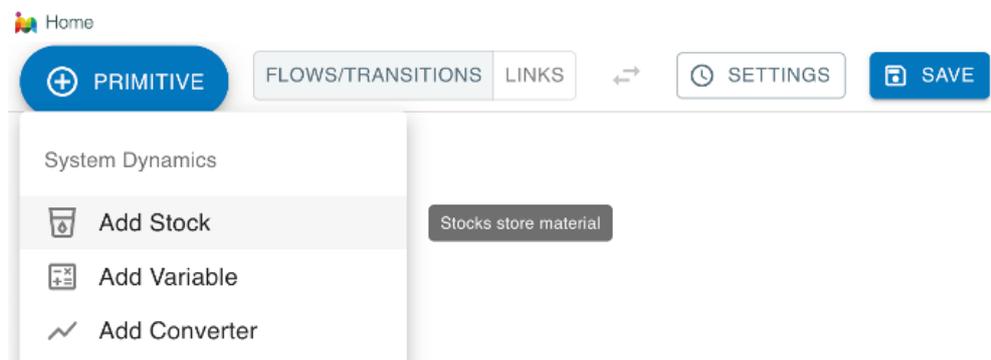


Figura 2: Adicionando os primitivos **Stock**.

No modelo SIR começamos com a adição de três blocos primitivos do tipo **Stock**, que aparecem no menu **PRIMITIVE** chamados **Suscetível**, **Infectado** e **Recuperado**. Os blocos podem ser arrastados para qualquer posição e nomeados diretamente dentro do bloco ou no menu direito. O resultado é aquele mostrado na Figura 3.

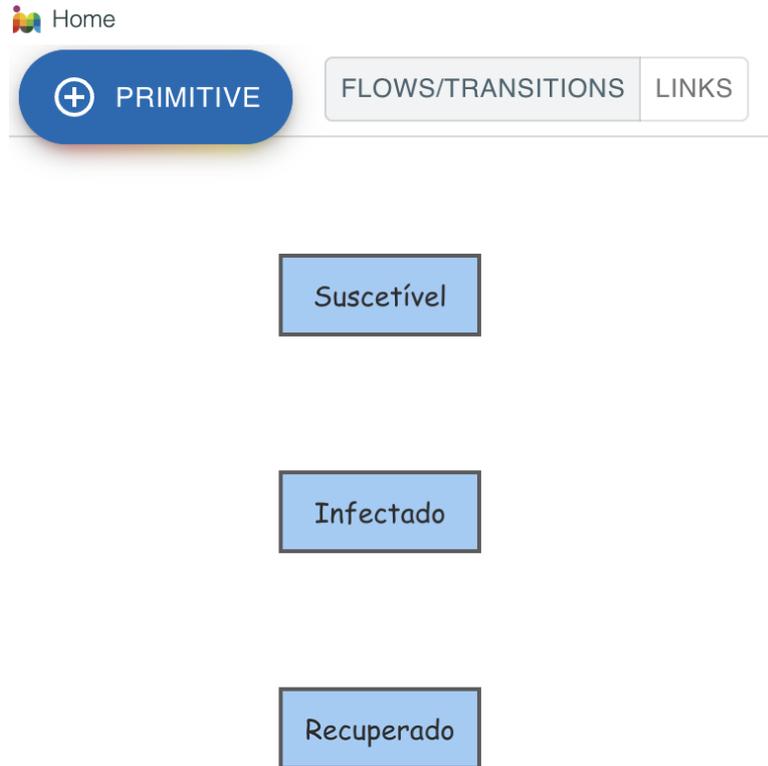


Figura 3: Nomeando os primitivos Stock.

Indivíduos suscetíveis se tornam infectados com o passar do tempo. Para modelar tal evolução, adicionamos um fluxo chamado *infecção* a partir do menu FLOWS/TRANSITIONS que parte do primitivo *Suscetível* e entra no primitivo *Infectado*. O cursor do mouse deve partir do centro do bloco do primitivo *Suscetível* e deve alcançar qualquer ponto do bloco do primitivo *Infectado*. Similarmente, nesse modelo, indivíduos infectados tornam-se recuperados com o passar do tempo, o que implica que devemos criar um fluxo, denominado *recuperação*, partindo do bloco *Infectado* e chegando no bloco *Recuperado*. O resultado é mostrado na Figura 4, que representa a estrutura básica do modelo.

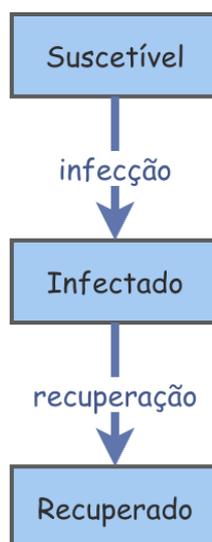


Figura 4: Estrutura básica do modelo.

Devemos agora determinar como os fluxos dependem das variáveis de estoque.

Tentemos modelar a disseminação de sarampo entre uma população não imune. Suponhamos que $\beta = 1,5 \text{ dias}^{-1}$ e $\gamma = 0,12 \text{ dias}^{-1}$, de modo que $R_0 = \beta/\gamma = 12,5$. Estas constantes poderão ser alteradas mais tarde, de acordo com observações. Além disso, tomemos como valores iniciais $S = 499$, $I = 1$ e $R = 0$, de modo que $N = 500$. Vejamos como fazer as implementações correspondentes no Insight Maker.

1. Marcamos com o mouse o fluxo **infecção** e inserimos na caixa **Flow Rate** a fórmula $1.25 * [\text{Suscetível}] * [\text{Infectado}] / 500$, como mostrado na Figura 5. Não é necessário digitar o nome de primitivos que já estão definidos, basta selecionar com mouse os ícones respectivos.

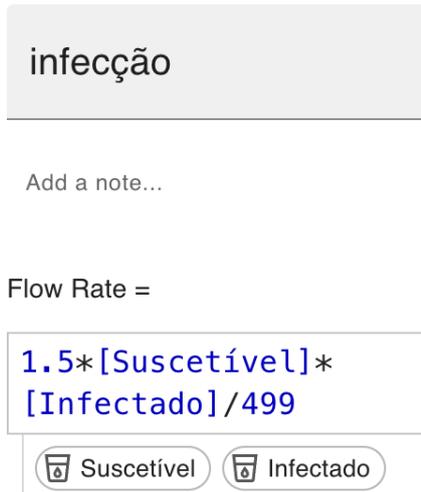


Figura 5: Definição da equação para o fluxo *infecção*.

2. Similarmente, marcamos com o mouse o fluxo *recuperação* e inserimos na caixa *Flow Rate* a fórmula $0.12 * [\text{Infectado}]$
3. Marcamos sucessivamente os blocos *Suscetível*, *Infectado* e *Recuperado*, para definir, respectivamente, na caixa *Initial Value* os valores 499, 1 e 0.

Tomaremos o tempo em dias e o passo de tempo de tamanho 0,1 dias. Um intervalo menor é desnecessário, além de tornar a simulação lenta. Usaremos o método de solução numérica de equações diferenciais Runge-Kutta de quarta ordem. O usuário não necessita conhecer os detalhes desse método numérico. O tamanho total da simulação é determinado de modo que as características principais ou de maior interesse do resultado sejam evidentes. No nosso caso, tomaremos 40 dias. Para inserir tais parâmetros, procedemos do seguinte modo:

1. No menu *SETTINGS* definimos *Simulation length* como 40;
2. Definimos *Time Units* como *days*;
3. Definimos *Simulation time step* como 0,1.
4. No menu *Simulation algorithm* selecionamos *4th Order Runge-Kutta*.

O resultado da simulação é mostrado na Figura 6. Movendo o cursor ao longo da figura temos indicados o tempo e os respectivos valores de S, I e R. Por exemplo, podemos verificar rapidamente que o número de infectados tem seu valor máximo de aproximadamente 360 em aproximadamente 6 dias. Também verificamos que, após aproximadamente 40 dias, quase toda a população está recuperada.

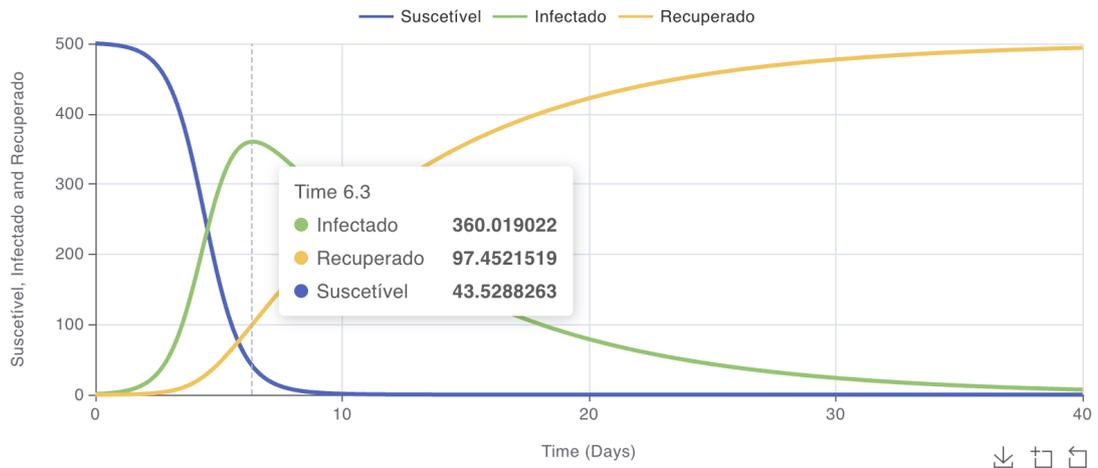


Figura 6: Simulação do modelo. Os valores mostrados no quadros se referem àqueles correspondentes à linha vertical pontilhada.

Antes de prosseguir com novas complicações do modelo, mostraremos como introduzir variáveis para ajuste dos parâmetros β e γ . Variáveis podem ser introduzidas para ajustes posteriores sem que tenhamos que editar equações. Como mostrado na Figura 7, no item **PRIMITIVE** do menu, clicamos em **Add Variable**.

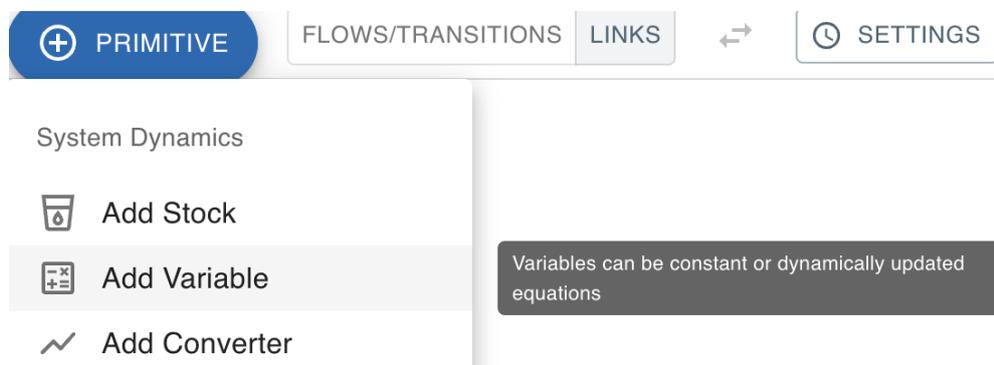


Figura 7: Adicionando uma variável.

A nova variável será chamada **Infecciosidade**, que terá o valor 2. Em seguida, clicamos em **LINKS** no menu e criamos uma conexão que parte da variável até o fluxo **infecção**. Similarmente, introduzimos a variável **Recuperação** e a associamos com o fluxo **recuperação**. O resultado é mostrado na Figura 8.

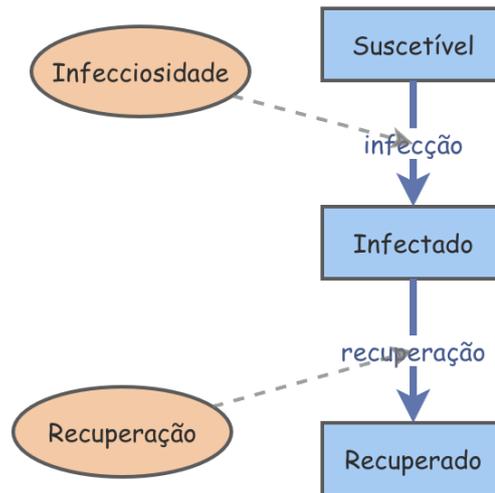


Figura 8: Criação das variáveis Infecciosidade e Recuperação.

Além disso, devemos fazer a correspondente mudança na fórmula associada ao fluxo `infecção`, substituindo o valor 1,5 pela variável `infecciosidade`. Similarmente, na fórmula associada ao fluxo `recuperação` substituímos o valor 0,12 por `[Recuperação]`.

O modelo agora permite uma exploração do comportamento do gráfico de saída com diferentes valores dos parâmetros.

Notemos que se uma nova simulação for feita, por *default* o gráfico do Insight Maker gera um gráfico similar ao da Figura 6 mas mostrando também as curvas com os valores dos parâmetros. Como neste caso eles são constantes, podemos excluí-los usando o menu `CONFIGURE` da janela de gráficos.

8.6 Modelo SIR com MBA no Insight Maker

Embora originalmente concebido em termos de equações, é possível estender o modelo SIR para MBA. Com tal técnica simulamos indivíduos, ou seja, cada agente simula um indivíduo em uma população e possui um conjunto de estados que define seu comportamento. No nosso caso temos:

- Estados: "Susceptível"(S), "Infectado"(I), e "Recuperado"(R).
- Comportamentos: Susceptível: Pode ser infectado ao entrar em contato com agentes infectados. Infectado: Pode transmitir a infecção a outros agentes. Recuperado: permanece nesse estado.

Iniciemos a construção do modelo no Insight Maker. Inicialmente, criamos os primitivos que correspondem aos estados **Suscetível**, **Infectado** e **Recuperado**, como mostrado na Figura 9.

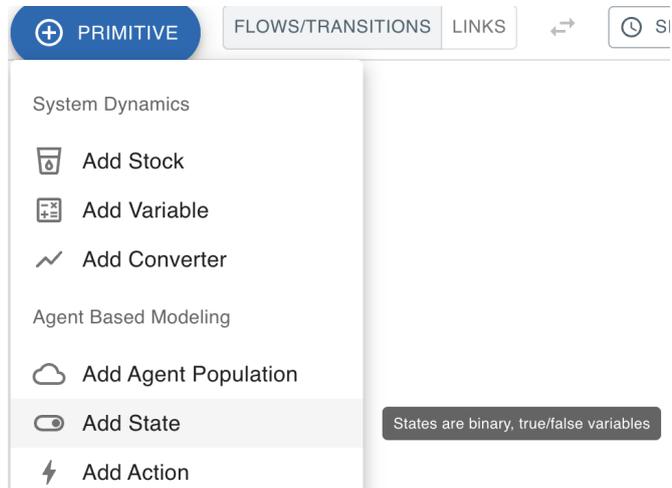


Figura 9: Criação de três estados.

Adicionando também as transições, denominadas **infecção** e **recuperação**, que levam uma pessoa de um estado a outro, obtemos o diagrama mostrado na Figura 10.



Figura 10: Diagrama de estados e transições.

Devemos agora adicionar as propriedades dos primitivos e transições do modelo.

1. Mudamos `Start Active` do estado `Suscetível` para `true`, como mostrado na Figura 11.

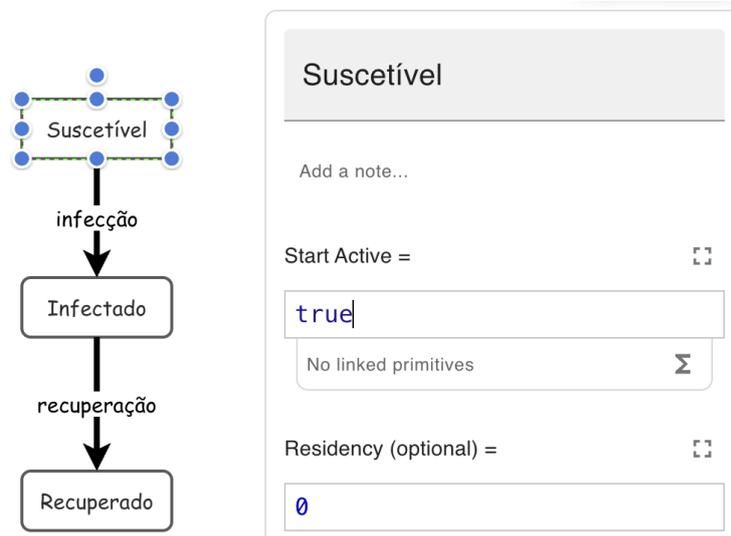


Figura 11: Mudando o estado inicial de `Suscetível` para `true`.

2. Mudamos `Triggered by` na transição `infecção` para `PROBABILITY` e `Triggerred valued` para `0.3`, como mostrado na Figura 12. Isso define a probabilidade de que a transição ocorra em uma unidade de tempo.

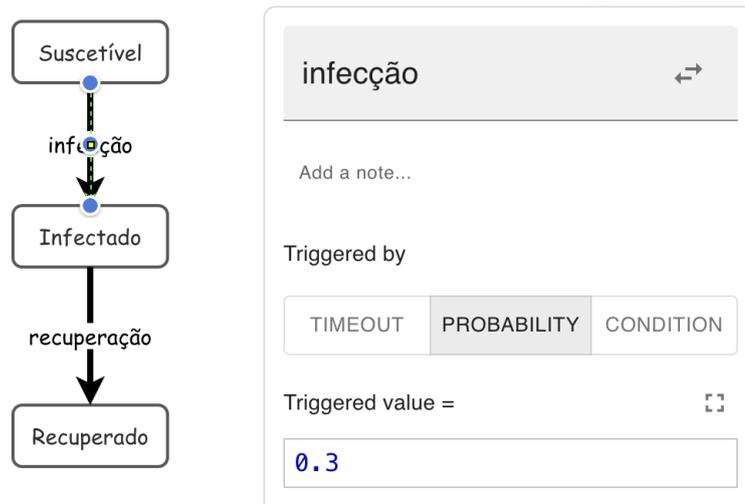


Figura 12: Modificando a transição *infecção*.

3. Similarmente, mudamos *Triggered by* na transição *recuperação* para *PROBABILITY* e *Triggerred valued* para 0.2.

Este modelo usa somente um indivíduo, sendo que cada simulação pode dar um resultado diferente, devido ao seu caráter probabilístico. Um exemplo é mostrado na Figura 13.

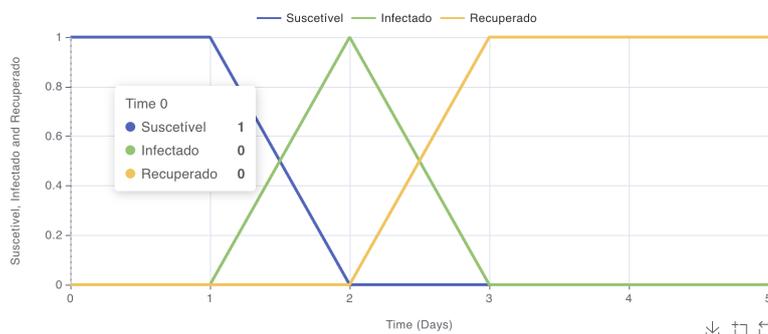


Figura 13: Simulação para um indivíduo.

Nosso próximo passo consiste em estender tal modelo para uma população. Para isso, devemos proceder da seguinte forma:

1. Criamos um *folder* para incluir os primitivos *Suscetível*, *Infectado* e *Recuperado*. Para isso marcamos os três primitivos com o mouse e, em seguida, selecionamos *Make Folder* no menu *Primitives*, como mostrado na Figura 14a. Tal *folder* é nomeado *Indivíduo*. O resultado é mostrado na Figura 14b.

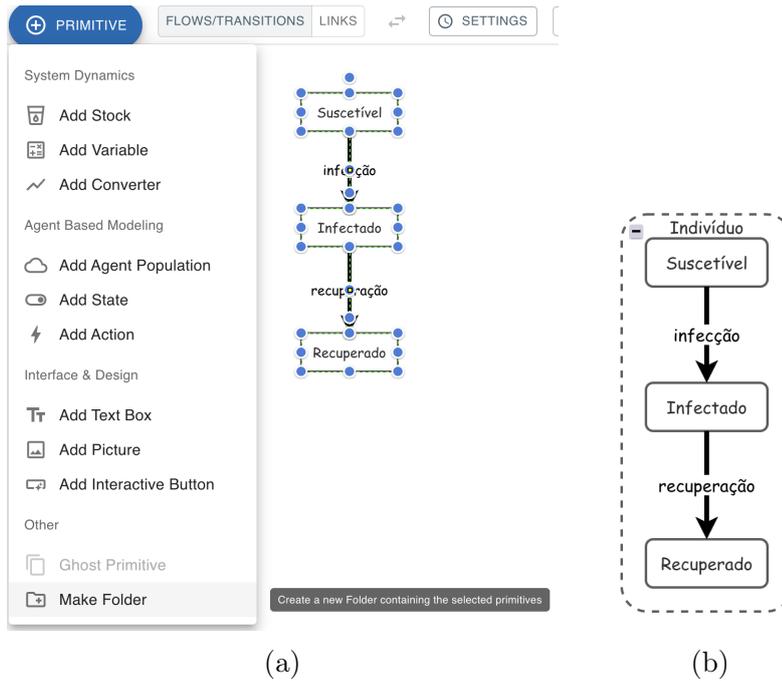


Figura 14: Agrupando os primitivos.

2. Definimos o folder *Indivíduo* como agente (Figura 15).

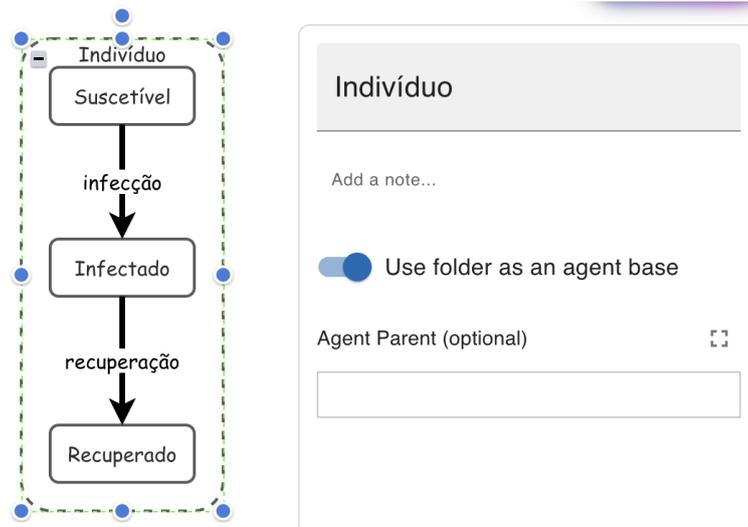


Figura 15: Agrupando os primitivos.

3. Criamos um primitivo do tipo Agent Population chamado População, como mostrado nas Figuras 16a e 16b.

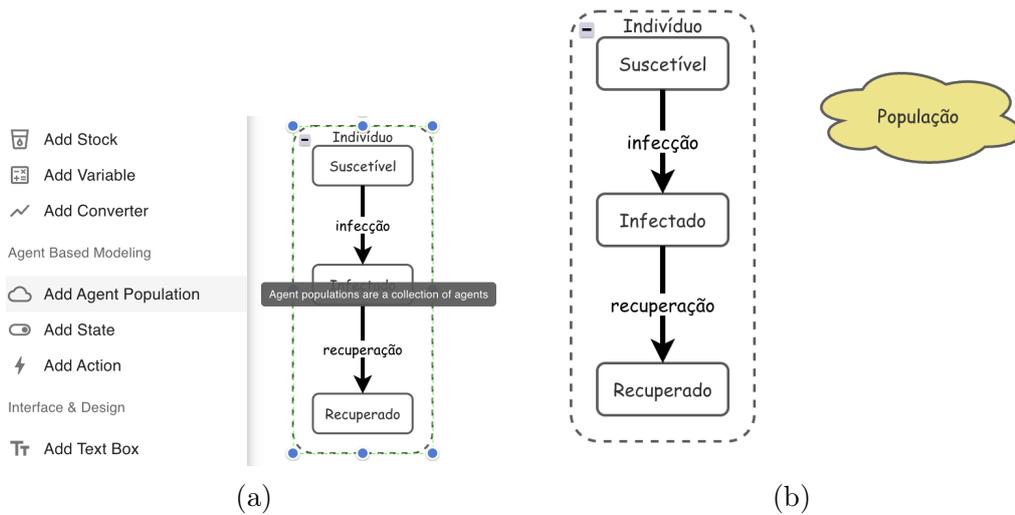


Figura 16: Criação do agente População.

4. Mudamos a propriedade Agent Base do primitivo População para Indivíduo, e aumentamos a população para 300 indivíduos, como mostrado na Figura 17.

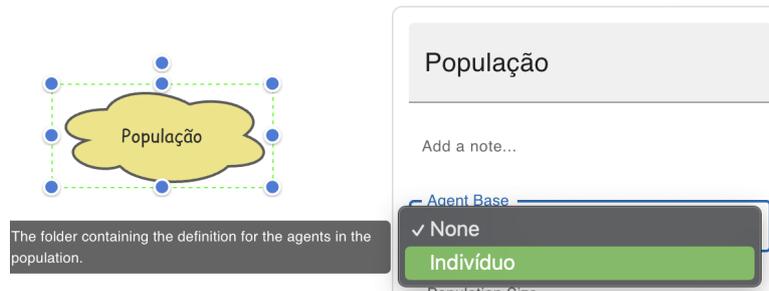


Figura 17: Mudando o estado inicial de `Suscetível` para `true`.

O resultado da simulação para 10 dias, com intervalos de 0,5 dias, é mostrado na Figura 18.

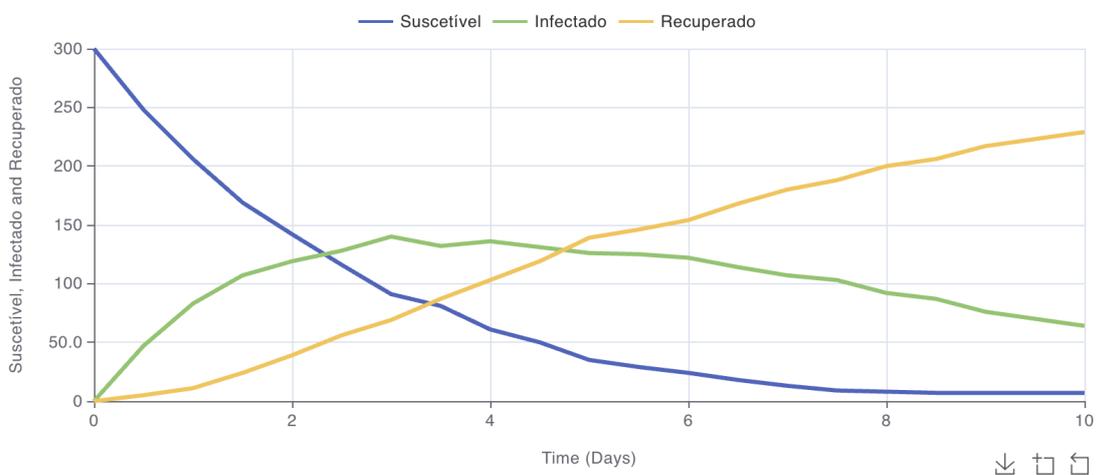


Figura 18: Primeira simulação.

A construção mostra que os resultados são esperados, ou seja, o número de recuperados aumenta, enquanto o número de suscetíveis e infectados diminui. No entanto, nesse modelo, a probabilidade de um indivíduo tornar-se doente é independente do número de pessoas doentes. Para tornar o modelo mais realista, faremos uma modificação no modelo, de modo que a probabilidade de um indivíduo ficar infectado é proporcional ao número de pessoas já infectadas. Para isso, procederemos da seguinte forma

1. Criamos uma variável chamada `proporção de infectados`.
2. Criamos um link que vai do primitivo `População` para a variável `proporção de infectados` e outro link que vai de `proporção de infectados` à transição `infecção`.

O resultado é mostrado na Figura 19.

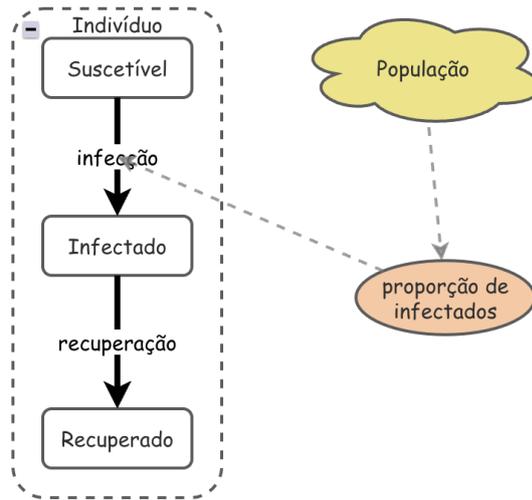


Figura 19: Esquema do modelo refinado.

3. Atribuímos uma fórmula para proporção de infectados. Para isso, mudamos o valor do primitivo proporção de infectados para `Count(FindState([População],[Infectado]))/PopulationSize([População])`, como mostrado na Figura 20.

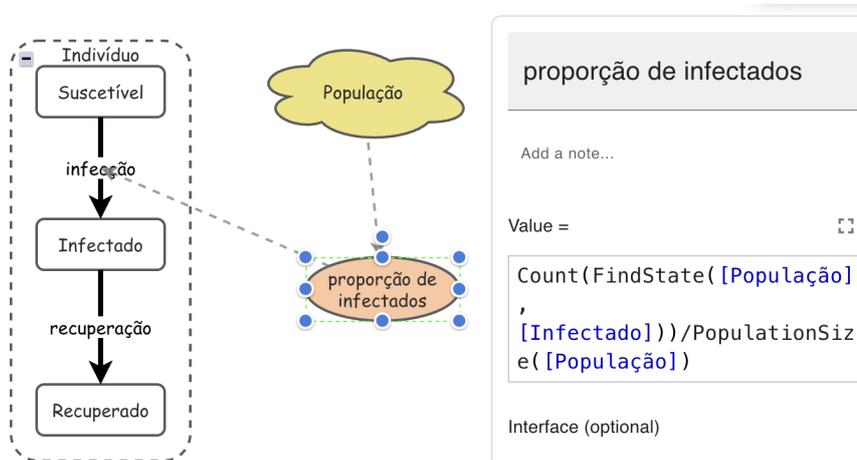


Figura 20: Definição de uma fórmula para proporção de infectados.

Nesta fórmula, a função `FindState` para selecionar todos os indivíduos no primitivo `População` que estão no estado `Infectado` e dividindo esse número pelo número total de indivíduos na população.

4. Alteramos a propriedade `Triggered value` da transição `infecção` para `proporção de infectados`. Além disso a propriedade `Recalculate` será marcada, como mostra a Figura 21.

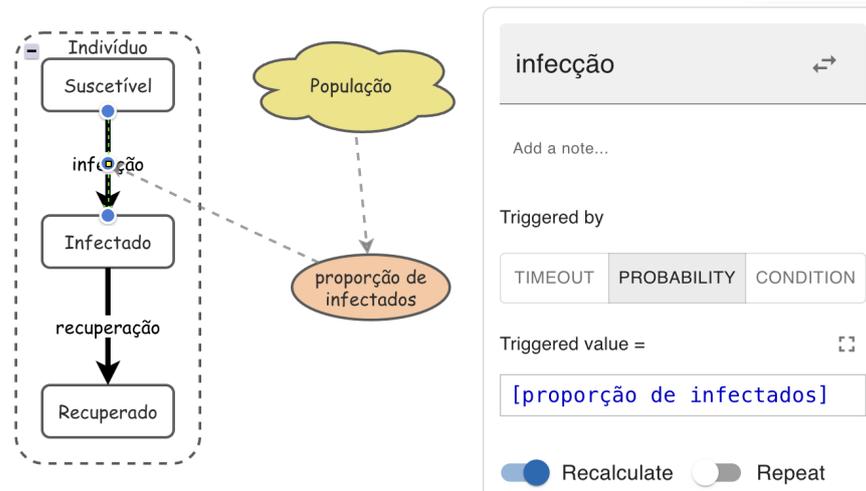


Figura 21: Alteração da transição *infecção*.

Esta última propriedade faz com que a taxa de infecção seja recalculada e atualizada a cada unidade de tempo na simulação.

- Mudamos a propriedade *Start Active* do primitivo *Suscetível* para $\text{Index}(\text{Self}) <> 1$ e do primitivo *Infectado* para $\text{Index}(\text{Self}) == 1$, como mostrado na Figura 22.

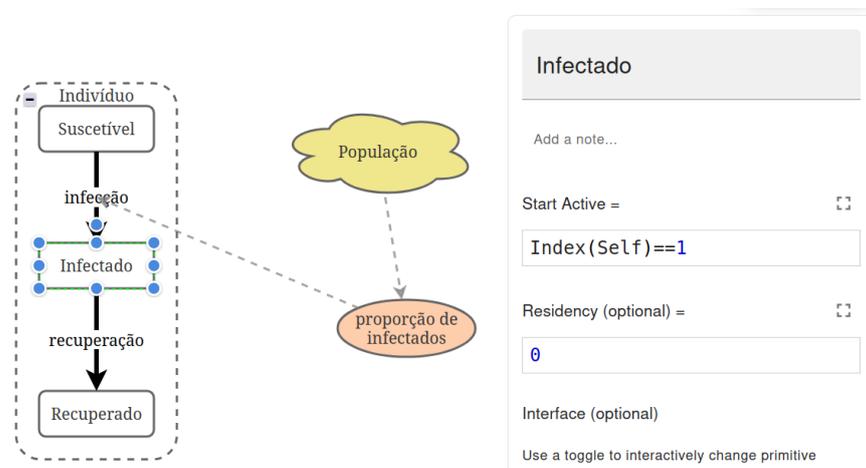


Figura 22: Mudança na propriedade *Start Active* de *Infectado*.

Cada indivíduo da população tem um único índice. O primeiro agente tem índice 1, o segundo índice 2, etc. O argumento *Self* indica referência ao próprio agente. No nosso modelo, o primeiro agente foi criado para iniciar no

estado infectado enquanto que todos os outros agentes partem do estado Suscetível.

O resultado da simulação é mostrado na Figura 23.

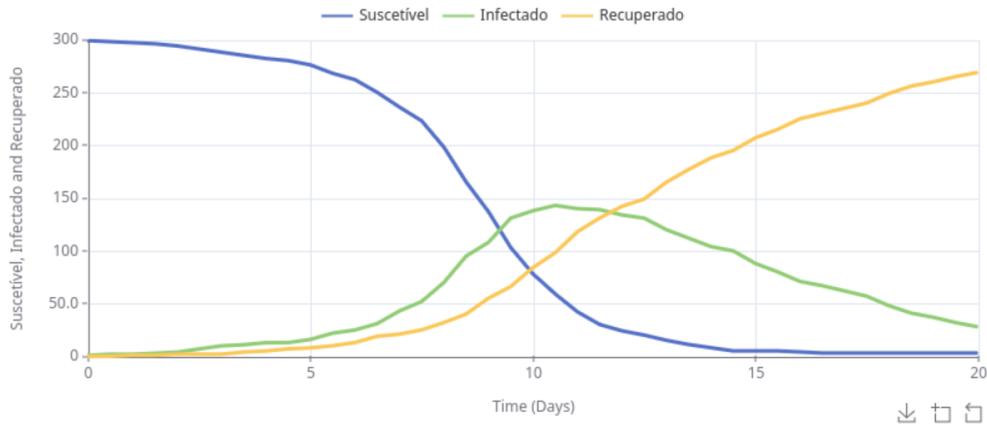


Figura 23: Segunda simulação.

Como o modelo possui elementos estocásticos, cada simulação dará um resultado um pouco diferente, embora qualitativamente semelhante.

8.7 Modelo SIR Discreto em Python

Consideremos o esquema de compartimentos e fluxos do modelo SIR que está ilustrado na Figura 8. Façamos agora uma descrição matemática mais detalhada desse modelo usando uma técnica de matemática discreta chamada *equações de diferenças*. Utilizaremos os seguintes símbolos para as variáveis de interesse (compartimentos) e para as taxas (associadas a fluxos):

- Número de indivíduos suscetíveis: S_n .
- Número de indivíduos infectados: I_n .
- Número de indivíduos recuperados: R_n .
- Taxa de infecção: β .
- Taxa de recuperação: γ .

Definimos o *fluxo de infecção* Φ_I como a quantidade de indivíduos suscetíveis que ficam infectados por unidade de tempo e *fluxo de recuperação* Φ_R como a quantidade de indivíduos infectados que se tornam recuperados por unidade de

tempo. Com base no diagrama da Figura 8 podemos descrever o sistema por meio das equações

$$S_{n+1} = S_n - \Phi_{S \rightarrow I} \Delta t, \quad (25)$$

$$I_{n+1} = I_n + \Phi_{S \rightarrow I} \Delta t - \Phi_{I \rightarrow R} \Delta t, \quad (26)$$

$$R_{n+1} = R_n + \Phi_{I \rightarrow R} \Delta t. \quad (27)$$

No nosso modelo,

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \beta S_n I_n / N, \quad \Phi_{I \rightarrow R} = \gamma I_n. \quad (28)$$

Por outro lado, usaremos como passo de tempo a mesma unidade de tempo (dias, horas, etc.) para a qual os parâmetros β , Λ , μ , γ e α foram empiricamente determinados, ou seja, $\Delta t = 1$. Usaremos tal prescrição daqui em diante. Reescrevemos as equações de diferenças acima como

$$S_{n+1} = S_n - \frac{\beta S_n I_n}{N}, \quad (29)$$

$$I_{n+1} = I_n + \frac{\beta S_n I_n}{N} - \gamma I_n, \quad (30)$$

$$R_{n+1} = R_n + \gamma I_n. \quad (31)$$

Tais equações descrevem o que é conhecido na literatura como *modelo SIR discreto*. Tal sistema, embora teoricamente complicado devido ao fato de ser não linear, é relativamente simples do ponto de vista numérico, no sentido de que as quantidades S_{n+1} , I_{n+1} e R_{n+1} são totalmente determinadas em termos de S_n , I_n e R_n e dos parâmetros β e γ . Podemos resolver tal sistema iterativamente utilizando Python, como mostraremos a seguir. Os comandos descritos podem ser reproduzidos em *Google Colab* ou utilizando *Jupyter Notebook*. Utilizamos somente recursos elementares de programação.

Inicialmente, carregamos as bibliotecas que serão utilizadas:

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
```

Definiremos os parâmetros β e γ , o comprimento total da simulação e condições iniciais de modo semelhante ao que fizemos na modelagem com Insight Maker:

```
# Parâmetros do modelo
beta = 1.5           # Infeciosidade
gamma = 0.12        # Recuperação
T = 40              # Comprimento da simulação (dias)
```

É conveniente definir as condições iniciais para as variáveis em uma célula de execução separada:

```
# Condições iniciais
S0 = 499          # Número inicial de suscetíveis
I0 = 1           # Número inicial de infectados
R0 = 0.0         # Número inicial de recuperados
```

Embora não seja obrigatório, é uma boa prática computacional definir previamente o tamanho dos vetores (arrays 1-dimensionais) que serão utilizados, caso possível. Ou seja, definimos cada vetor com componentes zero e em quantidade igual ao número de pontos a serem calculados, incluindo o ponto inicial:

```
# Inicialização das variáveis
passos = T + 1 # Inclui o ponto inicial
S = np.zeros(passos)
I = np.zeros(passos)
R = np.zeros(passos)
tempo = np.linspace(0, T, passos) # Vetor de tempo
```

As condições iniciais correspondem ao valor das componentes zero dos arrays 1-D:

```
# Estado inicial
S[0] = S0
I[0] = I0
R[0] = R0
N:=S0+I0+R0
```

Podemos agora realizar os cálculos iterativos:

```
# Iteração com equações de diferenças
for t in range(passos - 1):
    S[t+1]=S[t]-beta*S[t]*I[t]/N
    I[t+1] =I[t]+(beta*S[t]*I[t]/N-gamma*I[t])
    R[t+1]=R[t]+gamma*I[t]
```

Para visualizar os resultados, basta executar os comandos:

```

plt.figure(figsize=(10, 6), dpi=300)
plt.plot(tempo, S, label="Suscetíveis (S)", lw=2)
plt.plot(tempo, I, label="Infectados (I)", lw=2)
plt.plot(tempo, R, label="Recuperados (R)", lw=2)
plt.title("Modelo SIR (Equações de Diferenças)")
plt.xlabel("Dias")
plt.ylabel("População")
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()

```

O resultado é mostrado na Figura 24.

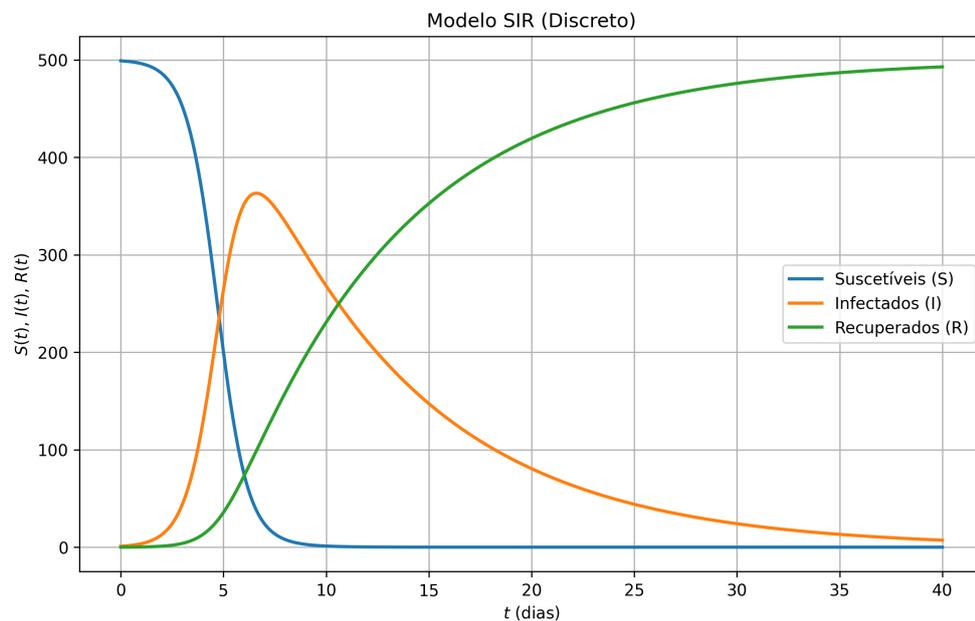


Figura 24: Simulação baseada em equações de diferenças.

O resultado, como esperado, é praticamente idêntico àquele obtido com Insight Maker (Figura 6).

8.8 Modelo SIR Contínuo em Python

Uma vez construído o modelo discreto, em termos de equações de diferenças, a construção do correspondente modelo contínuo, baseado em equações diferenciais,

é feita por analogia. De fato, este é o método utilizado no Insight Maker. O modelo agora é representado pelo conjunto de equações diferenciais não lineares:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}SI, \quad (32)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \gamma I, \quad (33)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I, \quad (34)$$

com condições iniciais

$$S(0) = 299, \quad I(0) = 1, \quad R(0) = 0. \quad (35)$$

Tal sistema de equações não lineares pode ser resolvido numericamente em Python, como mostraremos a seguir. Inicialmente carregamos as bibliotecas necessárias:

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import solve_ivp
```

Definimos os parâmetros do modelo:

```
# Parâmetros do modelo
beta = 1.5          # Infecciosidade
gamma = 0.12       # Recuperação
T = 40             # Duração total (em dias)
```

e as condições iniciais:

```
S0 = 499          # Número inicial de suscetíveis
I0 = 1            # Número inicial de infectados
R0 = 0.0         # Número inicial de recuperados
N = S + I + R0   # Número total de indivíduos
CI = [S0, I0, R0] # Lista de condições iniciais
```

Definimos o sistema de equações do modelo:

```
# Sistema de equações
def sir(t, y):
    S, I, R = y
    dSdt = -beta * S * I / N
    dIdt = beta * S * I / N - gamma * I
    dRdt = gamma * I
    return [dSdt, dIdt, dRdt]
```

Escolhamos uma malha com 400 pontos para o intervalo de tempo $[0, 40]$:

```
time = np.linspace(0, T, 400)
```

Para resolver o sistema numericamente, usaremos o método de Runge-Kutta:

```
solution = solve_ivp(sir, [0, T], CI, t_eval=time,  
method= "RK45")  
S, I, R = solution.y
```

Podemos agora visualizar graficamente o resultado:

```
plt.figure(figsize=(10, 6), dpi=300)  
plt.plot(time, S, label="Suscetíveis (S)", lw=2)  
plt.plot(time, I, label="Infectados (I)", lw=2)  
plt.plot(time, R, label="Recuperados (R)", lw=2)  
plt.title("Modelo SIR (Equações Diferenciais)")  
plt.xlabel("Dias")  
plt.ylabel("População")  
plt.legend()  
plt.grid()  
plt.show()
```

O resultado é mostrado na Figura 25.

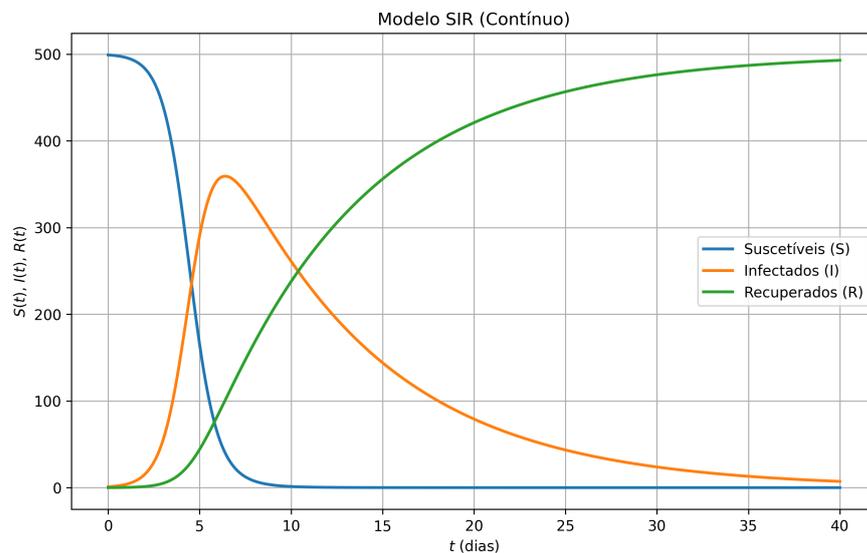


Figura 25: Modelo SIR contínuo: simulação baseada em equações diferenciais.

O resultado expresso na Figura 25 é praticamente idêntico àquele obtido com equações de diferenças, mostrado na Figura 24.

8.9 Eficiência Numérica

Podemos determinar a eficiência numérica de programas em Python medindo o tempo de CPU necessário para executar uma função. Apresentaremos agora um exemplo de tal aplicação, que será utilizado em atividades propostas. Inicialmente, criamos uma função em Python para o cálculo das variáveis S , I e R no caso em que temos $\beta = 1/2$, $\gamma = 1/5$, $N = 10000$, $I(0) = 9990$, $I(0) = 10$:

```
import time
import numpy as np
from scipy.integrate import solve_ivp

# Modelo SIR
def sir_model(t, y):
    S, I, R = y
    beta = 0.5
    gamma = 1/5
    N = 10000
    dS = -beta * S * I / N
    dI = beta * S * I / N - gamma * I
    dR = gamma * I
    return [dS, dI, dR]
```

Podemos agora calcular o tempo de CPU em uma simulação:

```

# Condições iniciais
S0, I0, R0 = 9990, 10 , 0

# Duração da Simulação
T = 5*365

# Início da contagem de tempo de CPU
start_time = time.process_time()

# Resolve a equação diferencial
sol = solve_ivp(sir_model, [0, T], [S0, I0, R0],
                t_eval=np.arange(0, T, 1))

# Fim da contagem de tempo de CPU
end_time = time.process_time()

# Cálculo do tempo de CPU
cpu_time = end_time - start_time
print(f"Tempo de CPU: {cpu_time} s")

```

Tempo de CPU: 0.021622421000000003 s

Deixaremos como exercício a tarefa de calcular o tempo de CPU usando o cálculo com equações de diferenças.

8.10 Atividades: Modelo SIR no Insight Maker

Nas atividades abaixo, suponha que a transmissão é dependente da frequência, a menos que mencionado em contrário.

1. Construção do Modelo SIR Básico

Crie um modelo SIR no Insight Maker com uma população total de $N = 1000$. Defina as condições iniciais como $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, e use os parâmetros $\beta = 0.3$ (taxa de transmissão) e $\gamma = 0.1$ (taxa de recuperação). Configure o modelo para simular por 100 dias. Execute a simulação e observe as curvas de $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$.

Pergunta: Qual é o comportamento geral das curvas de $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$? O que acontece com a população suscetível ao longo do tempo?

2. Efeito da Taxa de Transmissão β

No modelo SIR criado, mantenha $\gamma = 0.1$, mas varie β em três valores: $\beta = 0.2$, $\beta = 0.3$, e $\beta = 0.5$. Simule cada cenário por 100 dias e compare o pico de $I(t)$ (número máximo de infecciosos) e o tempo em que ele ocorre.

Pergunta: Como o aumento da taxa de transmissão β afeta a intensidade e a velocidade do surto?

3. Efeito da Taxa de Recuperação γ

Agora, fixe $\beta = 0.3$ e varie γ em três valores: $\gamma = 0.05$, $\gamma = 0.1$, e $\gamma = 0.2$. Simule por 100 dias e observe como o pico de $I(t)$ e a duração do surto mudam.

Pergunta: Como a taxa de recuperação γ influencia a duração e a severidade do surto? Por que isso acontece?

4. Sensibilidade às Condições Iniciais

Teste diferentes condições iniciais: por exemplo, uma população com muitos suscetíveis e poucos infecciosos ($S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$) versus uma população com mais infecciosos inicialmente ($S_0 = 900$, $I_0 = 100$, $R_0 = 0$). Use $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, e simule por 100 dias. Compare os padrões de surto resultantes em $I(t)$.

Pergunta: As dinâmicas do modelo SIR no curto prazo são sensíveis às condições iniciais? Como o número inicial de infecciosos afeta o surto?

5. Cálculo e Impacto de R_0

No modelo SIR, o número básico de reprodução é dado por $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$. Usando $\beta = 0.3$ e $\gamma = 0.1$, calcule R_0 . Em seguida, simule o modelo e observe o comportamento de $I(t)$. Agora, ajuste β e γ para obter $R_0 = 1$ (ex.: $\beta = 0.1$, $\gamma = 0.1$) e simule novamente. Compare os resultados.

Pergunta: O que acontece com o surto quando $R_0 = 1$? Como R_0 influencia a propagação da doença?

6. Efeito de Intervenções: Redução de β

Simule o modelo SIR com $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, por 100 dias. Em seguida, introduza uma intervenção no dia 20, reduzindo β para 0.15 (por exemplo, simulando medidas de distanciamento social). Use uma variável de controle no Insight Maker para implementar essa mudança. Compare os resultados com o cenário sem intervenção.

Pergunta: Como a redução de β afeta o pico de infecciosos e a duração do surto? Qual é o impacto de intervir cedo versus tarde?

7. Proporção Final de Recuperados

Execute o modelo SIR com $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, por 200 dias, até que o surto termine ($I(t) \approx 0$). Registre o valor final de $R(t)$. Repita a simulação com $\beta = 0.5$, mantendo $\gamma = 0.1$, e compare o valor final de $R(t)$.

Pergunta: Como a proporção final de recuperados depende de β ? Por que nem todos os suscetíveis são infectados no final do surto?

8. Introdução de Imunidade Inicial

Configure o modelo com $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, mas varie a proporção inicial de recuperados: $R_0 = 0$, $R_0 = 200$, e $R_0 = 400$, ajustando S_0 para manter $N = 1000$ (ex.: $S_0 = 790$, $I_0 = 10$, $R_0 = 200$). Simule por 100 dias e observe o impacto em $I(t)$.

Pergunta: Como a presença de imunidade inicial (indivíduos recuperados) afeta a dinâmica do surto? Isso é consistente com o conceito de imunidade de rebanho?

9. Comparação com um Modelo Sem Recuperação (SI)

Modifique o modelo SIR no Insight Maker para criar um modelo SI (remova o compartimento R e a transição γI , de modo que os infecciosos permaneçam infecciosos indefinidamente). Use $\beta = 0.3$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, e simule por 100 dias. Compare os resultados com o modelo SIR original ($\gamma = 0.1$).

Pergunta: Como a ausência de recuperação afeta a dinâmica da doença? O que isso sugere sobre a importância da recuperação na contenção de surtos?

10. Análise de Picos e Declínio

Execute o modelo SIR com $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, por 100 dias. Identifique o dia em que $I(t)$ atinge o pico e observe a taxa de declínio após o pico. Repita com $\beta = 0.4$, mantendo $\gamma = 0.1$, e compare.

Pergunta: O que determina o momento do pico de infecciosos? Por que o número de infecciosos declina após o pico, mesmo sem intervenções?

11. Comparação de Transmissão Dependente da Frequência e Densidade com Populações Pequenas

No Insight Maker, configure dois modelos SIR: um com transmissão dependente da frequência ($\beta S \frac{I}{N}$) e outro com transmissão dependente da densidade (βSI). Use $N = 100$, $S_0 = 90$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.3$ (para frequência) e $\beta = 0.03$ (para densidade, ajustado para a escala), $\gamma = 0.1$. Simule ambos os modelos por 100 dias e compare as curvas de $I(t)$.

Pergunta: Como a transmissão dependente da densidade afeta o surto em uma população pequena ($N = 100$) em comparação com a transmissão dependente da frequência? Por que essas diferenças ocorrem?

12. Impacto de Intervenções em Transmissão Dependente da Frequência e Densidade

Configure dois modelos SIR no Insight Maker: um com transmissão dependente da frequência ($\beta S \frac{I}{N}$) e outro com transmissão dependente da densidade (βSI). Use $N = 1000$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.3$ (frequência), $\beta = 0.0003$ (densidade), e $\gamma = 0.1$. Introduza uma intervenção no dia 20, reduzindo β em 50% (para 0.15 e 0.00015, respectivamente). Simule por 100 dias e compare o pico de $I(t)$ e a duração do surto em ambos os modelos.

Pergunta: A intervenção de redução de β tem o mesmo impacto na transmissão dependente da frequência e da densidade? Como as diferenças nas formas de transmissão afetam a eficácia da intervenção?

8.11 Atividades: Modelo SIR em Python

Nas atividades abaixo, suponha que a transmissão é dependente da frequência, a menos que mencionado em contrário.

1. Implementação do Modelo SIR Contínuo com Equações Diferenciais

Utilize o modelo SIR contínuo em Python. Use $N = 1000$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, e simule por 100 dias. Plote as curvas $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$.

Pergunta: Como as curvas $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$ se comportam ao longo do tempo? O que isso indica sobre a progressão da epidemia?

2. Implementação do Modelo SIR Discreto com Equações de Diferença

Utilize o modelo SIR discreto em Python, usando equações de diferença. Use os mesmos parâmetros do item anterior ($N = 1000$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$) e simule por 100 dias. Plote as curvas.

Pergunta: As curvas do modelo discreto são semelhantes às do modelo contínuo? Quais diferenças você observa?

3. Comparação entre Modelos Contínuo e Discreto

Execute as simulações dos itens 1 e 2 e plote $I(t)$ para ambos os modelos (contínuo e discreto) no mesmo gráfico. Calcule a diferença absoluta média entre $I(t)$ contínuo e discreto ao longo do tempo.

Pergunta: Quão próximas são as soluções do modelo discreto e contínuo? O que pode explicar as diferenças observadas?

4. Desempenho Computacional: Tempo de Execução

Use a biblioteca `time` do Python (veja a subseção 8.9 para medir o tempo de execução das simulações contínuo e discreto (com $\Delta t = 0.1$ dias) para um número apropriado de dias.

Pergunta: Qual abordagem (contínua ou discreta) é mais rápida? Como os tamanhos dos passos em ambas abordagens afetam os tempos de execução das simulações?

5. Acurácia: Comparação com Solução Analítica Simples

Para um caso simplificado do modelo SIR (ex.: $\beta = 0.1$, $\gamma = 0.1$, $R_0 = 1$), simule o modelo contínuo e discreto por 100 dias. Compare os resultados de $I(t)$ com a solução analítica aproximada para $R_0 = 1$, onde $I(t) \approx I_0$ (crescimento nulo). Calcule o erro médio quadrático (RMSE) para ambas

as abordagens.

Pergunta: Qual abordagem (contínua ou discreta) é mais precisa em relação à solução analítica? Por que isso ocorre?

6. Efeito de β no Modelo Contínuo

No modelo contínuo, varie β em três valores: $\beta = 0.2$, $\beta = 0.3$, e $\beta = 0.5$, mantendo $\gamma = 0.1$. Simule por 100 dias e plote $I(t)$ para cada cenário. Registre o pico de infecciosos e o dia em que ele ocorre.

Pergunta: Como o aumento de β afeta o pico de infecciosos e o tempo do pico? Isso é consistente com o que você esperaria com base em R_0 ?

7. Efeito de γ no Modelo Discreto

No modelo discreto, varie γ em três valores: $\gamma = 0.05$, $\gamma = 0.1$, e $\gamma = 0.2$, mantendo $\beta = 0.3$. Simule por 100 dias e plote $I(t)$. Registre a duração do surto (tempo até $I(t) < 1$).

Pergunta: Como o aumento de γ afeta a duração do surto no modelo discreto? Compare com o comportamento esperado no modelo contínuo.

8. SIR e SI (Contínuo)

Modifique o modelo contínuo para um modelo SI (remova o compartimento R e o termo γI , de modo que $\frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N}$, $\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N}$). Use $\beta = 0.3$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, e simule por 100 dias. Compare $I(t)$ com o modelo SIR contínuo ($\gamma = 0.1$).

Pergunta: Como a ausência de recuperação afeta a dinâmica da doença no modelo contínuo? O que isso sugere sobre a importância da recuperação?

9. SIR e SI (Discreto)

Modifique o modelo discreto para um modelo SI ($S_{t+1} = S_t - \beta S_t \frac{I_t}{N}$, $I_{t+1} = I_t + \beta S_t \frac{I_t}{N}$). Use $\beta = 0.3$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, e simule por 100 dias. Compare $I(t)$ com o modelo SIR discreto ($\gamma = 0.1$).

Pergunta: Como a ausência de recuperação afeta a dinâmica da doença no modelo discreto? As diferenças entre SI e SIR são mais pronunciadas no modelo discreto ou contínuo?

10. Intervenção: Redução de β (Contínuo)

No modelo contínuo, implemente uma intervenção que reduz β de 0.3 para 0.15 no dia 20 (use uma função `if` para alterar β durante a integração). Simule por 100 dias e compare $I(t)$ com o cenário sem intervenção.

Pergunta: Como a redução de β afeta o pico de infecciosos e a duração do surto no modelo contínuo? Qual é o impacto de intervir cedo versus tarde?

11. Intervenção: Redução de β (Discreto)

No modelo discreto, implemente a mesma intervenção do item anterior (reduza β de 0.3 para 0.15 no dia 20). Simule por 100 dias e compare $I(t)$ com o cenário sem intervenção.

Pergunta: A intervenção tem o mesmo impacto no modelo discreto e contínuo? Quais diferenças você observa na resposta à intervenção?

12. Transmissão Dependente da Densidade (Contínuo)

Modifique o modelo contínuo para usar transmissão dependente da densidade, onde a força de infecção é βSI (em vez de $\beta S \frac{I}{N}$). Use $\beta = 0.0003$, $\gamma = 0.1$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, e simule por 100 dias. Compare $I(t)$ com o modelo padrão (dependente da frequência).

Pergunta: Como a transmissão dependente da densidade afeta a dinâmica do surto em comparação com a transmissão dependente da frequência? Em que tipo de população isso seria mais realista?

13. Transmissão Dependente da Frequência vs. Densidade (Discreto)

Usando o modelo discreto, simule por 100 dias e compare $I(t)$ com o modelo discreto padrão, com transmissão dependente da frequência, $\beta = 0.3$.

Pergunta: A diferença entre transmissão dependente da frequência e da densidade é mais pronunciada no modelo discreto ou contínuo? Por que isso pode ocorrer?

14. Efeito do Tamanho da População com Transmissão Dependente da Densidade

No modelo contínuo com transmissão dependente da densidade (βSI), varie o tamanho da população: $N = 1000$, $N = 5000$, e $N = 10000$, mantendo $S_0 = 0.99N$, $I_0 = 0.01N$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.0003$, $\gamma = 0.1$. Simule por 100 dias e compare o pico de $I(t)$.

Pergunta: Como o tamanho da população afeta a dinâmica do surto com transmissão dependente da densidade? Isso é diferente do que você esperaria com transmissão dependente da frequência?

9 Modelos SIR com Demografia

9.1 Descrição dos modelos

No modelo SIR básico, temos somente dois processos envolvidos: infecção e recuperação. Acrescentaremos uma extensão desse modelo, que envolve o ingresso de novos indivíduos suscetíveis em uma população, ou seja, vamos considerar a dinâmica populacional influenciada por processos como imigração, nascimentos, mortes naturais e mortes induzidas pela doença, afetando diretamente a disponibilidade de novos indivíduos suscetíveis à infecção. Faremos a hipótese de que a transmissão é dependente da frequência, embora a análise possa ser trivialmente estendida para o caso da transmissão dependente da densidade. O diagrama de blocos que descreve tal processo, com o fluxo ϕ_A , que representa a entrada no compartimento S , e os fluxos ϕ_S , ϕ_I e ϕ_R , de mortes que afetam cada compartimento, é mostrado na Figura 26

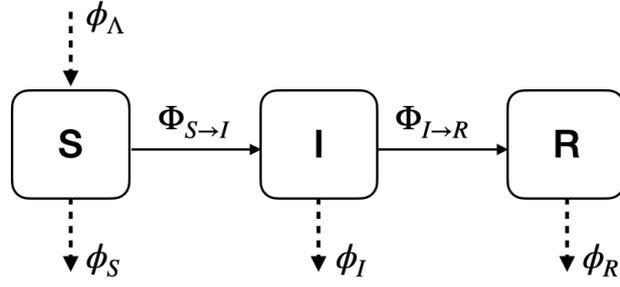


Figura 26: Modelo SIR com demografia.

O número de indivíduos da população não é mais constante, ou seja $N = N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$. Vamos supor que

$$\phi_\Lambda = \Lambda, \quad \phi_S = \mu S, \quad \phi_I = (\mu + \alpha)I, \quad \phi_R = \mu R. \quad (36)$$

O chamado *termo de recrutamento* Λ pode ter diversas formas, que discutiremos logo a seguir. A constante μ representa a taxa de mortes não relacionadas com a doença (que afeta igualmente todos os compartimentos) e a constante α representa a taxa de mortes induzidas pela doença (que afeta somente o compartimento I). Como anteriormente, vamos supor que temos transmissão dependente da frequência, de modo que, tal como nas equações (16) e (2),

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \beta \frac{SI}{N}, \quad \Phi_{I \rightarrow R} = \gamma I, \quad (37)$$

Para que um surto comece, devemos ter inicialmente,

$$\Phi_{S \rightarrow I} - \Phi_{I \rightarrow R} - \phi_I = \beta \frac{I}{N} S - \gamma I - (\mu + \alpha)I > 0. \quad (38)$$

Como no instante inicial t_0 temos $S(t_0) \approx N$, temos de (38) que o número de reprodução básico agora é:

$$R_0 := \frac{\beta}{\gamma + \mu + \alpha}. \quad (39)$$

As correspondentes equações de diferenças são

$$S_{n+1} = S_n - \Phi_{S \rightarrow I} + (\phi_\Lambda - \phi_S), \quad (40)$$

$$I_{n+1} = I_n + \Phi_{S \rightarrow I} - \Phi_{I \rightarrow R} - \phi_I, \quad (41)$$

$$R_{n+1} = R_n + \Phi_{I \rightarrow R} - \phi_R, \quad (42)$$

ou, usando equações (36) e (37),

$$S_{n+1} = S_n - \frac{\beta S_n I_n}{N} + (\Lambda - \mu S_n), \quad (43)$$

$$I_{n+1} = I_n + \frac{\beta S_n I_n}{N} - (\gamma + \mu + \alpha)I_n, \quad (44)$$

$$R_{n+1} = R_n + \gamma I_n - \mu R_n, \quad (45)$$

com $S_0 = N(0) - I_0$, $R(0) = 0$. Podemos então reescrever as equações de diferenças acima como

$$S_{n+1} = S_n - \frac{\beta S_n I_n}{N} + \Lambda - \mu S_n, \quad (46)$$

$$I_{n+1} = I_n + \frac{\beta S_n I_n}{N} - (\gamma + \mu + \alpha) I_n, \quad (47)$$

$$R_{n+1} = R_n + \gamma I_n - \mu R_n. \quad (48)$$

Em termos de equações diferenciais, temos

$$\frac{dS}{dt} = \Lambda - \frac{\beta}{N} SI - \mu S, \quad (49)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N} SI - (\gamma + \mu + \alpha) I, \quad (50)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R, \quad (51)$$

com $S(0) = N(0) - E(0) - I(0)$, $R(0) = 0$. Como

$$\frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = \Lambda - \mu N - \alpha I, \quad (52)$$

vemos que a população decresce se $dN/dt < 0$, de modo que

$$\Lambda < \mu N + \alpha I, \quad (53)$$

ou seja, a taxa de recrutamentos não supera as taxas de mortes naturais e mortes induzidas pela doença combinadas. Notemos que tal taxa de decrescimento populacional é mais drástica durante surtos, quando $I(t)$ é alto, de modo que α contribui significativamente. Nas implementações computacionais a seguir usaremos diferentes formas para o termo de recrutamento Λ .

9.2 Recrutamento não constante

Consideraremos a seguir o caso especial de recrutamento proporcional à população, ou seja,

$$\Lambda = \nu N, \quad (54)$$

sendo ν a taxa de nascimentos. Usaremos o modelo discreto. As equações de diferenças (46), (47) e (48) agora tomam a forma:

$$S_{n+1} = S_n + \nu N_n - \beta \frac{S_n I_n}{N_n} - \mu S_n, \quad (55)$$

$$I_{n+1} = I_n + \beta \frac{S_n I_n}{N_n} - \gamma I_n - (\mu + \alpha) I_n, \quad (56)$$

$$R_{n+1} = R_n + \gamma I_n - \mu R_n, \quad (57)$$

$$N_n = S_n + I_n + R_n. \quad (58)$$

Apresentamos no notebook `sir_model_disc_ns.ipynb` do repositório [74] uma implementação desse modelo. Como exemplo, usamos os seguintes valores para os parâmetros:

$$\beta = 0.3, \quad \gamma = 0.122, \quad \nu = 0.0082, \quad \mu = 0.0072, \quad \alpha = 0.0420.$$

As saídas dos gráficos $t \times I(t)$ e $t \times N(t)$ e do diagrama de fase $I(t) \times N(t)$ estão mostradas nas Figuras 27, 28 e 29, respectivamente.

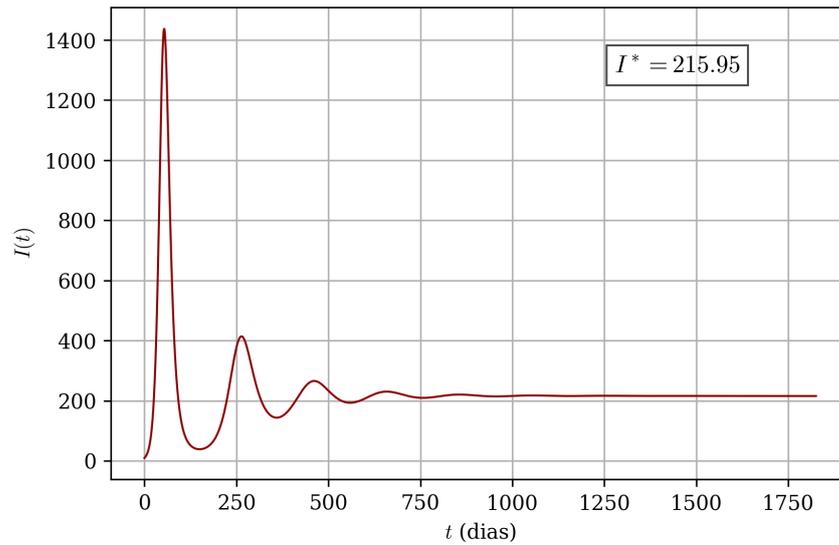


Figura 27: Curva $t \times I(t)$ calculada usando o modelo discreto.

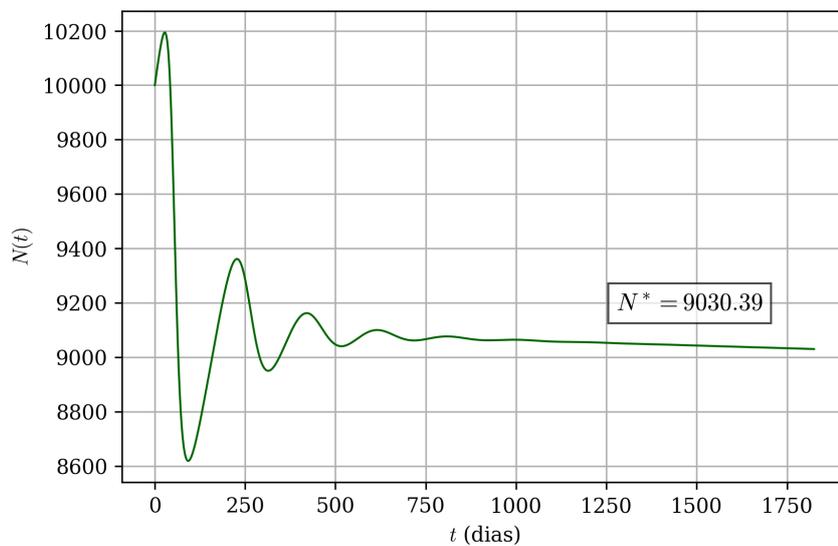


Figura 28: Curva $t \times N(t)$ calculada usando usando o modelo discreto.

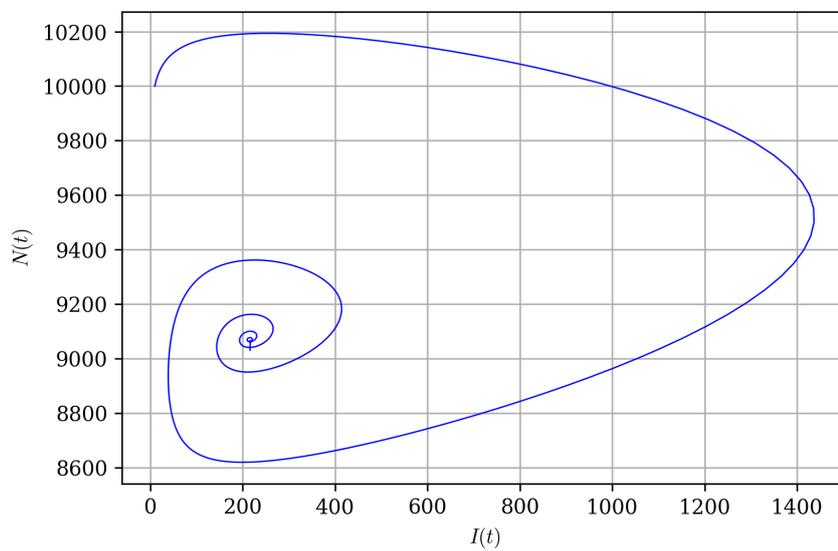


Figura 29: Diagrama de fase $I(t) \times N(t)$ do modelo SIR discreto com demografia.

Dos gráficos 28 e 29 vemos que $I(t)$ tende a um valor de equilíbrio endêmico. Podemos estimar tal valor determinando a última componente do *array* I do programa, ou seja, $I[-1]$, o que resulta em $I(t \rightarrow \infty) \approx 216$. Por outro lado, o valor de $N(t)$ decresce, embora muito lentamente. De fato, não há equilíbrio populacional pois $\nu < \mu$, de modo que o crescimento proporcional νN não é suficiente para contrabalançar a mortalidade (natural por infecção). No entanto, o valor N^* , mostrado no gráfico, pode ter utilidade prática, sendo um ponto de pseudo-equilíbrio. Um estudo dos parâmetros (por exemplo, variando β) mostra que tal sistema em geral não possui pontos de equilíbrio. No arquivo `dir_dem_no_sliders.ipynb` no repositório [74] fazemos, para esse caso, uma comparação entre os modelos discreto e contínuo. Os resultados são similares. Na próxima seção examinaremos o caso em que $\Lambda = \text{const.}$ e veremos que um valor de equilíbrio N^* pode existir.

9.3 Recrutamento Constante: Equilíbrio e Estabilidade

Neste caso temos $\Lambda = \text{const.}$ Embora este caso seja matematicamente mais simples que o anterior, ele é útil para ilustrar os efeitos de bifurcação e caos sobre os valores de equilíbrio. Tal caso foi estudado por [60] e seguiremos tal trabalho, mudando somente alguns parâmetros. Aqui nos restringiremos ao modelo discreto. As equações são dadas por (43), (44) e (45).

Usando os valores dos parâmetros listados na seção anterior, com $\nu = 0$ e $\Lambda = 13$ no arquivo `sir_rec_disc.ipynb` do repositório [74] obtemos os resultados mostrados nas figuras 30, 31 e 32.

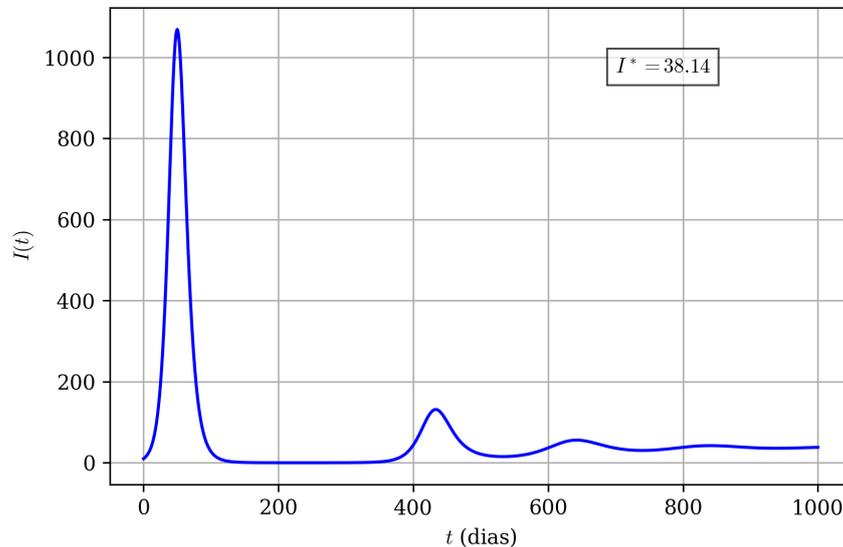


Figura 30: $I(t)$ no modelo SIR discreto recrutamento constante. $I^* = 38.14$ representa o valor de equilíbrio simulado.

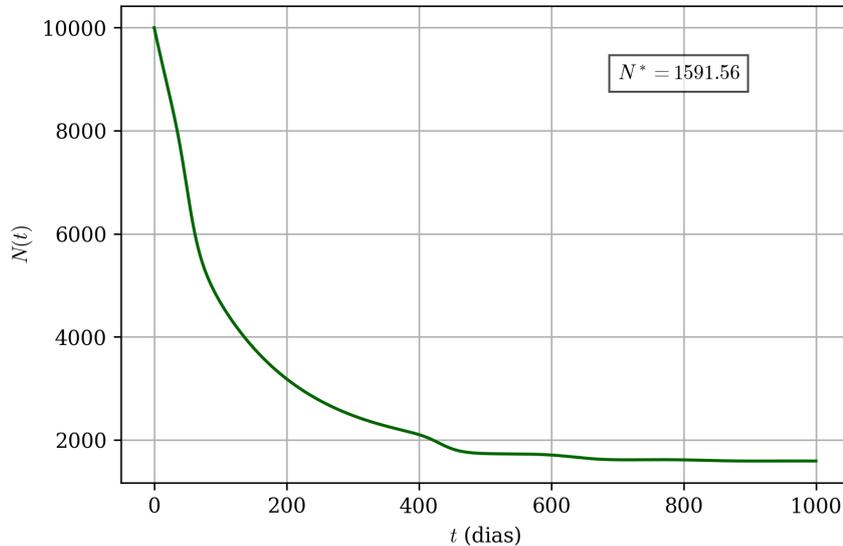


Figura 31: $N(t)$ no modelo SIR discreto recrutamento constante. $N^* = 1591.56$ representa o valor de equilíbrio simulado.

Um fato importante é que a versão contínua deste sistema, governada pelas equações (49), (50) e (51), resulta em gráficos similares aos obtidos no modelo discreto aqui apresentado. Um estudo dos parâmetros revela que agora temos uma aparente persistência da existência de valores de equilíbrio, mesmo quando os parâmetros são variados. Além disso, fixados os parâmetros, esses valores de equilíbrio permanecem os mesmos para diferentes condições iniciais. Tais afirmações são conjecturas baseadas em comportamentos numéricos. Uma investigação sistemática do equilíbrio envolve o estudo de estabilidade assintótica local e global. Denotando o estado do sistema SIR por $E(S, I, R)$, dizemos que estado de equilíbrio $E(S^*, I^*, R^*)$ associado aos valores de equilíbrio S^*, I^*, R^* é localmente assintoticamente estável se uma pequena variação nas condições iniciais não altera o estado de equilíbrio. Por outro lado, o equilíbrio é dito globalmente assintoticamente estável se qualquer condição inicial leva ao mesmo estado de equilíbrio [31]. Foi provado em [60] que:

1. Se $R_0 > 1$, então o equilíbrio endêmico do modelo SIR discreto com recrutamento constante é localmente assintoticamente estável.

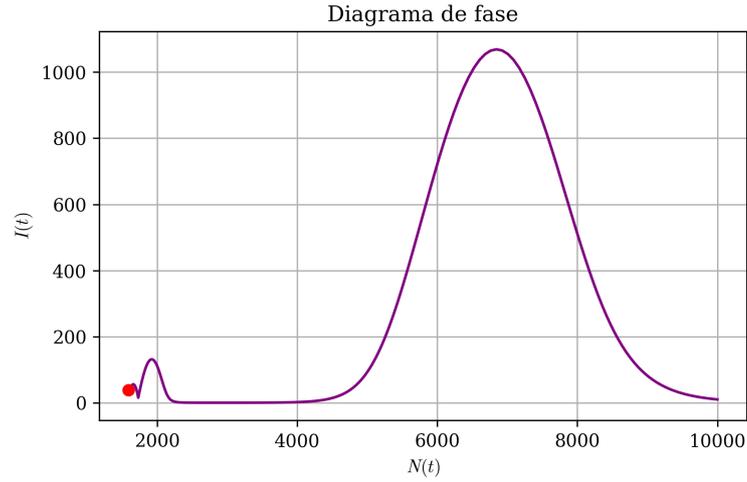


Figura 32: $N(t) \times I(t)$ no modelo SIR discreto recrutamento constante.

2. Se $\alpha = 0$, o equilíbrio endêmico do modelo SIR discreto com recrutamento constante é globalmente assintoticamente estável se $R_0 > (\mu + \gamma)/\mu$ e $\gamma < \mu$.

Podemos verificar tais teoremas numericamente e também verificar se os resultados são mantidos caso as hipóteses sejam enfraquecidas. De fato, um estudo numérico de condições iniciais e parâmetros por meio de `sir_rec_disc.ipynb` do repositório [74] nos permite conjecturar que nenhuma das condições suficientes estabelecidas no item 2 em [60] é necessária para a existência do equilíbrio globalmente assintoticamente estável.

Determinemos as expressões para os valores de equilíbrio S^* , I^* , R^* e N^* . De (46), (47), (48), juntamente com $N^* = S^* + I^* + R^*$, temos que

$$\begin{cases} \frac{\beta S^* I^*}{N^*} + \Lambda - \mu S^* = 0, \\ \frac{\beta S^* I^*}{N^*} - (\gamma + \mu + \alpha) I^* = 0, \\ \gamma I^* - \mu R^* = 0, \\ \Lambda - \mu N^* - \alpha I^* = 0. \end{cases} \quad (59)$$

Resolvendo este sistema e usando $R_0 = \beta/(\mu + \alpha + \gamma)$, temos uma solução única

para $R_0 > 1$ dada por

$$\left\{ \begin{array}{l} S^* = \frac{\Lambda(\mu + \gamma)}{\mu[(\mu + \alpha + \gamma)R_0 - \alpha]}, \\ I^* = \frac{\Lambda(R_0 - 1)}{[(\mu + \alpha + \gamma)R_0 - \alpha]}, \\ R^* = \frac{\gamma I^*}{\mu}, \\ N^* = \frac{\Lambda(\mu + \gamma)R_0}{\mu[(\mu + \alpha + \gamma)R_0 - \alpha]}. \end{array} \right. \quad (60)$$

É fácil verificar que há uma concordância entre os resultados para I^* e N^* dados pela simulação que resulta nas Figuras 30, 31 e 32, e os valores teóricos dados nas equações (60). Alguns fenômenos interessantes podem ocorrer no caminho ao equilíbrio. Por exemplo, para os valores de parâmetros definidos acima, com $\beta > 2,94$, o processo iterativo diverge. Mesmo quando há convergência para os valores de equilíbrio especificados em (60) podemos ter oscilações em $I(t)$, como a mostrada na Figura 33, que mostra os resultados para os parâmetros:

$$\beta = 2.94, \quad \gamma = 0.01, \quad \mu = 0.001, \quad \alpha = 0.01.$$

Usando o código `sir_dem_disc4.ipynb` do repositório [74] Figura 33 observamos o comportamento oscilatório de $I(t)$, que cessa em $t \approx 50$ dias. O correspondente diagrama de fase $I(t) \times N(t)$ é mostrado na Fig. 34.

Por outro lado, para valores de parâmetros

$$\Lambda = 20, \quad \gamma = 0.001, \quad \mu = 0.015, \quad \alpha = 0.0015. \quad (61)$$

obtemos o gráfico para $I(t)$ mostrado na Figura 35. Aqui o valor de equilíbrio para $I(t)$ oscila entre 796.04 e 1351.68, que somente limitam o valor teórico $I^* = 1135.39$.

9.4 Recrutamento Constante: Bifurcação e Caos

Consideremos agora casos nos quais valores finitos de equilíbrio para as variáveis S , I e R ocorrem. Podemos nos perguntar sobre o comportamento do equilíbrio em função dos parâmetros. É usual tomar como variável o número de reprodução básico R_0 , no presente caso, dado por (38). No arquivo `sir_bifurcation1.ipynb` de repositório [74], implementamos a construção dos gráficos $R_0 \times I^*$ e $R_0 \times N^*$. Os resultados para parâmetros com valores dados por (61) são mostrados nas Figuras 36 e 37.

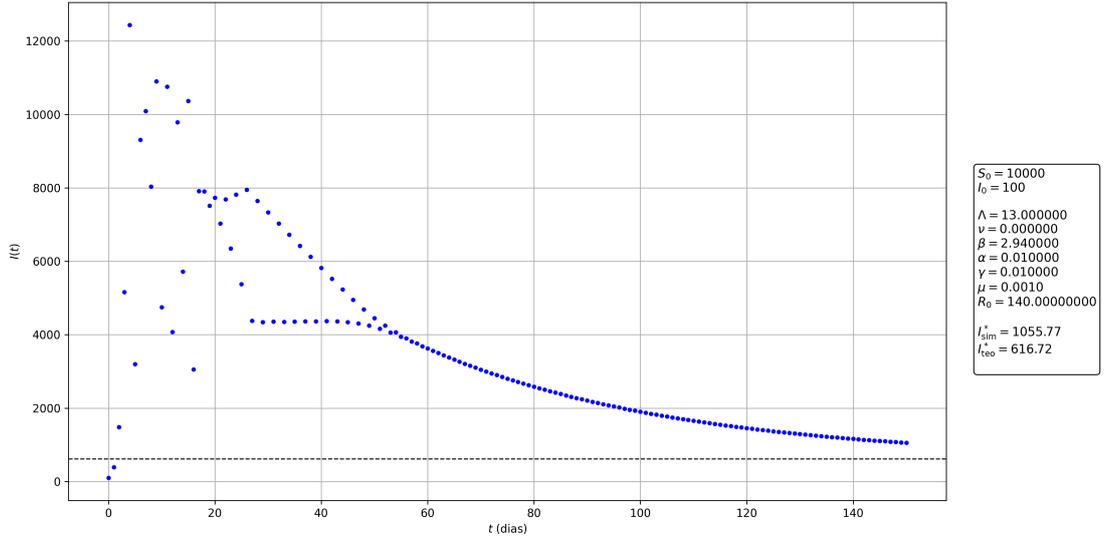


Figura 33: Oscilações iniciais de $I(t)$ no modelo SIR discreto recrutamento constante. O equilíbrio previsto $I^* \approx 6833$ (reta horizontal tracejada) é alcançado após t suficientemente grande.

Podemos observar que, para $R_0 \approx 123$ os pontos de equilíbrio se bifurcam, drasticamente para I^* e levemente N^* , oscilando entre dois valores. Uma nova bifurcação ocorre para cada ramo para $R_0 = 150$ e ainda mais duas vezes até $R_0 \approx 157$, quando os estados de equilíbrio entrarem em regime caótico. Podemos observar que os valores de equilíbrio que se alternam para $R_0 = 140$ mostrados na Figura 36 coincidem com aqueles mostrados para $I(t)$ na Figura 35.

Aproveitemos o exemplo da Figura 36 para estabelecer os termos usuais da área de sistemas dinâmicos discretos para rotular as várias fases do seu diagrama de bifurcação;

- **Ponto-Fixo Estável** para $1 < R_0 < R_0^{(1)} \approx 123$: Todas as órbitas convergem para um único valor de I^* ; esse valor é um *atrator de ponto-fixa*.
- **Bifurcação Flip** em $R_0 = R_0^{(1)} \approx 123$: O equilíbrio de ponto-fixa perde estabilidade e surge um *ciclo de período 2*.
- **Cascata de Duplicações de Período** para $R_0^{(1)} < R_0 < R_0^{(\infty)} \approx 157$: O ciclo de período 2 sofre novas bifurcações flip, gerando ciclos de período 4, 8, 16.

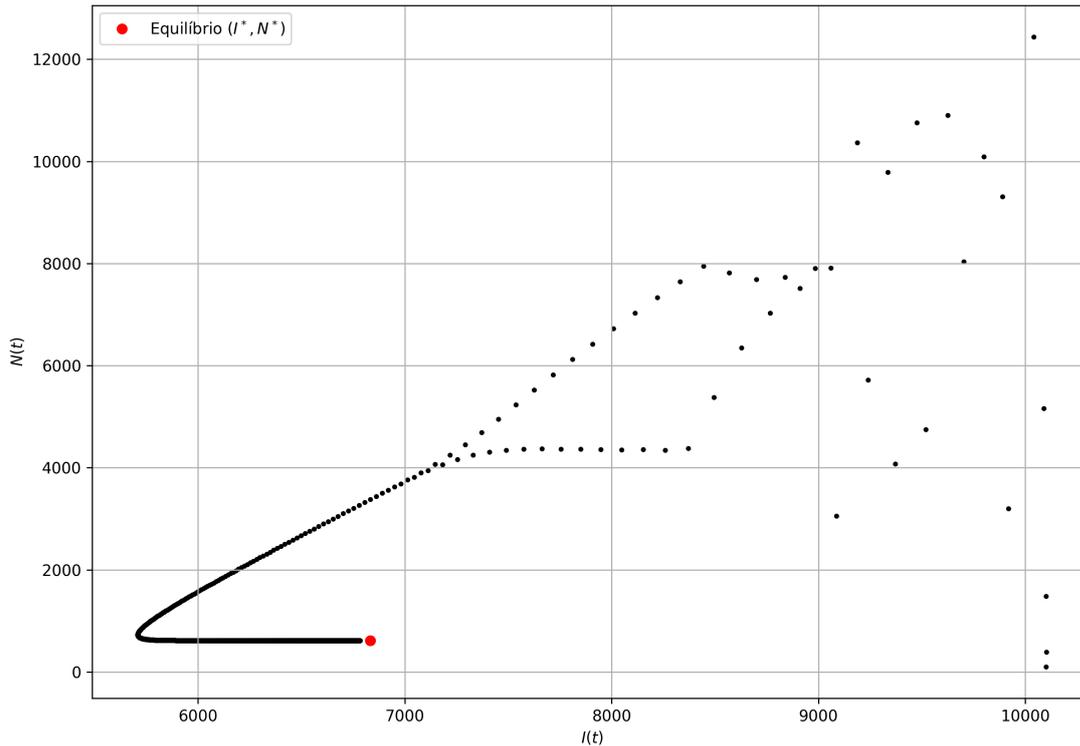


Figura 34: Oscilações iniciais de $N(t) \times I(t)$ no modelo SIR discreto recrutamento constante. O ponto em vermelho corresponde ao equilíbrio $(I^*, N^*) \approx (617, 6833)$, dado por (60).

- **Regime Caótico (Atrator Estranho)** para $R_0 > R_0^{(\infty)}$: Aqui emerge um comportamento denominado *caótico determinístico*, caracterizado pelo chamado **atrator estranho** e por sensibilidade a condições iniciais.
- **Janelas Periódicas** dentro do caos: Pequenas faixas de R_0 em que reaparecem ciclos periódicos, delimitadas por novas bifurcações.

Devemos notar que, nesse tipo de gráfico, para cada R_0 devemos gerar, perto do equilíbrio, uma série temporal de valores finais de $I(t)$ e $N(t)$. No nosso código gerador dos gráficos, `sir_bifurcation1.ipynb`, separamos as primeiras n_{discard} iterações para remover o transiente. Mantemos somente os valores de I_k e N_k para $k = n_{\text{discard}}, \dots, n_{\text{total}}$, a fim de observar o comportamento assintótico (ponto-fixo, ciclos ou caos). Cada valor de R_0 fixa o *mapa iterativo* mostrado nas Figuras (36) e (37). Desse modo, somente variando R_0 e repetindo o procedimento, é possível construir o diagrama de bifurcação, onde as ramificações em I e N emergem conforme aumentamos R_0 .

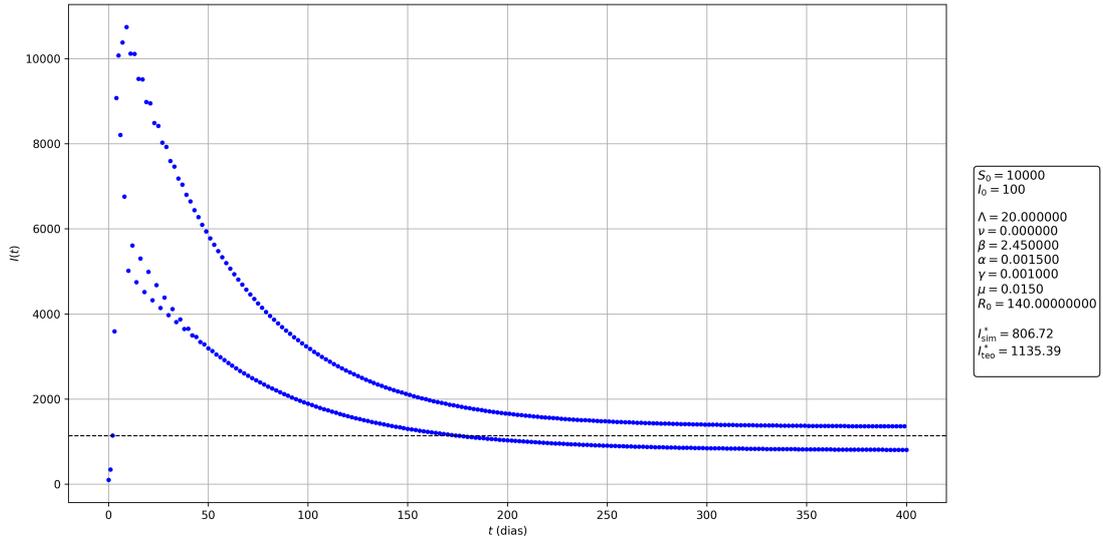


Figura 35: Oscilações de período para os valores de equilíbrio de $I(t)$.

9.5 Atividades: SIR com Demografia no Insight Maker

1. Construção do Modelo SIR com Demografia

No Insight Maker, configure um modelo SIR com demografia. Defina os fluxos: nascimentos (νN) entram em S , mortes naturais (μS , μI , μR) saem de cada compartimento, e mortes por doença (αI) saem de I . Use $N = S + I + R$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$. Simule por 200 dias e plote $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$.

Pergunta: Como a inclusão de nascimentos e mortes afeta as curvas de $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$ em comparação com o modelo SIR sem demografia?

2. Efeito da Taxa de Nascimentos ν

No modelo SIR com demografia, mantenha $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, mas varie ν : $\nu = 0.005$, $\nu = 0.01$, e $\nu = 0.02$. Simule cada cenário por 200 dias e observe o impacto em $I(t)$ e na população total $N(t)$.

Pergunta: Como o aumento da taxa de nascimentos ν afeta a dinâmica do surto e o tamanho da população ao longo do tempo? Por que isso acontece?

3. Efeito da Taxa de Mortes Naturais μ

Mantenha $\nu = 0.01$, $\alpha = 0.05$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, e varie μ : $\mu = 0.005$, $\mu = 0.01$, e $\mu = 0.015$. Simule por 200 dias e compare o pico de $I(t)$ e a população total $N(t)$.

Pergunta: Como o aumento da taxa de mortes naturais μ influencia a severidade do surto e a dinâmica populacional? Isso é esperado?

4. Impacto da Mortalidade pela Doença α

Mantenha $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, e varie α : $\alpha = 0$, $\alpha = 0.05$,

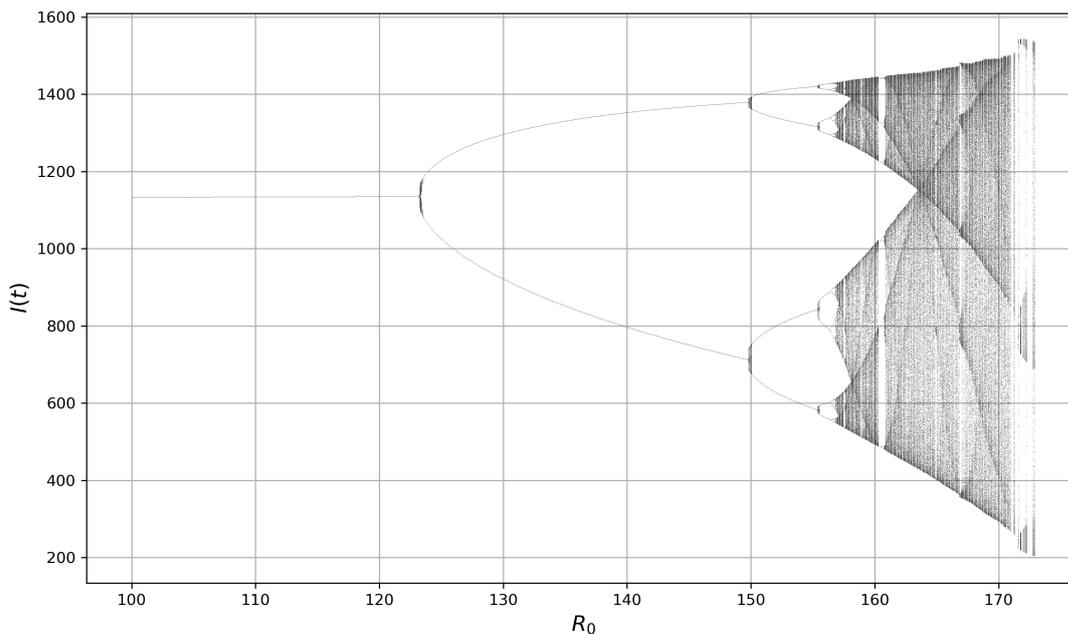


Figura 36: Bifurcações e caos para valores de equilíbrio de $I(t)$ do modelo SIR com recrutamento constante.

e $\alpha = 0.1$. Simule por 200 dias e observe o efeito em $I(t)$, $R(t)$, e $N(t)$.

Pergunta: Como a mortalidade causada pela doença α afeta o número de infecciosos e recuperados? Qual é o impacto na população total?

5. Equilíbrio Endêmico com Demografia

Configure o modelo com $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$. Simule por 1000 dias (para alcançar o equilíbrio) e observe os valores de $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$ no longo prazo. Registre se $I(t)$ estabiliza em um valor positivo (endemia).

Pergunta: O modelo SIR com demografia exibe um equilíbrio endêmico ($I > 0$)? Como os parâmetros demográficos influenciam esse equilíbrio?

6. Efeito de R_0 no Equilíbrio Endêmico

No modelo com demografia, calcule $R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu + \alpha}$ para $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$. Simule por 1000 dias. Em seguida, ajuste β para que $R_0 = 1$ (ex.: $\beta = \gamma + \mu + \alpha$) e simule novamente. Compare os valores de $I(t)$ no equilíbrio.

Pergunta: Como R_0 afeta a existência de um equilíbrio endêmico no modelo com demografia? O que acontece quando $R_0 = 1$?

7. Intervenção: Redução de β com Demografia

Configure o modelo com $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$. Simule por 200 dias. No dia 50, introduza uma intervenção reduzindo β

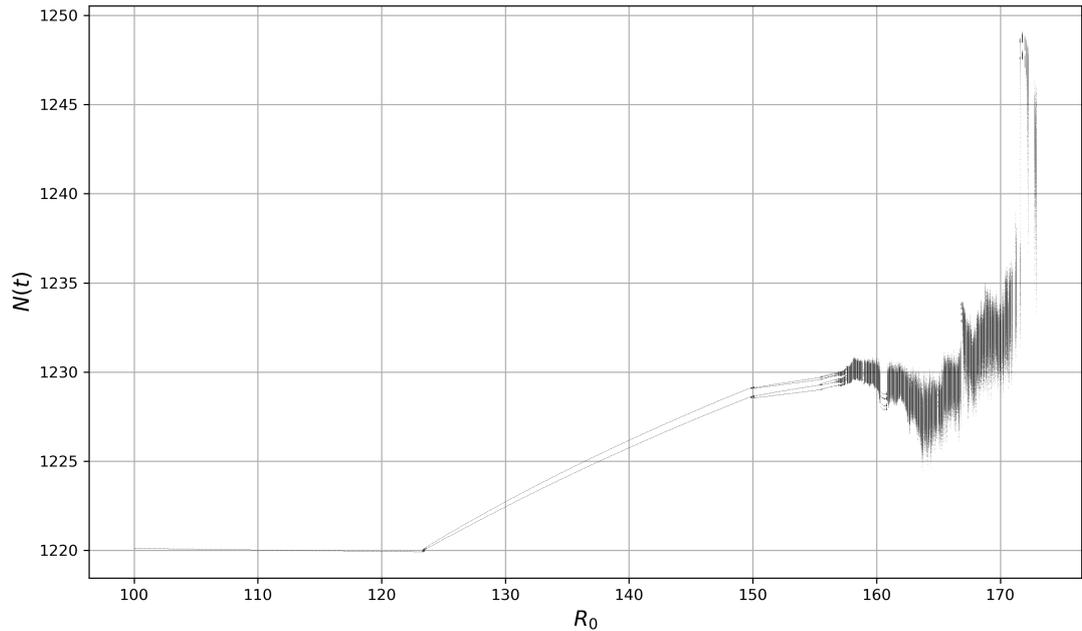


Figura 37: Bifurcações e caos para valores de equilíbrio de $N(t)$ do modelo SIR com recrutamento constante.

para 0.15 (ex.: distanciamento social). Compare $I(t)$ e $N(t)$ com o cenário sem intervenção.

Pergunta: Como a intervenção de redução de β afeta o surto e a população total no modelo com demografia? A intervenção impede a endemia?

8. Efeito de uma Doença Altamente Letal

Use $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, e varie α : $\alpha = 0.1$, $\alpha = 0.3$, e $\alpha = 0.5$. Simule por 200 dias e observe o impacto em $I(t)$, $R(t)$, e $N(t)$.

Pergunta: Como uma alta taxa de mortalidade pela doença (α) afeta a dinâmica do surto e a população total? A doença pode levar à extinção da população?

9. Dinâmica com Taxas de Nascimento e Morte Desiguais

Configure o modelo com $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $\alpha = 0.05$, e teste três cenários: (1) $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$ (equilíbrio); (2) $\nu = 0.015$, $\mu = 0.01$ (crescimento); (3) $\nu = 0.005$, $\mu = 0.01$ (declínio). Simule por 500 dias e observe $N(t)$ e $I(t)$.

Pergunta: Como taxas de nascimento e morte desiguais afetam a população total e a prevalência da doença no longo prazo? Isso influencia a possibilidade de endemia?

10. Comparação com o Modelo SIR sem Demografia

Configure dois modelos no Insight Maker: um SIR com demografia ($\nu =$

0.01, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$) e outro sem demografia ($\nu = 0$, $\mu = 0$, $\alpha = 0$). Use $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, e simule por 200 dias. Compare $I(t)$ e $R(t)$.

Pergunta: Como a inclusão de demografia altera a dinâmica do surto em comparação com o modelo SIR básico? A demografia favorece ou inibe a persistência da doença?

9.6 Atividades: SIR com Demografia em Python

Nos problemas abaixo, utilize o modelo de transmissão dependente da frequência, a menos que mencionado em contrário.

1. Implementação do Modelo SIR Contínuo com Demografia

Implemente o modelo SIR contínuo com demografia em Python usando `scipy.integrate.odeint`. Use $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$. Simule por 200 dias e plote $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$.

Pergunta: Como a inclusão de demografia afeta as curvas de $S(t)$, $I(t)$, e $R(t)$ em comparação com o modelo SIR sem demografia?

2. Comparação entre Modelos Contínuo e Discreto

Execute as simulações dos itens 1 e 2 e plote $I(t)$ para ambos os modelos no mesmo gráfico. Calcule a diferença absoluta média entre $I(t)$ contínuo e discreto ao longo do tempo.

Pergunta: Quão próximas são as soluções do modelo discreto e contínuo com demografia? O que pode explicar as diferenças observadas?

3. Análise do Pico Epidêmico (Contínuo)

No modelo contínuo, use $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$. Simule por 200 dias e identifique o dia e o valor do pico de $I(t)$. Repita com $\beta = 0.5$, mantendo os outros parâmetros, e compare.

Pergunta: Como o aumento de β afeta o pico epidêmico no modelo contínuo? O que isso indica sobre a severidade do surto?

4. Análise do Pico Epidêmico (Discreto)

No modelo discreto, use os mesmos parâmetros do problema anterior. Simule por 200 dias e identifique o pico de $I(t)$. Repita com $\beta = 0.5$, e compare os resultados com o modelo contínuo.

Pergunta: O pico epidêmico no modelo discreto ocorre no mesmo momento que no modelo contínuo? Como a abordagem discreta afeta a estimativa do pico?

5. Efeito da Mortalidade pela Doença α (Contínuo)

No modelo contínuo, varie α : $\alpha = 0$, $\alpha = 0.05$, e $\alpha = 0.1$, mantendo $\beta = 0.3$,

$\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$. Simule por 200 dias e observe o impacto em $I(t)$, $R(t)$, e $N(t)$.

Pergunta: Como o aumento de α afeta a dinâmica do surto e a população total no modelo contínuo? A doença pode levar à extinção da população?

6. Efeito da Taxa de Nascimento ν (Discreto)

No modelo discreto, varie ν : $\nu = 0.005$, $\nu = 0.01$, e $\nu = 0.02$, mantendo $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$, $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$. Simule por 200 dias e observe $I(t)$ e $N(t)$.

Pergunta: Como o aumento da taxa de nascimentos ν afeta a prevalência da doença e o tamanho da população no modelo discreto?

7. Equilíbrio Endêmico (Contínuo)

No modelo contínuo, use $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$. Simule por 1000 dias para alcançar o equilíbrio e registre os valores de S , I , e R . Calcule $R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu + \alpha}$ e verifique se $R_0 > 1$.

Pergunta: O modelo exibe um equilíbrio endêmico ($I > 0$)? Como R_0 está relacionado com a existência desse equilíbrio?

8. Equilíbrio Endêmico (Discreto)

No modelo discreto, use os mesmos parâmetros do item 9. Simule por 1000 dias e compare os valores de equilíbrio de S , I , e R com o modelo contínuo.

Pergunta: O equilíbrio endêmico no modelo discreto é o mesmo que no contínuo? Quais fatores podem causar discrepâncias?

9. Espaço de Fase: Trajetórias S vs. I (Contínuo)

No modelo contínuo, simule o modelo com $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$, $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, por 200 dias. Plote o espaço de fase $S(t)$ vs. $I(t)$. Repita com $S_0 = 500$, $I_0 = 100$, $R_0 = 400$.

Pergunta: Como as condições iniciais afetam as trajetórias no espaço de fase? As trajetórias convergem para o mesmo ponto no longo prazo?

10. Espaço de Fase: Trajetórias S vs. I (Discreto)

No modelo discreto, repita a análise do item 11. Plote $S(t)$ vs. $I(t)$ para as mesmas condições iniciais e compare com o modelo contínuo.

Pergunta: As trajetórias no espaço de fase do modelo discreto são semelhantes às do contínuo? Como o passo de tempo discreto afeta a suavidade das trajetórias?

11. Pontos Fixos: Equilíbrio Livre de Doença (Contínuo)

No modelo contínuo, calcule o equilíbrio livre de doença (ELD) analiticamente: $I = 0$, $R = 0$, $S = \frac{\nu}{\mu}N$, $N = S$. Use $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, e simule com $I_0 = 0$, $S_0 = 1000$, $R_0 = 0$, por 200 dias para verificar se o sistema converge para o ELD. Em seguida, introduza $I_0 = 10$ e simule novamente.

Pergunta: O equilíbrio livre de doença é estável quando $I_0 = 0$? O que acontece quando introduzimos um pequeno número de infecciosos?

12. Intervenção: Redução de β (Contínuo)

No modelo contínuo, use $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$. Simule por 200 dias. No dia 50, reduza β para 0.15 (use uma função if na integração). Compare $I(t)$ e $N(t)$ com o cenário sem intervenção.

Pergunta: A intervenção impede a epidemia no modelo contínuo? Como ela afeta a população total?

13. Intervenção: Redução de β (Discreto)

No modelo discreto, implemente a mesma intervenção do item 12. Simule por 200 dias e compare $I(t)$ e $N(t)$ com o cenário sem intervenção.

Pergunta: A intervenção tem o mesmo impacto no modelo discreto e contínuo? Quais diferenças você observa na resposta à intervenção?

14. Comparação de Transmissão Dependente da Frequência e Densidade no Modelo Contínuo com Demografia

No modelo contínuo, implemente duas versões do modelo SIR com demografia: uma com transmissão dependente da frequência e outra com transmissão dependente da densidade. Use $S_0 = 990$, $I_0 = 10$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.3$ (frequência), $\beta = 0.0003$ (densidade), $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$. Simule por 200 dias e compare $I(t)$.

Pergunta: Como a transmissão dependente da densidade afeta a dinâmica do surto em comparação com a transmissão dependente da frequência no modelo contínuo com demografia? Em que cenários populacionais cada tipo de transmissão é mais realista?

15. Efeito do Tamanho da População com Transmissão Dependente da Densidade e Demografia (Contínuo)

No modelo contínuo com transmissão dependente da densidade, varie o tamanho inicial da população: $N_0 = 1000$, $N_0 = 5000$, e $N_0 = 10000$, mantendo $S_0 = 0.99N_0$, $I_0 = 0.01N_0$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.0003$, $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$. Simule por 200 dias e compare o pico de $I(t)$ e $N(t)$. Repita com transmissão dependente da frequência ($\beta = 0.3$).

Pergunta: Como o tamanho da população afeta a dinâmica do surto com transmissão dependente da densidade em um modelo com demografia? Isso é diferente do que você observaria com transmissão dependente da frequência?

16. Equilíbrio Endêmico com Transmissão Dependente da Frequência e Densidade (Contínuo)

No modelo contínuo, calcule o equilíbrio endêmico para ambas as formas de transmissão. Para transmissão dependente da frequência, mostre que $S^* = \frac{\gamma + \mu + \alpha}{\beta} N$, $I^* = \frac{\nu - \mu S^*}{\beta S^* + \mu + \alpha}$. Para transmissão dependente da densidade, resolva

numericamente (ou analiticamente, se possível). Use $\beta = 0.3$ (frequência), $\beta = 0.0003$ (densidade), $\gamma = 0.1$, $\nu = 0.01$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.05$, e simule por 1000 dias para verificar a convergência. Compare os valores de I^* .

Pergunta: Como a forma de transmissão (frequência vs. densidade) afeta o equilíbrio endêmico no modelo com demografia? Qual tipo de transmissão resulta em maior prevalência de infecciosos no equilíbrio?

17. Estados Transientes e Tempo de Convergência (Discreto)

No modelo SIR discreto com Λ constante e $\nu > 0$, determine numericamente o número de iterações necessárias para que I_k se aproxime de I^* com tolerância $\varepsilon = 10^{-3}$, variando R_0 em $[1.1, 5]$. *Pergunta: Como o parâmetro de recrutamento ν e o valor de R_0 influenciam o tempo de convergência de I_k ao seu equilíbrio I^* ?*

18. Bifurcação de Período e Cascata (Discreto)

Usando o diagrama de bifurcação de I^* versus R_0 com $\nu > 0$, identifique numericamente o primeiro valor crítico $R_0^{(c)}$ onde surge uma bifurcação de período 2. *Pergunta: Qual é o valor aproximado de $R_0^{(c)}$ para $\nu = 0.01$, $\Lambda = 20$, $\mu = 0.01$, $\alpha = 0.001$, $\gamma = 0.001$, e como se manifesta a sequência de bifurcações de período dobrado até o caos?*

10 Modelo SEIR

10.1 Descrição do Modelo

Apresentaremos agora uma extensão do modelo SIR, que é adequada para doenças com um período de incubação significativo. Faremos a suposição de que a transmissão é dependente da frequência. Ele consiste em adicionar um compartimento E para indivíduos que foram expostos à doença, se tornaram infectados, mas ainda não são infecciosos. O número desses indivíduos expostos é denotado por E , de modo que o novo modelo é designado por SEIR. O correspondente diagrama de fluxos é mostrado na Figura 38.

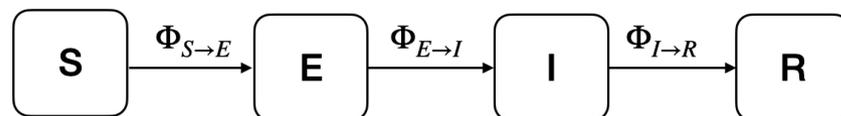


Figura 38: Modelo SEIR.

Os fluxos nessa figura são definidos da seguinte forma: são definidos por

$$\Phi_{S \rightarrow E} = \beta \frac{SI}{N}, \quad \Phi_{E \rightarrow I} = \sigma E, \quad \Phi_{I \rightarrow R} = \gamma I. \quad (62)$$

O novo parâmetro introduzido acima é a taxa de incubação $\sigma = 1/T_E$, sendo T_E o tempo médio de incubação. Os parâmetros β e γ são os mesmos do modelo SIR. Aqui $N = S + E + I + R$ é o número de indivíduos na população, que é suposto constante. Denotando o tempo médio de infecção por T_I , apresentamos na Tabela 3 os valores dos parâmetros do modelo SEIR para algumas doenças nas quais o período de incubação é importante.

Doença	T_E (dias)	T_I (dias)	β (dia ⁻¹)	γ (dia ⁻¹)	σ (dia ⁻¹)	R_0
Sarampo[22, 86]	10–14	7–10	1.2–2.6	0.1–0.14	0.07–0.1	12–18
COVID-19[13]	2–14	7–10	0.3–0.6	0.1–0.14	0.2–0.5	2–3
Ebola[91]	2–21	6–12	0.2–0.4	0.08–0.17	0.1–0.5	1.5–2.5
Influenza[5]	1–4	3–7	0.4–0.8	0.14–0.33	0.25–1.0	1.5–2.5
SARS[93]	2–10	7–10	0.2–0.5	0.1–0.14	0.1–0.5	2–4
Caxumba[29]	12–25	5–7	0.5–1.0	0.14–0.2	0.04–0.08	4–7
Rubéola[29]	14–21	5–7	0.3–0.6	0.14–0.2	0.05–0.07	5–7
Catapora[79]	10–21	5–7	0.4–0.8	0.14–0.2	0.05–0.1	8–10

Tabela 3: Parâmetros do Modelo SEIR para algumas doenças. T_E : Período de incubação, T_I : Período infeccioso, β : Taxa de transmissão, γ : Taxa de recuperação, σ : Taxa de incubação, R_0 : Número básico de reprodução.

As correspondentes equações de diferenças são

$$S_{n+1} = S_n - \Phi_{S \rightarrow E}, \quad (63)$$

$$E_{n+1} = E_n + \Phi_{S \rightarrow E} - \Phi_{E \rightarrow I}, \quad (64)$$

$$I_{n+1} = I_n + \Phi_{E \rightarrow I} - \Phi_{I \rightarrow R}, \quad (65)$$

$$R_{n+1} = R_n + \Phi_{I \rightarrow R}, \quad (66)$$

ou, usando (62),

$$S_{n+1} = S_n - \frac{\beta S_n I_n}{N}, \quad (67)$$

$$E_{n+1} = E_n + \frac{\beta S_n I_n}{N} - \sigma E_n, \quad (68)$$

$$I_{n+1} = I_n + \sigma E_n - \gamma I_n, \quad (69)$$

$$R_{n+1} = R_n + \gamma I_n, \quad (70)$$

Em termos de equações diferenciais, a dinâmica do modelo SEIR é dada por

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI, \quad (71)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - \sigma E, \quad (72)$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I, \quad (73)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I. \quad (74)$$

É possível mostrar, usando o conceito de matriz de próxima geração [19, 83] que o número básico de reprodução R_0 do modelo SEIR tem a mesma forma daquela do modelo SIR, ou seja,

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}, \quad (75)$$

e que para que a epidemia se inicie devemos ter $R_0 > 0$.

10.2 Implementação do Modelo SEIR - Insight Maker

Apresentaremos uma implementação baseada em equações do modelo SEIR no Insight Maker. Suponhamos um surto de sarampo numa população de $N = 500$ indivíduos com as seguintes características:

- Período de incubação: $T_E = 12$ dias ou $\sigma = 1/12 \text{ dia}^{-1}$,
- Período infeccioso: $T_I = 8$ dias ou $\gamma = 1/8 \text{ dia}^{-1}$,
- Taxa de transmissão: $\beta = 1,5 \text{ dia}^{-1}$.

O diagrama de fluxos construído no Insight Maker é mostrado na Figura 39. Aqui inserimos a variável **População** que representa N , sendo agora mais um parâmetro do modelo. A razão para deslocarmos o bloco **Exposto** para a direita é deixar visível o link do bloco **Infectado** ao fluxo **infecção**, uma vez que tal fluxo depende de **Infectado**, como mostra a Figura 40.

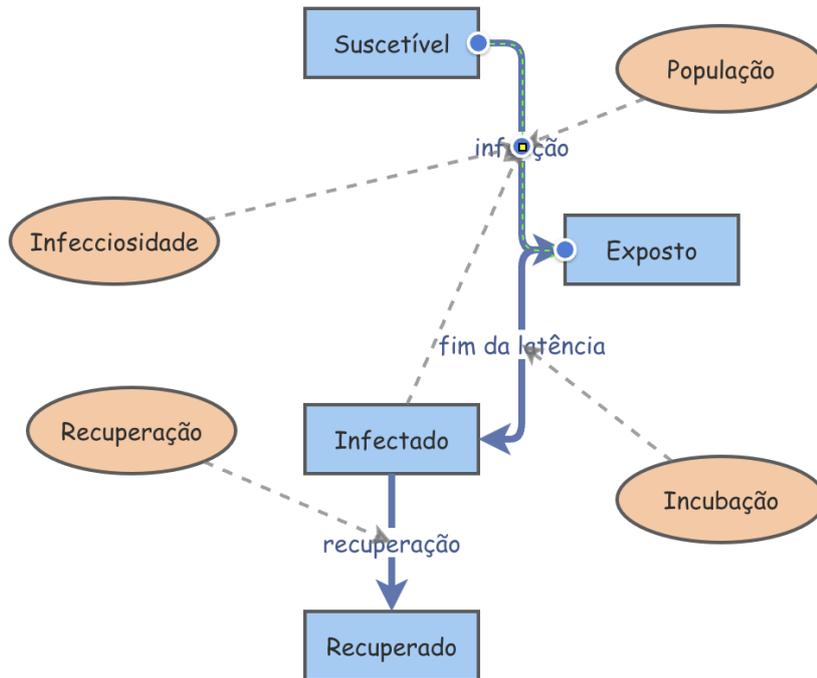


Figura 39: Diagrama de blocos no Insight Maker do modelo SEIR.

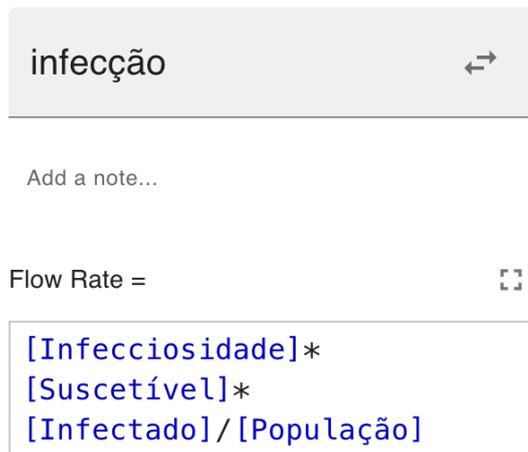


Figura 40: Especificação do fluxo exposição no modelo SEIR.

A identificação dos nomes utilizados no diagrama da Figura 39 e os símbolos usados matematicamente são dados na Tabela 4. Usando subintervalos de 0,1

Grandeza	Nome no Insight Maker
S	Suscetível
E	Exposto
I	Infectado
R	Recuperado
$\Phi_{S \rightarrow E}$	Infecção
$\Phi_{E \rightarrow I}$	Fim da latência
$\Phi_{I \rightarrow R}$	Recuperação
β	Infecciosidade
σ	Incubação
γ	Recuperação
N	População

Tabela 4: Identificação dos nomes usados no diagrama SEIR do Insight Maker.

dias, o método de Runge-Kutta de quarta ordem e um intervalo de 70 dias, obtemos o resultado da simulação mostrado na Figura 41.

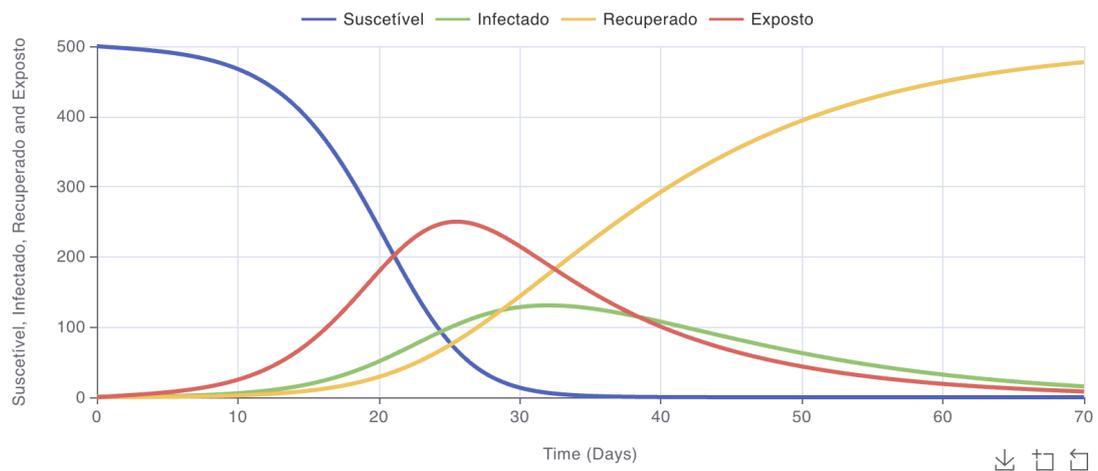


Figura 41: Resultado da simulação no Insight Maker para sarampo no modelo SEIR.

Uma inspeção com o cursor sobre o gráfico mostra que o número de indivíduos expostos atinge o máximo de aproximadamente 250 indivíduos por volta do dia 26. O número de indivíduos infectados alcança o máximo de aproximadamente 131 no dia 32. Após 70 dias, temos um número relativamente pequeno de expostos e infectados, com nenhum indivíduo suscetível.

10.3 Estudo de parâmetros no modelo SEIR - Insight Maker

Podemos fazer um estudo envolvendo diferentes cenários para simulação, cada um associado a diferentes valores de $(\beta, \sigma, \gamma, N)$. Para definir um botão deslizante associado a uma variável no Insight Maker basta selecionar cada uma das variáveis e ativas **Show value slider**. Por exemplo, selecionando a variável **Infecciosidade** estabelecemos um valor mínimo de 0,1, um passo de 0,1 e um valor máximo de 2,7, como mostrado na Figura 42.

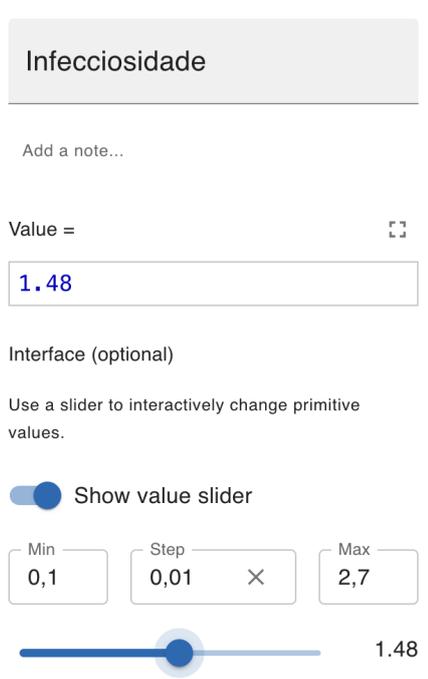


Figura 42: Definindo um botão deslizante para β .

O mesmo procedimento é repetido para as variáveis **Recuperação** (mínimo: 0.01, passo: 0.01, máximo: 0.3) e **Incubação** (mínimo: 0.01, passo: 0.01, máximo: 1). Introduzimos também a variável **População**, que descreve N , com um botão deslizante associado (mínimo: 50, passo: 5, máximo: 3000). Para cada configuração $(\beta, \sigma, \gamma, N)$ podemos definir na caixa **Selected Scenario** um nome para o cenário. O diagrama resultante, juntamente com os botões, é mostrado na Figura 43.

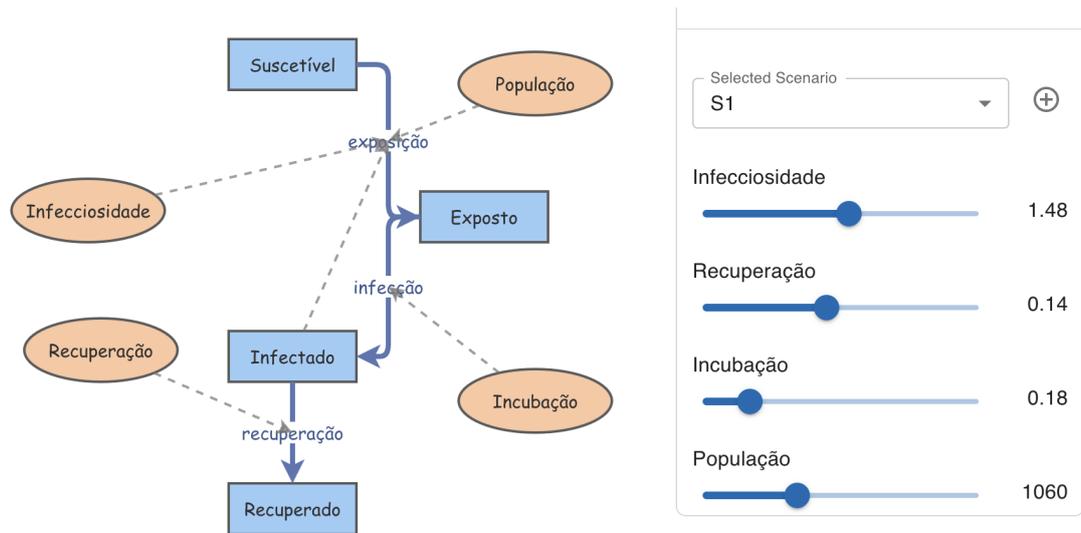


Figura 43: Inserindo botões deslizantes no Insight Maker para o modelo SEIR.

Após gerar a simulação, podemos mover os botões, alterando os valores dos parâmetros, de modo que as curvas resultantes serão alteradas automaticamente com um tempo de latência relativamente pequeno, nesse caso (Figura 44).

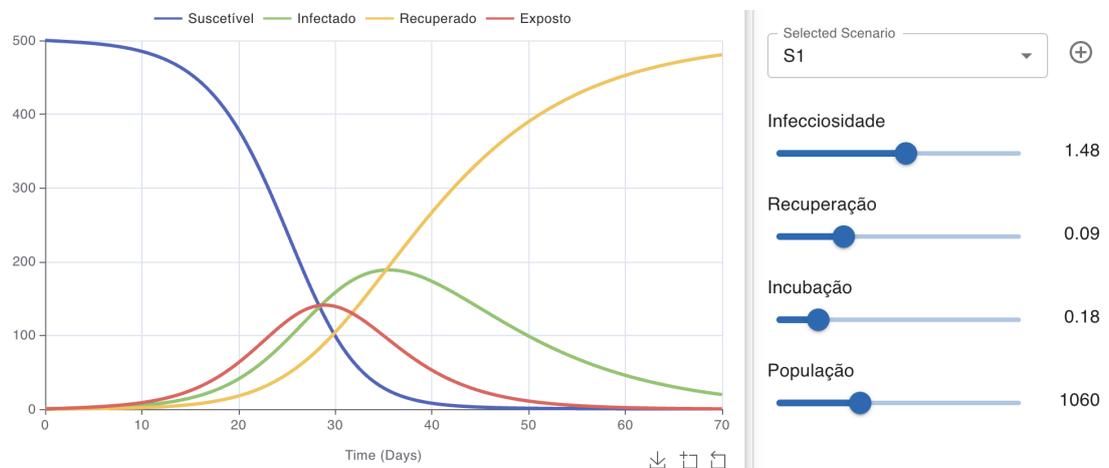


Figura 44: Visualizando a simulação à medida que os parâmetros são alterados, no Insight Maker para o modelo SEIR.

É importante notar que a função `Sliders linked` no menu superior esquerdo deve estar ativada.

10.4 Atividades: Modelo SEIR no Insight Maker

Nos problemas abaixo, use o modelo de transmissão dependente da frequência, a menos que mencionado ao contrário.

1. Sensibilidade às Condições Iniciais

Teste diferentes condições iniciais: por exemplo, uma população com muitos suscetíveis (S) e poucos expostos (E) (ex.: $S = 99\%$, $E = 1\%$) versus uma população mais equilibrada (ex.: $S = 80\%$, $E = 10\%$, $I = 5\%$, $R = 5\%$). Simule por 10 anos. Compare os padrões de surto resultantes em $I(t)$.

Pergunta: As dinâmicas do modelo SEIR no curto prazo são sensíveis às condições iniciais?

2. Padrões de Surto

Execute o modelo SEIR com valores padrão (ex.: $\beta = 0,4$, $\sigma = 0,5$, $\gamma = 0,33$) no intervalo de tempo adequado. Observe quantos surtos (picos em $I(t)$) ocorrem e, se houver mais de um, estime o tempo entre eles.

Pergunta: O modelo SEIR mostra múltiplos surtos em 10 anos? Por que isso acontece ou não acontece?

3. Efeito da Vacinação

Adicione uma estratégia simples de vacinação, como mover uma porcentagem fixa de suscetíveis (ex.: 10% por ano) para o compartimento de recuperados (R). Simule no intervalo de tempo de 5 a 10 anos e compare com o cenário sem vacinação. Analise as mudanças no número e na intensidade dos surtos em $I(t)$.

Pergunta: Como a vacinação afeta a ocorrência e a gravidade dos surtos no modelo SEIR?

4. Efeito da Taxa de Transmissão (β)

Configure o modelo SEIR no Insight Maker com valores iniciais padrão para β , σ , γ e N . Adicione um botão deslizante para ajustar o valor de β (por exemplo, variando entre 0,1 e 1,0). Execute simulações de 5 a 10 anos para diferentes valores de β (ex.: 0,2, 0,5, 0,8) e observe como o pico de infectados (I) e o tempo até o pico mudam no gráfico de $I(t)$.

Perguntas:

- *Como o aumento de β afeta o tamanho do pico de infectados?*
- *Qual é o impacto de uma redução significativa em β (como ocorreria com medidas de distanciamento social)?*
- *Em que cenário a epidemia seria mais controlada?*

5. Estudo do Período Latente (σ)

Configure o modelo SEIR e adicione um botão deslizante para ajustar o

valor de σ (por exemplo, variando entre 0,1 e 0,9, correspondendo a períodos latentes mais longos ou curtos). Execute simulações por 10 anos para diferentes valores de σ (ex.: 0, 2, 0, 5, 0, 8) e observe as mudanças nas curvas $E(t)$ e $I(t)$.

Perguntas:

- *Como um período latente mais longo (σ menor) afeta o crescimento inicial da epidemia?*
- *Um período latente mais curto leva a um pico de infectados maior? Por quê?*
- *Que implicações isso tem para doenças com períodos latentes relativamente curtos? (Considere um exemplo da literatura ou de dados reais.)*

6. Análise do Impacto da Taxa de Recuperação (γ)

Configure o modelo SEIR e adicione um botão deslizante para ajustar o valor de γ (por exemplo, variando entre 0,1 e 0,5, correspondendo a tempos de recuperação mais longos ou curtos). Execute simulações por 10 anos para diferentes valores de γ (ex.: 0, 1, 0, 3, 0, 5) e observe como o pico de infectados (I) e a duração da epidemia mudam no gráfico de $I(t)$.

Perguntas:

- *Como um aumento da taxa de recuperação γ afeta o valor máximo de infectados?*
- *Uma taxa de recuperação mais alta reduz o número total de pessoas infectadas ao longo do tempo? Explique.*
- *Que implicações isso tem para doenças com tempos de recuperação muito curtos, como algumas formas de gripe?*

10.5 Atividades: Modelo SEIR em Python

Nos problemas abaixo, use o modelo de transmissão dependente da frequência, a menos que mencionado ao contrário.

1. Implementar SEIR com Equações de Diferenças

Use a descrição do modelo SIR apresentada na Seção 8.7 e escreva um código em Python para o modelo SEIR discreto (usando iterações simples). Simule o modelo no intervalo de tempo adequado, com diferentes valores de β (ex.: 0, 2, 0, 4, 0, 6). Plote o número de infecciosos, $I(t)$, e compare os resultados com as simulações do Insight Maker.

Pergunta: Qual método lhe pareceu mais conveniente?

2. Implementar SEIR com Equações Diferenciais

Usando como base a implementação do modelo SIR em termos de equações diferenciais no Python, descrita na Seção 8.8, resolva as equações diferenciais do modelo SEIR (71) em Python e plote os compartimentos $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ e $R(t)$, identificando os picos de infecção.

Pergunta: Os resultados são aproximadamente similares àqueles obtidos no Insight Maker (RK4) e no Python com equações de diferenças?

3. Comparar Abordagens Discreta e Contínua

Simule o modelo SEIR com os mesmos parâmetros (ex.: $\beta = 0,4$, $\sigma = 0,5$, $\gamma = 0,33$) usando tanto o método discreto quanto o contínuo por 10 anos. Compare cuidadosamente os gráficos de $I(t)$ em termos de altura e *timing* dos surtos. Compare a eficiência dos dois métodos em termos de tempo de CPU (veja o exemplo apresentado na Subseção 8.9).

Pergunta: É possível determinar qual método é mais adequado para capturar os surtos no modelo SEIR?

4. Estudo de Parâmetros para β e σ

Considere duas combinações de parâmetros (ex.: $\beta = [0, 2, 0, 4, 0, 6]$, $\sigma = [0, 2, 0, 5, 1, 0]$) e simule o modelo no intervalo adequado para cada combinação. Registre o número e a severidade dos surtos em $I(t)$. Use equações diferenciais ou equações de diferenças.

Pergunta: Quais combinações de β e σ resultam em surtos mais intensos ou frequentes?

5. Análise do Retrato de Fase

Plote as trajetórias de $S \times I$ (usando o modelo contínuo) para diferentes condições iniciais no intervalo de tempo adequado. Observe se o sistema se estabiliza ou mostra comportamento transiente.

Pergunta: O modelo SEIR tende a um equilíbrio no curto prazo? Como as condições iniciais influenciam isso?

6. Calcular o Tempo até o Pico

Modifique o código para calcular o tempo até o primeiro pico de $I(t)$ para diferentes valores de σ (ex.: 0, 2, 0, 5, 1, 0). Simule no intervalo de tempo adequado.

Pergunta: Como o período de incubação (σ) afeta o momento do surto inicial?

7. Efeito da Vacinação

Adicione um termo de vacinação ao modelo (ex.: $dS/dt = -\beta SI - \nu S$, $dR/dt = \gamma I + \nu S$, onde ν é a taxa de vacinação). Teste diferentes valores de ν (ex.: 0,01, 0,05, 0,1) no intervalo de tempo adequado. Avalie o impacto nos surtos em $I(t)$.

Pergunta: Qual taxa de vacinação é mais eficaz para reduzir os surtos no SEIR?

8. Número Básico de Reprodução (R_0)

Calcule o R_0 do modelo SEIR ($R_0 = \beta/\gamma$) e simule o crescimento inicial de $I(t)$ para diferentes valores de R_0 . Compare os resultados com a severidade observada nos surtos.

Pergunta: O valor de R_0 prevê bem a intensidade da propagação inicial no SEIR?

9. Sensibilidade ao Passo de Tempo

No modelo discreto, teste diferentes tamanhos de passo de tempo (ex.: $dt = 0,1, 0,5, 1$ dia) e simule no intervalo de tempo adequado. Compare os resultados com o modelo contínuo.

Pergunta: O tamanho do passo de tempo afeta a precisão das previsões de curto prazo?

11 Modelo SEIRS

11.1 Descrição do Modelo

Em diversas doenças, tais como as respiratórias, a imunidade após a recuperação é temporária e os indivíduos do grupo S voltam para o grupo R após um tempo médio $1/\omega$, sendo ω a taxa de perda de imunidade. Suporemos novamente que $N = S + E + I + R + S$ é constante e que temos transmissão dependente da frequência. É fácil verificar que novamente devemos ter $R_0 = \beta/\gamma > 1$ para que ocorra um surto. O correspondente diagrama de fluxos é mostrado na Figura 45.

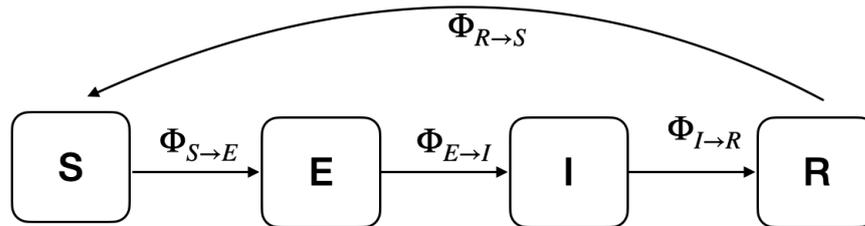


Figura 45: Modelo SEIRS.

O fluxo de indivíduos do grupo R para o grupo S é proporcional ao número de recuperados, ou seja, temos agora

$$\Phi_{S \rightarrow E} = \beta \frac{SI}{N}, \quad \Phi_{E \rightarrow I} = \sigma E, \quad \Phi_{I \rightarrow R} = \gamma I, \quad \Phi_{R \rightarrow S} = \omega R. \quad (76)$$

As correspondentes equações de diferenças são

$$S_{n+1} = S_n - \Phi_{S \rightarrow I} + \Phi_{R \rightarrow S}, \quad (77)$$

$$E_{n+1} = E_n + \Phi_{S \rightarrow I} - \Phi_{E \rightarrow I}, \quad (78)$$

$$I_{n+1} = I_n + \Phi_{E \rightarrow I} - \Phi_{I \rightarrow R}, \quad (79)$$

$$R_{n+1} = R_n + \Phi_{I \rightarrow R} - \Phi_{R \rightarrow S}, \quad (80)$$

ou, usando (76),

$$S_{n+1} = S_n - \frac{\beta S_n I_n}{N} + \omega R_n, \quad (81)$$

$$E_{n+1} = E_n + \frac{\beta S_n I_n}{N} - \sigma E, \quad (82)$$

$$I_{n+1} = I_n + \sigma E - \gamma I_n, \quad (83)$$

$$R_{n+1} = R_n + \gamma I_n - \omega R_n, \quad (84)$$

com $S_0 = N - E_0 - I_0$, $R(0) = 0$, sendo

- β : taxa de transmissão.
- σ : taxa de progressão de expostos para infectados.
- γ : taxa de recuperação.
- ω : taxa de perda de imunidade.

Em termos de equações diferenciais temos

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}SI + \omega R, \quad (85)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \sigma E, \quad (86)$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I, \quad (87)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \omega R, \quad (88)$$

com $S(0) = N - E(0) - I(0)$, $R(0) = 0$.

11.2 Implementação do Modelo SEIRS no Insight Maker

A construção do diagrama de blocos no Insight Maker, assim como a inserção de botões deslizantes para ajustar os parâmetros, já foi descrita nas seções anteriores e a única modificação a ser realizada é a inserção de um fluxo do grupo Recuperado para o grupo Suscetível, com taxa ω . O resultado é mostrado na Figura 46.

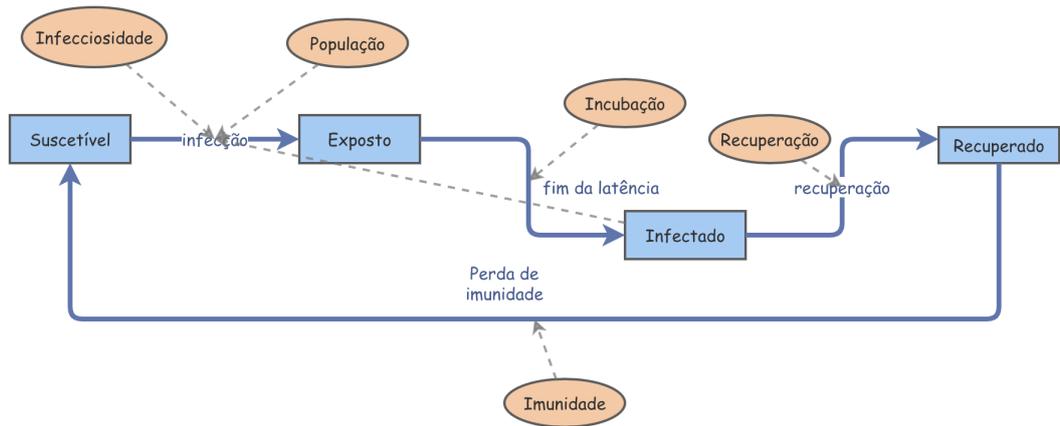


Figura 46: Diagrama de blocos no Insight Maker do modelo SEIRS.

A nomenclatura nos blocos do diagrama da Figura 46 é mostrada na Tabela 4.

Grandeza	Nome no Insight Maker
S	Suscetível
E	Exposto
I	Infectado
R	Recuperado
$\Phi_{S \rightarrow E}$	Infecção
$\Phi_{E \rightarrow I}$	Fim da latência
$\Phi_{I \rightarrow R}$	Recuperação
$\Phi_{R \rightarrow S}$	Perda de imunidade
β	Infeciosidade
σ	Incubação
γ	Recuperação
ω	Imunidade
N	População

Tabela 5: Identificação dos nomes usados no diagrama SEIRS da Figura 46.

Como exemplo, examinemos um caso típico de influenza sazonal, com parâmetros:

- Tamanho da população: $N = 10000$ indivíduos.
- Taxa de transmissão: $\beta = 0,5 \text{ dia}^{-1}$.
- Período de incubação: $T_E = 7$ dias ou $\sigma = 1/7 \text{ dia}^{-1}$,
- Período infeccioso: $T_I = 5$ dias ou $\gamma = 1/5 \text{ dia}^{-1}$,
- Taxa de perda de imunidade: $\omega = 1/365 \text{ dias}^{-1}$.

O resultado da simulação para 1825 dias (4 anos), com um passo de tamanho 5×10^{-2} , é mostrado na Figura 47.



Figura 47: Simulação de influenza no modelo SEIRS.

Temos agora soluções oscilatórias. É interessante observar as curvas para $E(t)$ e $I(t)$, isoladamente, como mostrado na 48.

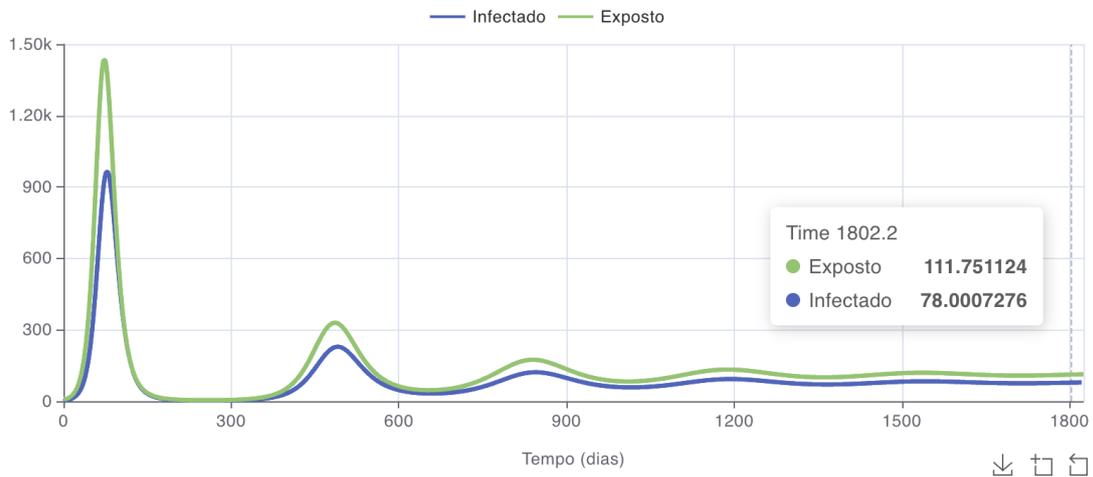


Figura 48: Simulação para $E(t)$ e $I(t)$.

Na Figura 48 é aparente que a trajetória de $I(t)$ se atrasa relativamente àquela de $E(t)$, pelo tempo de latência. Ambos, $E(t)$ e $I(t)$, terminam por se estabilizar

em um equilíbrio endêmico a partir de 1800 dias (≈ 5 anos), em torno de 112 indivíduos expostos (1,1%) e 78 indivíduos infectados (0,8%). O intervalo temporal entre os picos de $I(t)$ é chamado de período interepidêmico. No presente caso, ele é de aproximadamente 407 dias para a primeira oscilação e 350 dias para a segunda oscilação. Tais oscilações, no mundo real, se sobrepõem a outras de caráter sazonal, ligadas à variação de β [16]. Nas atividades propostas para esta seção, será verificado que o aumento do período de latência $1/\sigma$ faz aumentar o tamanho interepidêmico, sem alterar significativamente a atenuação das ondas e o ponto de equilíbrio. Por outro lado, se o período de imunidade $1/\omega$ aumentar, o valor de $I(t)$ no equilíbrio diminui e o intervalo interepidêmico aumenta [17].

O estudo de parâmetros no modelo SEIRS em Insight Maker pode ser feito de modo similar àquele descrito para o modelo SEIR na subseção 10.3.

11.3 Modelo SEIRS Discreto em Python

Implementemos as equações de diferenças (81) - (84) em Python. A extensão do programa construído na Subseção 8.7 é imediata, de modo que juntaremos alguns blocos de execução. O arquivo completo está no repositório [74], no arquivo `seirs_discreto.ipynb`. Faremos a seguir a descrição dos passos seguidos na execução dos comandos. Inicialmente, definimos os arrays, condições iniciais, subintervalos e parâmetros:

```

import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Parâmetros do modelo
beta = 0.5 # Taxa de transmissão
sigma = 1/7 # Incubação
gamma = 1/5 # Recuperação
omega = 1/365 # Imunidade
N = 10000 # População total
dt = 1.0 # Passo de tempo igual a 1 dia
T = 5*365 # Comprimento da simulação (dias)

# Inicialização das variáveis
passos = int(T / delta_t) + 1 # Inclui o ponto inicial
S = np.zeros(passos)
E = np.zeros(passos)
I = np.zeros(passos)
R = np.zeros(passos)
tempo = np.linspace(0, T, passos) # Vetor de tempo

# Condições iniciais
E[0] = 10. # Número inicial de expostos
I[0] = 0.0 # Número inicial de infectados
S[0] = N-E[0]-I[0] # Número inicial de suscetíveis
R[0] = 0.0 # Número inicial de recuperados

```

Definimos agora as equações de diferenças:

```

# Iterações com equações de diferenças
for t in range(passos - 1):
    S[t+1]=S[t]+(-beta*S[t]*I[t]/N+omega*R[t])*dt
    E[t+1]=E[t]+(beta*S[t]*I[t]/N-sigma*E[t])*dt
    I[t+1] =I[t]+(sigma*E[t]-gamma*I[t])*dt
    R[t+1]=R[t]+(gamma*I[t]-omega*R[t])*dt

```

Façamos inicialmente o gráfico para todas as variáveis:

```

# Gráfico
plt.figure(figsize=(10, 6), dpi=100)
plt.plot(tempo, S, label="$S(t)$", lw=2)
plt.plot(tempo, E, label="$E(t)$", lw=2)
plt.plot(tempo, I, label="$I(t)$", lw=2)
plt.plot(tempo, R, label="$R(t)$", lw=2)
plt.xlabel("$t$ (dias)")
plt.ylabel("$S(t)$, $E(t)$, $I(t)$, $R(t)$")
plt.legend()
plt.grid()
plt.savefig("seirs5.png", dpi=300) # Salva em alta resolução
plt.show()

```

O resultado é mostrado na Figura 49.

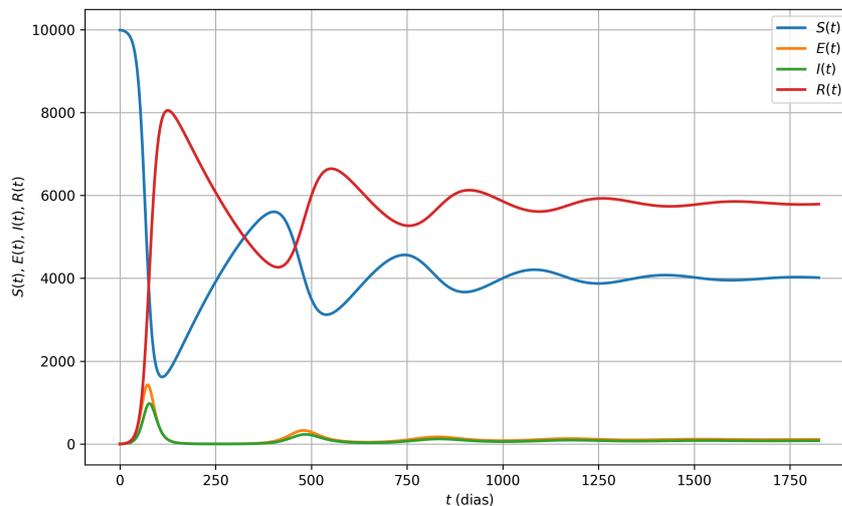


Figura 49: Simulação SEIRS para $S(t)$, $E(t)$, $R(t)$ e $I(t)$.

Vejamos o gráfico que mostra somente $E(t)$ e $I(t)$:

```

# Gráfico para I(t) e E(t) somente
plt.figure(figsize=(10, 6), dpi=300)
plt.plot(tempo, E, label="Expostos (E)", lw=2)
plt.plot(tempo, I, label="Infectados (I)", lw=2)
plt.title("Modelo SEIRS (Equações de Diferenças)")
plt.xlabel("Dias")
plt.ylabel("População")
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()

```

O resultado é mostrado na Figura 50.

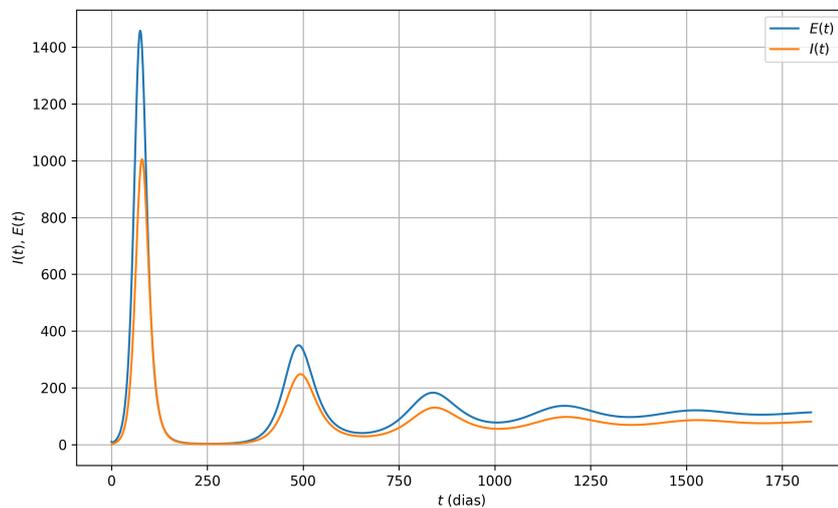


Figura 50: Simulação para $E(t)$ e $I(t)$.

No equilíbrio endêmico, temos

```

# Valores de equilíbrio para E(t) I(t) em % da população:
print(round(E[-1]*100/N,1))
print(round(I[-1]*100/N,1))

```

1.1

0.8

77

O resultado é, portanto, similar àquele obtido no Insight Maker. Determinemos os intervalos interepidêmicos. Definimos inicialmente uma função que determina a derivada de uma função definida numericamente:

```
# Definição da função derivada
def derivada(y,x):
    dy = np.zeros_like(y, dtype=float)
    dx = x[1] - x[0]
    dy[:-1] = (y[1:] - y[:-1])
    dy[-1] = (y[-1] - y[-2]) # diferenca atrasada para o ultimo
                             termo
    return dy/dx
```

Determinemos agora o array que corresponde à derivada temporal de $I(t)$ e suas raízes (extremos de $I(t)$):

```
# Array para a derivada de I e valor de t para extremos
dI_dt = derivada(I,tempo)
extremos = tempo[1:] [dI[1:]*dI_dt[:-1]<0]
extremos
```

```
array([ 80., 260., 493., 658., 844., 1011.,
 1187., 1356., 1529., 1700.] )
```

Neste array, somente os termos de índices 0,2,4,... correspondem a máximos. Formemos um array com máximos:

```
# Array com índices pares somente (máximos)
maximos = extremos[::2]
maximos
```

```
array([ 80., 493., 844., 1187., 1529.] )
```

A diferença entre termos sucessivos deste array nos fornece os intervalos interepidêmicos (dias):

```
# Diferenças entre os valores sucessivo de maximos
np.diff(maximos)
```

```
array([413., 351., 343., 342.] )
```

Tais resultados estão aproximadamente de acordo com as estimativas feitas usando Insight Maker. Os dois intervalos iniciais correspondem a oscilações transientes interepidêmicas. A partir da terceira oscilação, é possível notar o começo do estado estacionário. Tal distinção não foi feita em [17], por exemplo.

11.4 Estudo de parâmetros no modelo SEIRS em Python

Apresentaremos o procedimento para o estudo de casos que envolvem a dependência da evolução $I(t)$ por meio de gráficos $t \times I(t)$ e determinação dos intervalos interepidêmicos. Usaremos o modelo discreto, baseado em equações de diferenças, com passo de tempo de 1 dia. O arquivo completo está no repositório [74], no arquivo `seirs_discreto_parametros.ipynb`. Como exemplo, consideramos três cenários que envolvem somente mudanças na taxa de infecção β e taxa de imunidade ω :

- Caso 1: $\beta = 0,5$, $\omega = 1/365$, $\sigma = 1/7$, $\gamma = 1/5$,
- Caso 2: $\beta = 0,7$, $\omega = 1/365$, $\sigma = 1/7$, $\gamma = 1/5$,
- Caso 3: $\beta = 0,5$, $\omega = 1/180$, $\sigma = 1/7$, $\gamma = 1/5$.

Inicialmente definimos a função que determina os arrays S , E , I e R em termos dos parâmetros:

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Função que simula o modelo SEIRS
def simula_seirs(beta, sigma, gamma, omega, N, dt, T):

    passos = int(T / dt) + 1 # Inclui o ponto inicial
    S = np.zeros(passos)
    E = np.zeros(passos)
    I = np.zeros(passos)
    R = np.zeros(passos)
    tempo = np.linspace(0, T, passos) # Vetor de tempo

    # Condições iniciais
    E[0] = 10. # Número inicial de expostos
    I[0] = 0.0 # Número inicial de infectados
    S[0] = N-E[0]-I[0] # Número inicial de suscetíveis
    R[0] = 0.0 # Número inicial de recuperados

    for t in range(passos - 1):
        S[t+1]=S[t]+(-beta*S[t]*I[t]/N+omega*R[t])*dt
        E[t+1]=E[t]+(beta*S[t]*I[t]/N-sigma*E[t])*dt
        I[t+1] =I[t]+(sigma*E[t]-gamma*I[t])*dt
        R[t+1]=R[t]+(gamma*I[t]-omega*R[t])*dt

    return np.array(I)
```

Definimos em seguida os parâmetros a serem utilizados:

```
N = 10000 # População total
dt = 1.0 # Passo de tempo
Ts = 1825 # Comprimento da simulação (dias)

# Taxas
params_1 = {'beta': 0.5, 'sigma': 1/7, 'gamma': 1/5,
            'omega': 1/365}
params_2 = {'beta': 0.7, 'sigma': 1/7, 'gamma': 1/5,
            'omega': 1/365}
params_3 = {'beta': 0.5, 'sigma': 1/7, 'gamma': 1/5,
            'omega': 1/180}
```

Podemos agora gerar os arrays para $I(t)$ em cada caso:

```
# Simulação para cada conjunto de parâmetros
I1 = simula_seirs(**params_1, N=N, dt=dt, T=Ts)
I2 = simula_seirs(**params_2, N=N, dt=dt, T=Ts)
I3 = simula_seirs(**params_3, N=N, dt=dt, T=Ts)
```

Construímos agora os gráficos:

```
passos = int(Ts / dt) + 1
tempo = np.linspace(0, Ts, passos)
# Gráfico t x I(t)
plt.figure(figsize=(10, 6), dpi=300)
plt.plot(tempo, I1, lw=2, label=r"$\beta=0.5, \omega=1/365$",
         color='blue')
plt.plot(tempo, I2, lw=2, label=r"$\beta=0.7, \omega=1/365$",
         color='red')
plt.plot(tempo, I3, lw=2, label=r"$\beta=0.5, \omega=1/180$",
         color='green')
plt.title("Evolução de infectados no modelo SEIRS")
plt.xlabel("Dias")
plt.ylabel("Infectados")
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()
```

O resultado é mostrado na Figura 51.

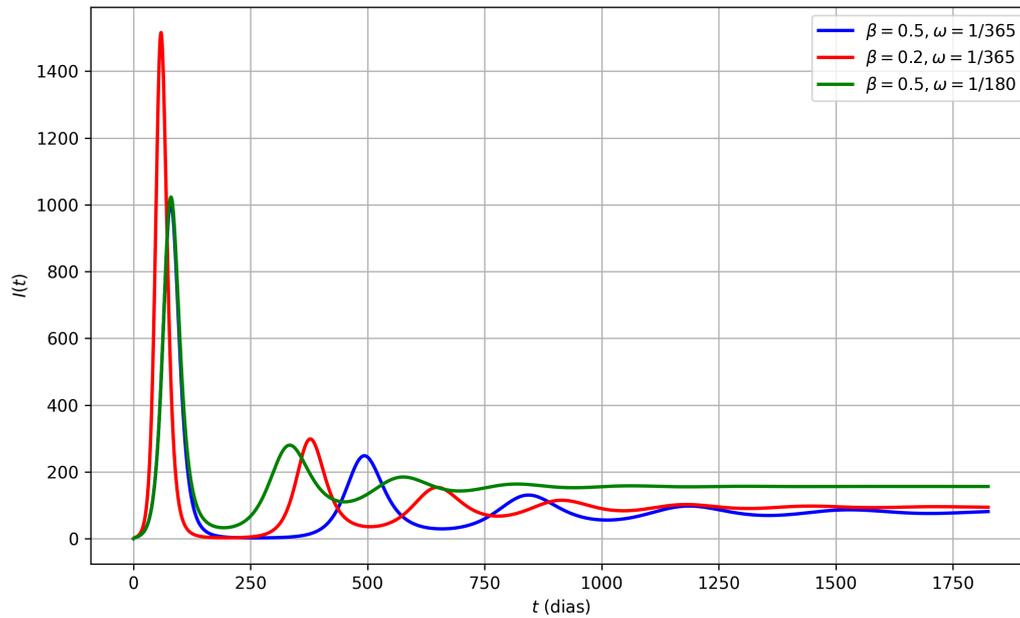


Figura 51: Simulação para $E(t)$ e $I(t)$ no modelo SEIRS discreto.

Tal como fizemos na subseção anterior, determinaremos, em cada caso, os intervalos interepidêmicos e os valores de $I(t)$ no equilíbrio endêmico. Os comandos mostrados a seguir estão no arquivo `seirs_discreto_parametros.ipynb` do repositório Github [74]. Calculemos inicialmente os intervalos entre os máximos sucessivos:

```

# Cálculo das derivadas
dI1 = derivada(I1, tempo)
dI2 = derivada(I2, tempo)
dI3 = derivada(I3, tempo)

# Extremos
extremos1 = tempo[1:][dI1[1:] * dI1[:-1] < 0]
extremos2 = tempo[1:][dI2[1:] * dI2[:-1] < 0]
extremos3 = tempo[1:][dI3[1:] * dI3[:-1] < 0]

# Máximos
maximos1 = extremos1[:,2]
maximos2 = extremos2[:,2]
maximos3 = extremos3[:,2]

# Intervalos dos máximos sucessivos
T1 = np.diff(maximos1)
T2 = np.diff(maximos2)
T3 = np.diff(maximos3)

```

Podemos agora visualizar os resultados, assim como os valores de equilíbrio para $I(t)$:

```

print("Intervalos dos máximos sucessivos:")
print("-" * 40)
print(f"Caso 1 (beta=0.5, omega=1/365):")
for i, periodo in enumerate(T1, start=1):
    print(f" T{i}: {periodo:.2f} dias")
print(f"Equilibrio I1 = {I1[-1]}")
print("-" * 40)

print(f"Caso 2 (beta=0.2, omega=1/365):")
for i, periodo in enumerate(T2, start=1):
    print(f" T{i}: {periodo:.2f} dias")
print(f"Equilibrio I2 = {I2[-1]}")
print("-" * 40)

print(f"Caso 3 (beta=0.5, omega=1/180) :")
for i, periodo in enumerate(T3, start=1):
    print(f" T{i}: {periodo:.2f} dias")
print(f"Equilibrio I3 = {I3[-1]}")
print("-" * 40)

```

Intervalos dos máximos sucessivos:

Caso 1 (beta=0.5, omega=1/365\$):

T1: 413.00 dias
T2: 351.00 dias
T3: 343.00 dias
T4: 342.00 dias

Equilibrio I1 = 81.16630950447903

Caso 2 (beta=0.2, omega=1/365):

T1: 319.00 dias
T2: 271.00 dias
T3: 266.00 dias
T4: 265.00 dias
T5: 266.00 dias
T6: 266.00 dias

Equilibrio I2 = 94.15123832255011

Caso 3 (beta=0.5, omega=1/180):

T1: 254.00 dias
T2: 242.00 dias
T3: 243.00 dias

T4: 243.00 dias
T5: 244.00 dias
T6: 244.00 dias
T7: 243.00 dias
Equilíbrio I3 = 156.27644095654492

Os resultados acima nos levam às seguintes observações:

(i) A diminuição do tempo de latência de $1/\omega = 365$ dias para $1/\omega = 180$ dias faz com que:

- O equilíbrio endêmico seja atingido antes, com uma mais rápida atenuação das oscilações epidêmicas;
- Os intervalos interepidêmicos diminuem;
- O número de infectados endemicamente aumenta.

(ii) De modo semelhante, a diminuição da infecciosidade de $\beta = 0,5 \text{ dias}^{-1}$ para $\beta = 0,2 \text{ dias}^{-1}$ faz com que:

- O equilíbrio endêmico seja atingido antes, com uma mais rápida atenuação das oscilações epidêmicas;
- Os intervalos interepidêmicos diminuem;
- O número de infectados endemicamente aumenta levemente.

(iii) Em todos os casos, o período das oscilações (intervalos interepidêmicos) começa em um estado transitório, tornando-se aproximadamente estacionário (intervalos constantes) a partir da terceira oscilação, seguindo então para um valor de equilíbrio endêmico.

Deixaremos para as atividades propostas o estudo do comportamento da epidemia com diferentes combinações dos parâmetros γ e σ , além de diferentes condições iniciais.

As ondas epidêmicas podem também ser entendidas em termos de retratos de fase $S(t) \times I(t)$. Os pontos fixos dos retratos de fase correspondem ao equilíbrio endêmico. Os comandos descritos a seguir também fazem parte do arquivo `seirs_discreto_parametros.ipynb` do repositório Github [74].

```

# Plotando o retrato de fase I x S
plt.figure(figsize=(10, 6), dpi=300)
# Gráfico do espaço de fase
plt.plot(S1, I1, label=r" $\beta=0.5$,
        \omega=1/365$",
        color='blue')
plt.plot(S2, I2, label=r" $\beta=0.2$,
        \omega=1/365$",
        color='red')
plt.plot(S3, I3, label=r" $\beta=0.5$,
        \omega=1/180$",
        color='green')

# Labels e legendas
plt.title("Espaço de fase: $(S(t), I(t))$")
plt.xlabel("Suscetíveis $S(t)$")
plt.ylabel("Infectados $I(t)$")
plt.legend()
plt.grid()
plt.show()

```

O resultado é mostrado na Figura 52.

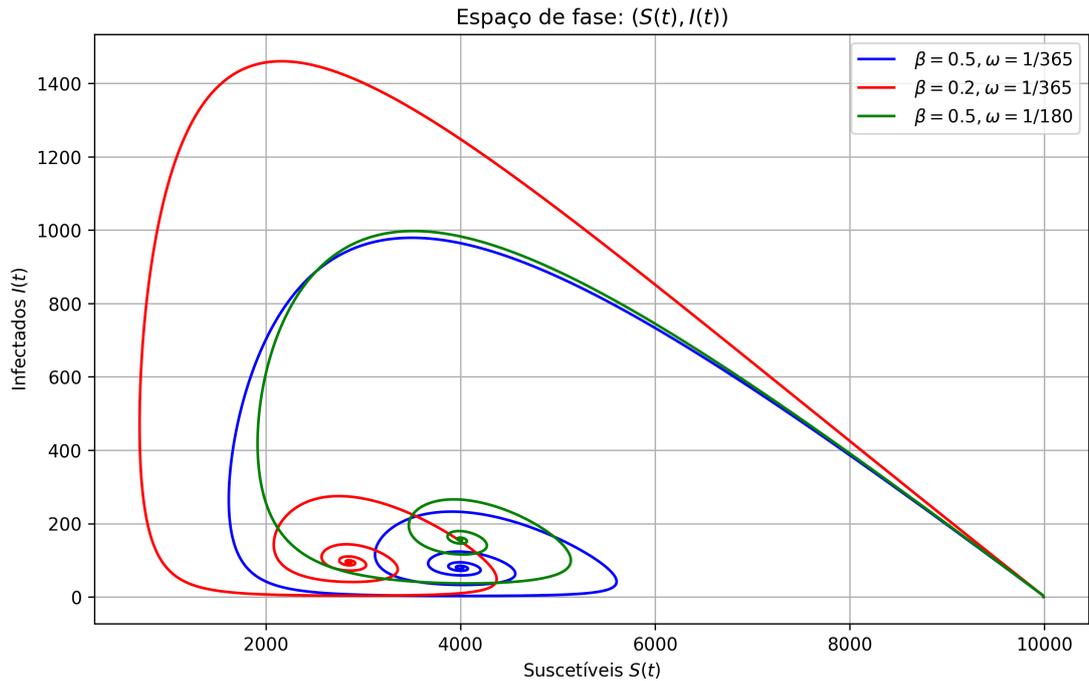


Figura 52: Pontos de equilíbrio no modelo SEIRS.

Determinemos numericamente os pontos fixos (equilíbrio endêmico) associados a cada caso:

```

equilibrium_S1 = S1[-1]
equilibrium_I1 = I1[-1]

equilibrium_S2 = S2[-1]
equilibrium_I2 = I2[-1]

equilibrium_S3 = S3[-1]
equilibrium_I3 = I3[-1]

print(f"1: S = {equilibrium_S1:.2f}, I = {equilibrium_I1:.2f}")
print(f"2: S = {equilibrium_S2:.2f}, I = {equilibrium_I2:.2f}")
print(f"3: S = {equilibrium_S3:.2f}, I = {equilibrium_I3:.2f}")

```

Pontos de equilíbrio:

1: S = 4024.30, I = 81.17
 2: S = 2854.73, I = 94.15
 3: S = 3999.80, I = 156.28

Com respeito ao equilíbrio endêmico, o gráfico da Figura 52 mostra que a dimi-

nuição do tempo de latência de $1/\omega = 365$ dias para $1/\omega = 180$ dias causa um aumento no número de infectados, deixando praticamente inalterado o número de suscetíveis. Por outro lado, a diminuição da infecciosidade $\beta = 0,5 \text{ dias}^{-1}$ para $\beta = 0,2 \text{ dias}^{-1}$ faz com que o número de infectados atinja valores maiores durante o surto, mas convergindo para valores de equilíbrio endêmico similares. O número de suscetíveis, no entanto, diminui no ponto de equilíbrio. Deixaremos os estudos de outros diversos possíveis casos para as atividades propostas.

11.5 Uma comparação entre o método de diferenças e equações diferenciais para descrever o modelo SEIRS

A simulação do modelo SEIRS no Insight Maker utiliza o método de Runge-Kutta de quarta ordem para resolver as equações (85) - (88). Já vimos que os resultados são similares àqueles utilizados usando equações de diferenças. Uma questão que investigaremos nessa Seção é a comparação precisa entre os resultados fornecidos pelos dois formalismos e os respectivos passos de tempo apropriados. Analisaremos tanto a acurácia dos resultados quanto a velocidade de CPU para a execução dos cálculos.

Como os parâmetros β , σ , γ e ω não somente têm unidade dias^{-1} mas são empiricamente determinados por medidas diárias, é natural imaginar que um passo de tempo de 1 dia é o mais apropriado no formalismo de equações de diferenças. No caso da modelagem em termos de equações diferenciais, tal questão não é tão clara. Faremos inicialmente uma implementação que compara os dois métodos, usando botões deslizantes para que possamos mudar o valor dos parâmetros, das condições iniciais, comprimento e passos das simulações.

Para gerar os botões, usaremos o módulo `ipywidgets` do Python, que tem a vantagem de funcionar no Google Colab. O programa em Python é muito longo para ser impresso aqui, mas o arquivo `seirs_comparacao.ipynb` pode ser encontrado no repositório do Github dedicado ao presente trabalho [74]. Na Figura 53 vemos a resultante configurações de botões deslizantes. Utilizamos uma simulação de 356 dias e um passo de 1 dia com equações de diferenças e 0,1 com equações diferenciais. Na Figura 54 temos os gráficos resultantes para $I(t)$ calculado pelos métodos de equações de diferenças e equações diferenciais.

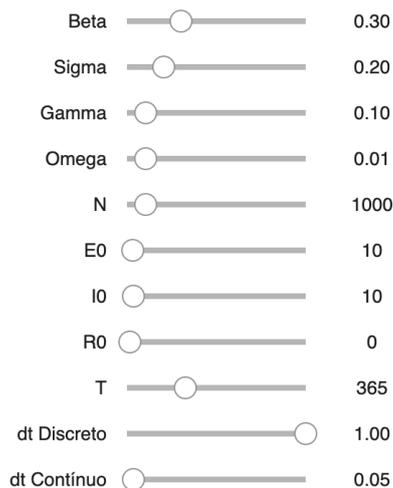


Figura 53: Botões deslizantes para o cálculo de $I(t)$.

Portanto, para fins práticos inerentes à área, os dois métodos fornecem soluções igualmente aceitáveis. O tempo de CPU para cada simulação é dado por

Tempo de CPU (Equações de Diferenças): 0.00070 s

Tempo de CPU (Equações Diferenciais): 0.00821 s

O leitor pode verificar que mesmo que o passo de tempo na simulação por equações diferenciais seja aumentado para 1 dia, a curva de $I(t)$ se mantém praticamente inalterada e o tempo de CPU baixa para 0.00859 s, ou seja, ainda bem maior que o resultado dado usando equações de diferenças. Daqui para frente utilizaremos equações de diferenças para este e outros modelos.

11.6 Atividades: SEIRS no Insight Maker

Nas atividades abaixo, use o modelo de transmissão dependente da frequência, a menos que mencionado ao contrário.

1. Efeito da Taxa de Trasmissão (β)

Defina todos os parâmetros com valores padrão, exceto β . Simule com valores baixos (por exemplo, $\beta = 0,2$), médios (por exemplo, $\beta = 0,4$) e altos (por exemplo, $\beta = 0,6$) de taxa de infecção ao longo de 10 anos. Plote o número de indivíduos infectados, $I(t)$, e observe as mudanças na altura e no momento do surto inicial, bem como o número de surtos em 10 anos.

Pergunta: Como o aumento da taxa de infecção afeta a gravidade e o momento do primeiro surto de influenza?

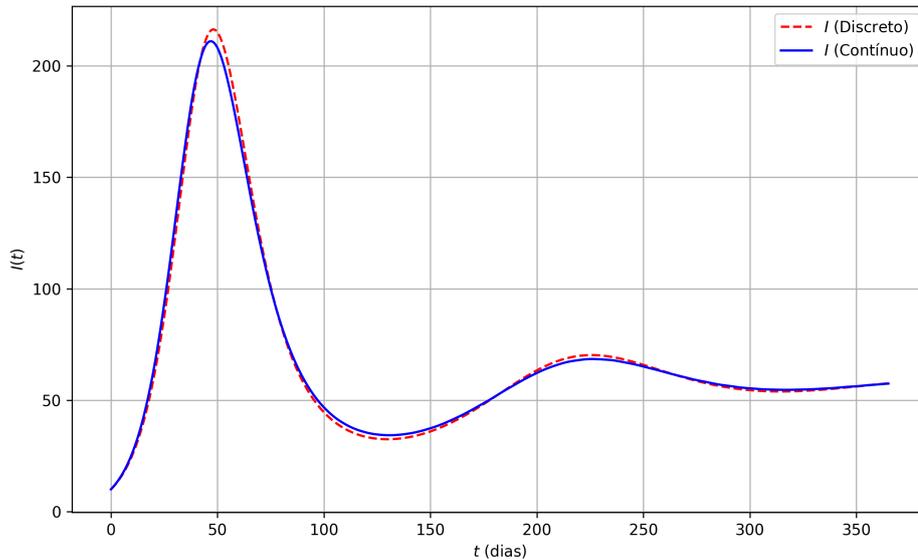


Figura 54: Variável $I(t)$ calculada com equações de diferenças (vermelho pontilhado) e equações diferenciais (azul contínuo) .

2. Impacto da Perda de Imunidade (ω)

Fixe os parâmetros e varie ω : defina $\omega = 0$ (imunidade vitalícia), depois teste $\omega = 0,1$ e $0,3$ (imunidade durando ~ 10 ou $\sim 3,3$ anos). Simule ao longo de 10 anos. Compare o tamanho e o momento do primeiro e segundo surtos. Observe se a perda de imunidade provoca uma recorrência mais precoce.

Pergunta: Como a duração da imunidade influencia a frequência dos surtos de influenza ao longo de uma década?

3. Papel do Período de Incubação (σ)

Ajuste σ (taxa de transição de exposto para infeccioso): teste $\sigma = 0,2, 0,5, 1,0$ (períodos de incubação de 5, 2 ou 1 dias) ao longo de 10 anos. Plote $I(t)$ e observe as mudanças no momento e na magnitude do surto inicial.

Pergunta: Como um período de incubação mais curto afeta a propagação inicial da influenza?

4. Sensibilidade às Condições Iniciais

Simule ao longo de 10 anos com diferentes condições iniciais: por exemplo, alta suscetibilidade (S) com pequeno número de expostos (E) versus populações balanceadas de S, E, I, R . Compare os padrões de surto. A configuração inicial altera o número ou o tamanho dos surtos?

Pergunta: As dinâmicas de curto prazo da influenza são sensíveis à distribuição inicial da população?

5. Padrões de Surto de Curto Prazo

Execute um modelo SEIRS padrão ao longo de 10 anos com β padrão (por exemplo, 0,4) e ω (por exemplo, 0,2). Conte o número de surtos (picos em $I(t)$) e estime o tempo médio entre eles.

Pergunta: Quantos surtos de influenza ocorrem em 10 anos e qual é o intervalo típico entre eles?

6. Comparação entre SEIRS e SEIR

Defina $\omega = 0$ (modelo SEIR, sem perda de imunidade) e compare com $\omega = 0,2$ (SEIRS) ao longo de 10 anos. Plote $I(t)$ para ambos e observe as diferenças na frequência e no tamanho dos surtos.

Pergunta: Como a perda de imunidade afeta o número de surtos de influenza no curto prazo?

7. Exploração da Vacinação

Introduza um efeito simples de vacinação: por exemplo, reduza S em 5% anualmente (movendo-os para R). Simule ao longo de 10 anos e compare com o cenário sem vacinação. Observe as mudanças no momento e na gravidade dos surtos.

Pergunta: Qual é a sensibilidade da porcentagem de vacinação aplicada nos surtos ao longo de 10 anos?

11.7 Atividades: SEIRS em Python

Em Python, os alunos modificarão ou escreverão códigos para simular as dinâmicas da influenza ao longo de **10 anos**, usando tanto equações de diferenças quanto diferenciais. Essas atividades enfatizam tendências de curto prazo, precisão numérica e exploração de parâmetros, práticas comuns nas técnicas de modelagem.

1. Implementar SEIRS com Equações de Diferenças

Use um modelo SEIRS discreto em Python para simular ao longo de 10 anos com $\beta = 0,2, 0,4, 0,6$. Plote $I(t)$ e observe o número e a gravidade dos surtos. Calcule os intervalos interepidêmicos relevantes. Compare os resultados com os do Insight Maker.

Pergunta: Há diferenças para os resultados obtidos pelos dois métodos?

2. Implementar SEIRS com Equações Diferenciais

Codifique um modelo SEIRS com EDOs em Python usando as equações (85)- (88) e resolva o problema do item anterior.

Pergunta: Qual é o método mais eficiente nesse exemplo: o discreto ou contínuo?

3. Comparar Abordagens Discreta e Contínua

Simule com parâmetros idênticos (por exemplo, $\beta = 0,4, \omega = 0,2$) usando tanto equações de diferenças quanto EDOs ao longo de 10 anos. Plote $I(t)$

de cada um e compare o momento e a altura dos picos dos surtos.

Pergunta: Qual abordagem de modelagem representa melhor as dinâmicas do surto inicial da influenza?

4. **Varredura de Parâmetros para β e ω**

Crie uma grade de parâmetros (por exemplo, $\beta = [0, 2, 0, 4, 0, 6]$, $\omega = [0, 1, 0, 2, 0, 3]$) e execute simulações ao longo de 10 anos. Registre a frequência dos surtos e o máximo de $I(t)$ para cada combinação. Visualize com mapas de calor ou tabelas.

Pergunta: Quais pares de β e ω resultam em surtos mais frequentes ou graves de influenza no curto prazo?

5. **Análise do Retrato de Fase**

Plote trajetórias de S vs. I para múltiplas condições iniciais (por exemplo, 3 pares diferentes de $S(0)$, $E(0)$) ao longo de 10 anos. Examine o comportamento transiente inicial. As trajetórias sugerem uma tendência de equilíbrio?

Pergunta: Como as condições iniciais moldam as dinâmicas iniciais da influenza?

6. **Calcular o Tempo Entre o Primeiro e o Segundo Picos**

Modifique seu código para detectar picos em $I(t)$. Teste $\sigma = 0, 2, 0, 5, 1, 0$ ao longo de 10 anos e meça o intervalo entre o primeiro e o segundo picos. Plote $I(t)$ e relate os resultados.

Pergunta: Como o período de incubação afeta o momento do segundo surto de influenza?

7. **Efeito do Período de Incubação (σ)**

Simule com $\sigma = 0, 2, 0, 5, 1, 0$ usando EDOs ao longo de 10 anos. Plote $I(t)$ e compare o momento e a intensidade do primeiro surto.

Pergunta: Um período de incubação mais curto acelera a propagação inicial da influenza?

8. **Modelagem de Vacinação**

Adicione um termo de vacinação às EDOs (por exemplo, $-vS$ em dS/dt , $+vS$ em dR/dt). Teste $v = 0, 05, 0, 1$ ao longo de 10 anos. Plote $I(t)$ e avalie a redução ou atraso dos surtos.

Pergunta: Qual taxa de vacinação minimiza os surtos iniciais de influenza?

9. **Número Básico de Reprodução (R_0)**

Calcule $R_0 = \beta/\gamma \cdot \sigma/(\sigma + \mu)$ para vários valores de β , σ , γ . Simule ao longo de 10 anos e correlacione R_0 com o crescimento inicial de $I(t)$.

Pergunta: Como R_0 prediz a propagação inicial da influenza?

10. **Sensibilidade ao Passo de Tempo**

No modelo de equações de diferenças, teste passos de tempo (por exemplo,

$dt = 0, 1, 0, 5, 1$ dia) ao longo de 10 anos. Compare $I(t)$ com a solução das EDOs.

Pergunta: Como o tamanho do passo de tempo impacta a precisão das previsões de curto prazo da influenza?

11. Comportamento Oscilatório Inicial

Use EDOs para simular ao longo de 10 anos com parâmetros padrão. Verifique $I(t)$ quanto a padrões oscilatórios e estime o período dos ciclos iniciais.

Pergunta: A influenza apresenta comportamento oscilatório no curto prazo?

12. Sensibilidade de β na Gravidade do Surto

Varie β de 0,1 a 0,8 em incrementos (por exemplo, 0,1) ao longo de 10 anos. Registre o máximo de $I(t)$ para cada um e plote β vs. máximo de $I(t)$.

Pergunta: Como a taxa de infecção influencia os níveis máximos de infecção?

13. Exploração Interativa de Parâmetros (Opcional)

Use controles deslizantes do `matplotlib` para ajustar β e ω interativamente ao longo de 10 anos. Atualize os gráficos de $I(t)$ em tempo real.

Pergunta: Quais parâmetros mais afetam os padrões de surto de influenza no curto prazo?

14. Ajuste do Modelo aos Dados

Ajuste o modelo a um conjunto de dados de influenza de 10 anos ajustando β , ω , σ . Compare $I(t)$ modelado e real.

Pergunta: O modelo SEIRS pode refletir com precisão as tendências reais da influenza ao longo de uma década?

12 Modelo SEIRS Demográfico e Sazonal

12.1 Descrição do Modelo

Faremos agora as seguintes adições ao modelo SEIRS clássico de modo a torná-lo ainda mais realista:

(i) Sazonalidade: a taxa de transmissão β agora varia com o tempo.

(ii) Demografia: Nascimentos, mortes causadas pela doença e mortes por outras causas. Suporemos que $N = S + E + I + R$ não é mais necessariamente constante.

As infecções sazonais de humanos variam de doenças infantis, como sarampo, difteria e catapora, a infecções fecais-orais, como cólera e rotavírus, doenças transmitidas por vetores, tais como malária e dengue, além de gonorreia sexualmente

transmitida. Apesar da frequência desse fenômeno, as causas e consequências dos padrões sazonais de transmissão ainda são pouco compreendidas [43]. A descrição que faremos pode ser descrita com uma ferramenta que é capaz de modelar SEIRS sazonal e demográfico. É importante notar, no entanto, que mesmo para modelar sazonalidade, é aconselhável partir de uma modificação do modelo mais simples SIR e adicionar as modificações somente se os dados empíricos associados forem disponíveis e as alterações resultantes nas simulações forem realmente relevantes. Na nossa metodologia, tal abordagem é sempre possível, bastando atribuir o valor zero aos parâmetros σ , ω , γ ou ϵ , de acordo com o modelo de interesse, além de excluir os compartimentos E ou R , de acordo com o modelo a ser estudado. Por exemplo, modelos SIR com demografia, modelos SIS (Suscetível-Infetado-Suscetível) e outras extensões aplicáveis em ecologia podem ser encontrados em [12].

Uma primeira tentativa para modelar a sazonalidade na taxa de transmissão $\beta(t)$ consiste em definir uma dependência harmônica da forma [67]:

$$\beta(t) = \beta_0 \left[1 + \epsilon \cos \left(\frac{2\pi t}{365} \right) \right], \quad (89)$$

sendo β_0 a taxa basal de transmissão e ϵ a amplitude sazonal ($0 < \epsilon < 1$). Tal hipótese é uma aproximação que pode não ser conveniente para as diferentes doenças infecciosas, para as quais a forma funcional adequada depende de causas específicas da sazonalidade. Uma forma mais realista para $\beta(t)$ para diversas doenças infecciosas é aquela que está associada a períodos escolares, tal como [52]

$$\beta(t) = A [1 + \epsilon h(t)], \quad (90)$$

sendo $h(t) = 1$ o período de aulas e $h(t) = -1$ em feriados e férias escolares.

Supondo transmissão por frequência (veja a Subseção 8.2), e usando o formalismo de equações de diferenças, o sistema que governa a dinâmica da epidemia é definido pelas seguintes equações:

$$S_{n+1} = S_n + \nu N_n - \beta_n S_n \frac{I_n}{N_n} - \mu S_n + \omega R_n, \quad (91)$$

$$E_{n+1} = E_n + \beta_n S_n \frac{I_n}{N_n} - (\sigma + \mu) E_n, \quad (92)$$

$$I_{n+1} = I_n + \sigma E_n - (\gamma + \mu + \alpha) I_n, \quad (93)$$

$$R_{n+1} = R_n + \gamma I_n - (\mu + \omega) R_n, \quad (94)$$

$$N_{n+1} = S_{n+1} + E_{n+1} + I_{n+1} + R_{n+1}, \quad (95)$$

onde os termos e parâmetros são:

- S_n : suscetíveis no tempo n ,

- E_n : expostos no tempo n ,
- I_n : infectados no tempo n ,
- R_n : recuperados no tempo n ,
- $N_n = S_n + E_n + I_n + R_n$: tamanho total da população no tempo n ,
- ν : taxa de natalidade proporcional por passo de tempo,
- β_n : taxa de transmissão sazonal no tempo n ,
- μ : taxa de mortalidade natural por causas não relacionadas à doença,
- α : taxa de mortalidade adicional pela doença (aplicada aos infectados),
- σ : proporção de expostos que se tornam infectados por passo,
- γ : proporção de infectados que se recuperam por passo,
- ω : proporção de recuperados que perdem imunidade por passo.

12.2 Modelo SEIRS Demográfico e Sazonal no Python

Uma implementação em Python deste modelo discreto, usando (89) pode ser encontrada no arquivo `seirs_dem_saz.ipynb` em [74]. Como exemplo, utilizaremos os seguintes parâmetros, que poderiam ser associados à gripe sazonal (influenza):

1. $\beta_0 = 0,25$: Taxa basal de transmissão.
2. $\epsilon = 0,4$: Amplitude sazonal. Representa uma variação de 40% na taxa de transmissão, consistente com os picos pronunciados de gripe durante o inverno ou a estação chuvosa em regiões tropicais.
3. $\nu = 0,000038$: Taxa de natalidade por dia. Equivale a aproximadamente 1.4% ao ano ($\nu \times 365 \approx 0.0139$).
4. $\mu = 0,000022$: Taxa de mortalidade natural por dia. Corresponde a cerca de 0.8% ao ano ($\mu \times 365 \approx 0.008$), compatível com uma expectativa de vida média de aproximadamente 75 anos no Brasil.
5. $\alpha = 0,00005$: Taxa de mortalidade pela doença por dia em infectados. Representa uma letalidade média diária de 0.05% durante a infecção.
6. $\sigma = 1/4$: Taxa de progressão de expostos para infectados. Equivale a um período médio de incubação de 4 dias, consistente com dados clínicos da influenza, que variam entre 1 e 4 dias.

7. $\gamma = 1/6$: Taxa de recuperação. Corresponde a uma duração média da infecção de 6 dias, típica da gripe sazonal em casos não complicados.
8. $\omega = 1/365$: Taxa de perda de imunidade por dia. Implica que a imunidade é perdida em aproximadamente 1 ano.
9. $S_0 = 95000$: Número inicial de suscetíveis. Representa 95% da população inicial de 100,000, assumindo que 5% estão imunizados no início, refletindo uma população parcialmente protegida por infecções ou vacinações anteriores.
10. $E_0 = 100, I_0 = 50$: Números iniciais de expostos e infectados.
11. $N_0 = 100000$: População inicial.
12. Dias = 365×6 : Período de simulação.

O gráfico que apresenta os surtos é mostrado na Figura 55.

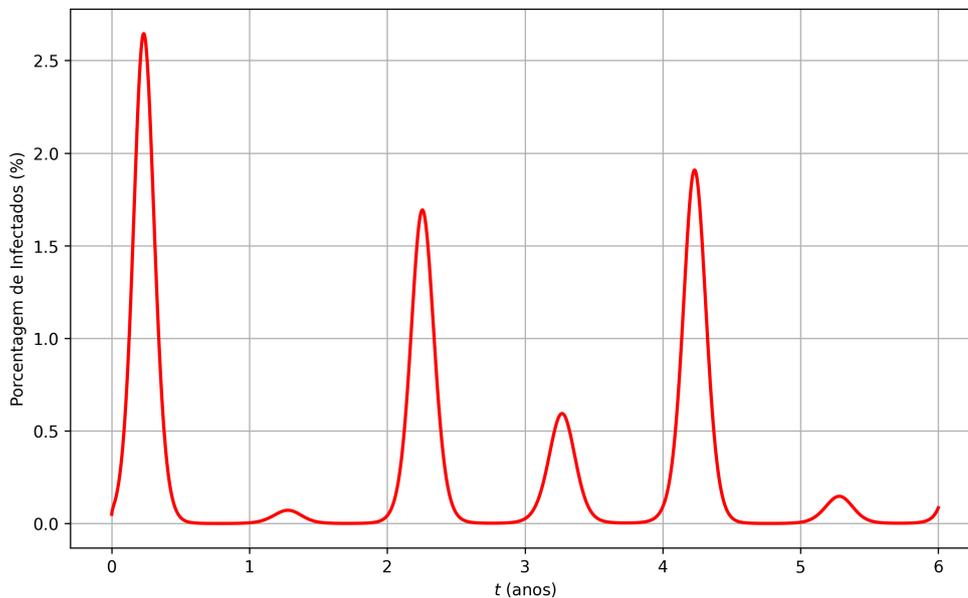


Figura 55: Surtos no modelo de gripe sazonal com demografia com $\beta(t)$ dado por (89).

Usemos agora $\beta(t)$ dado por (90), com $h(t)$ especificado na Tabela 6. A implementação do código Python correspondente agora está no arquivo `seirs_saz_intervalos.ipynb` em [74]. Nesse código, inserimos também o cálculo dos intervalos interepidêmicos relevantes. Usando os mesmos parâmetros e condições iniciais do exemplo anterior, obtemos o gráfico mostrado na Figura 56.

Período	Dias (aproximados)	$h(t)$	Descrição
1 jan - 15 fev	1–46 (46 dias)	0	Férias de verão
16 fev - 30 jun	47–181 (135 dias)	1	Período de aulas
1 jul - 15 jul	182–196 (15 dias)	0	Férias de julho
16 jul - 15 dez	197–349 (153 dias)	1	Período de aulas
16 dez - 31 dez	350–365 (16 dias)	0	Férias de verão

Tabela 6: Definição de $h(t)$ com base no calendário escolar típico do Brasil.

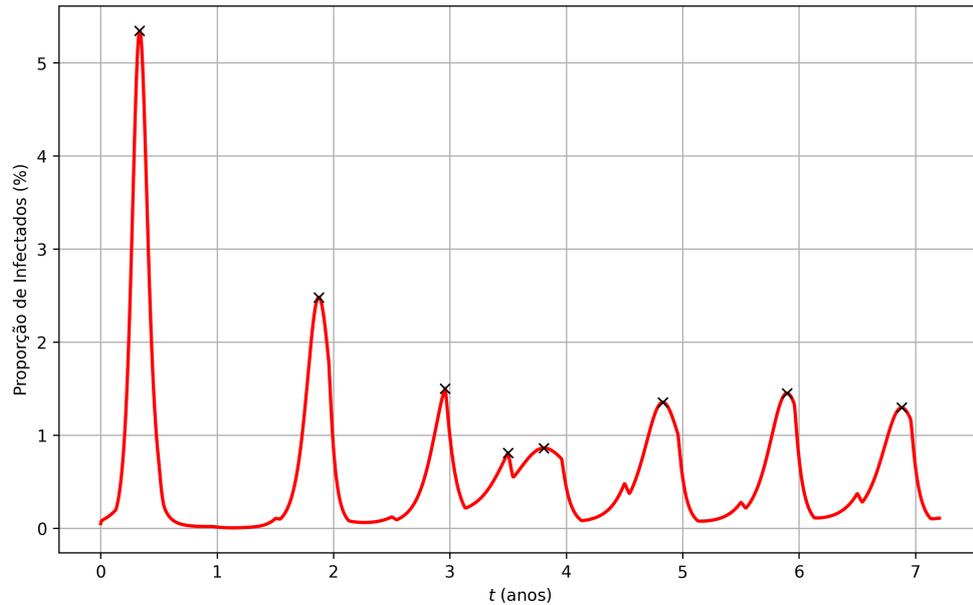


Figura 56: Surtos no modelo de gripe sazonal com demografia com $\beta(t)$ dado por (90), com dados da Tabela 6.

Os intervalos entre os máximos marcados na Figura 56, assim como os respectivos dias, são dados por:

Picos relevantes de $I(t)/N$ (%):

Pico 1: Dia 122 (0.33 anos), $I/N = 5.34\%$

Pico 2: Dia 684 (1.87 anos), $I/N = 2.48\%$

Pico 3: Dia 1080 (2.96 anos), $I/N = 1.50\%$

Pico 4: Dia 1277 (3.50 anos), $I/N = 0.81\%$

Pico 5: Dia 1390 (3.81 anos), $I/N = 0.86\%$

Pico 6: Dia 1763 (4.83 anos), $I/N = 1.35\%$

Pico 7: Dia 2152 (5.90 anos), $I/N = 1.45\%$

Intervalos interepidêmicos (em dias e anos):

Intervalo 1: 562 dias (1.54 anos)

Intervalo 2: 396 dias (1.08 anos)
 Intervalo 3: 197 dias (0.54 anos)
 Intervalo 4: 113 dias (0.31 anos)
 Intervalo 5: 373 dias (1.02 anos)
 Intervalo 6: 389 dias (1.07 anos)

A discrepância dos resultados usando cada um dos tipos de transmissão mostra a importância da escolha adequada de $\beta(t)$. É interessante observar, nesse último caso, que o regime transiente é de duração considerável (4,5 anos). Como esperado, as oscilações estacionárias têm período igual àquele de $\beta(t)$ (1 ano).

12.3 Atividades: SIR, SEIR e SEIRS com sazonalidade em Python

Nos problemas abaixo, use o modelo de transmissão dependente da frequência, a menos que mencionado ao contrário.

1. SEIRS Sazonal para Influenza

Use um modelo SEIRS discreto sazonal em Python com $\beta(t)$ dado pela (90), baseado no calendário escolar brasileiro ($h(t) = 1$ em dias de aula, $h(t) = 0$ em férias). Parâmetros típicos da influenza: $A = 0.5$, $\epsilon = 0.6$, $\nu = 0.000038$, $\mu = 0.000022$, $\alpha = 0.00005$, $\sigma = 1/2$, $\gamma = 1/5$, $\omega = 1/365$, $N_0 = 100000$, $S_0 = 99500$, $E_0 = 400$, $I_0 = 100$. Plote $I(t)/N$ em porcentagem e calcule os intervalos interepidêmicos relevantes (height = 0.5%, distance = 90, prominence = 0.1%).

Pergunta: Como a sazonalidade escolar afeta os intervalos interepidêmicos da influenza?

2. SEIRS Sazonal para COVID-19

Adapte o modelo SEIRS discreto com parâmetros típicos do COVID-19, com $\beta(t)$ dado pela (90), calendário escolar brasileiro (Atividade 1) e $A = 0.6$, $\epsilon = 0.4$, $\nu = 0.000038$, $\mu = 0.000022$, $\alpha = 0.0001$, $\sigma = 1/5$, $\gamma = 1/10$, $\omega = 1/180$, $N_0 = 100000$, $S_0 = 99500$, $E_0 = 400$, $I_0 = 100$. Plote $I(t)/N$ e calcule os intervalos interepidêmicos.

Pergunta: Por que os intervalos interepidêmicos do COVID-19 diferem dos da influenza neste modelo?

3. SEIRS Sazonal para Sarampo

Use o modelo SEIRS discreto sazonal com parâmetros típicos do sarampo, com $\beta(t)$ dado pela (90), calendário escolar brasileiro, $A = 0.8$, $\epsilon = 0.5$, $\nu = 0.000038$, $\mu = 0.000022$, $\alpha = 0.00001$, $\sigma = 1/8$, $\gamma = 1/7$, $\omega = 1/730$, $N_0 = 100000$, $S_0 = 99500$, $E_0 = 400$, $I_0 = 100$. Plote $I(t)/N$ e calcule os intervalos interepidêmicos.

Pergunta: Como a longa imunidade do sarampo ($\omega = 1/730$) influencia os surtos em comparação com a influenza?

4. **SIR Sazonal para Influenza sem Demografia**

Implemente um modelo SIR discreto sazonal sem demografia, com $A = 0,5$, $\epsilon = 0,6$, $\gamma = 1/5$, $N = 100000$ (constante), $S_0 = 99500$, $I_0 = 500$, com $\beta(t)$ dado pela (90), calendário escolar brasileiro. Plote $I(t)/N$ e identifique os picos relevantes.

Pergunta: Como a ausência de demografia altera a dinâmica da influenza em relação ao modelo SEIRS do item 1?

5. **SIR Sazonal para COVID-19 sem Demografia**

Codifique um modelo SIR discreto sazonal sem demografia, com $\beta(t)$ dado pela (90), calendário escolar brasileiro, $A = 0,6$, $\epsilon = 0,4$, $\gamma = 1/10$, $N = 100000$ (constante), $S_0 = 99500$, $I_0 = 500$. Plote $I(t)/N$ e calcule os intervalos interepidêmicos.

Pergunta: Qual é o impacto da maior taxa de transmissão do COVID-19 ($A = 0.6$) nos picos em comparação com a influenza do item 4?

6. **SIR Sazonal para Sarampo sem Demografia**

Use um modelo SIR discreto sazonal sem demografia, com $\beta(t)$ dado pela equação (90), calendário escolar brasileiro e $A = 0.8$, $\epsilon = 0.5$, $\gamma = 1/7$, $N = 100000$ (constante), $S_0 = 99500$, $I_0 = 500$. Plote $I(t)/N$ e identifique os picos.

Pergunta: Por que o sarampo apresenta surtos mais intensos que o COVID-19 neste modelo simplificado?

7. **SEIR Sazonal para Influenza sem Demografia**

Use um modelo SEIR discreto sazonal sem demografia, com $\beta(t)$ dado pela (90), calendário escolar brasileiro, $A = 0,4$ e $\epsilon = 0,6$, $\sigma = 1/2$, $\gamma = 1/5$, $N = 100000$, $S_0 = 99400$, $E_0 = 100$, $I_0 = 500$. Plote $I(t)/N$ e calcule os intervalos interepidêmicos.

Pergunta: Como a latência ($\sigma = 1/2$) afeta os surtos em comparação com o SIR do item 4?

8. **SEIR Sazonal para COVID-19 sem Demografia**

Implemente um modelo SEIR discreto sazonal sem demografia, com $\beta(t)$ dado pela (90), calendário escolar brasileiro e $A = 0,6$, $\epsilon = 0,4$, $\sigma = 1/5$, $\gamma = 1/10$, $N = 100000$, $S_0 = 99400$, $E_0 = 100$, $I_0 = 500$. Plote $I(t)/N$ e calcule os intervalos interepidêmicos.

Pergunta: Qual é o efeito do período de latência mais longo do COVID-19 ($\sigma = 1/5$) nos intervalos interepidêmicos?

9. **SEIR Sazonal para Sarampo sem Demografia**

Use um modelo SEIR discreto sazonal, sem demografia, com $h(t)$ dado por (89), com $A = 0,8$, $\epsilon = 0,5$, $\sigma = 1/8$, $\gamma = 1/7$, $N = 100000$, $S_0 = 99400$, $E_0 = 100$, $I_0 = 500$. Plote $I(t)/N$ e calcule os intervalos interepidêmicos.

Pergunta: Como a combinação de alta transmissibilidade e latência longa influencia os surtos de sarampo?

10. SEIR Sazonal para Sarampo sem Demografia

Use um modelo SEIR discreto sazonal, sem demografia, com $h(t)$ dado pela (90), calendário escolar brasileiro e $A = 0.8$, $\epsilon = 0.5$, $\sigma = 1/8$, $\gamma = 1/7$, $N = 100000$ (constante), $S_0 = 99400$, $E_0 = 100$, $I_0 = 500$. Plote $I(t)/N$ e calcule os intervalos interepidêmicos.

Pergunta: Como a combinação de alta transmissibilidade e latência longa influencia os surtos de sarampo?

11. SEIR Sazonal com Demografia para Gripe em Pássaros

Aplique o modelo SEIR discreto sazonal com demografia para simular a epidemia de gripe aviária em uma população de um bando migratório de um tipo de pássaros ($N_0 = 10000$, $S_0 = 9900$, $E_0 = 50$, $I_0 = 50$) ao longo de 10 anos. Parâmetros: $A = 0,4$, $\epsilon = 0,3$, $\nu = 0,0001$, $\mu = 0,00005$, $\alpha = 0,0002$, $\sigma = 1/10$, $\gamma = 1/14$. Faça experimentos com $h(t)$ similar àquele por (89) e também por (90), para refletir períodos de migração (e.g., $h(t) = 1$ de março a outubro, $h(t) = 0$ em outros meses). Plote $I(t)/N$ e calcule os intervalos interepidêmicos.

Perguntas: Como a demografia e a sazonalidade de migração afetam a persistência da doença entre os pássaros? Por quê o modelo de transmissão por frequência é mais adequado do que o de densidade?

12. Intervalos Interepidêmicos no Modelo SEIRS

No problema da Atividade 1, identifique os picos de $I(t)$, use agora o comando `scipy.signal.find_peaks` e calcule os intervalos interepidêmicos (tempo entre picos consecutivos). Simule por 10 anos (3650 dias) para capturar múltiplos surtos.

Pergunta: Quais são os intervalos interepidêmicos? Como a amplitude da sazonalidade (ϵ) afeta esse intervalo?

13. Intervalos Interepidêmicos no Modelo SIR Discreto (Densidade)

Utilize o modelo discreto para transmissão dependente da densidade, com $h(t)$ dado pela equação (89) e $A = 0,0003$, $\epsilon = 0,2$, $\gamma = 0,1$, $\beta = 1$. Simule por 10 anos e calcule os intervalos interepidêmicos.

Pergunta: Como a transmissão dependente da densidade afeta os intervalos interepidêmicos no modelo discreto em comparação com a transmissão dependente da frequência?

14. SEIR Contínuo com Sazonalidade, sem Demografia

Utilize o modelo SEIR contínuo, com $h(t)$ dado pela equação (89) e $A = 0,3$, $\epsilon = 0,2$, $\sigma = 0,2$, $\gamma = 0,1$, $S_0 = 0,99N$, $E_0 = 0$, $I_0 = 0,01N$, $R_0 = 0$, $N = 1000$. Simule por 5 anos e plote $I(t)$.

Pergunta: Como o compartimento de expostos (E) afeta a dinâmica de $I(t)$ no modelo SEIR com sazonalidade e transmissão dependente da frequência?

15. **SEIR Discreto com Sazonalidade, sem Demografia (Densidade)**
Usando o modelo SEIR discreto, com $h(t)$ dado pela equação (89) e $A = 0, 2$, $\epsilon = 0, 2$, $\gamma = 0, 1$, simule por 5 anos e plote $I(t)$.
Pergunta: Como a transmissão dependente da densidade influencia a dinâmica do modelo SEIR discreto com sazonalidade em comparação com a transmissão dependente da frequência?
16. **SEIRS Contínuo com Sazonalidade, sem Demografia**
Usando o modelo SEIRS contínuo, com $h(t)$ dado pela equação (89), $A = 0, 3$, $\epsilon = 0, 2$, $\sigma = 0, 2$, $\gamma = 0, 1$, $\delta = 0, 05$, $S_0 = 0, 99N$, $E_0 = 0$, $I_0 = 0, 01N$, $R_0 = 0$, $N = 1000$. Simule por 5 anos e plote $I(t)$.
Pergunta: Como a perda de imunidade (δ) afeta a dinâmica de $I(t)$ no modelo SEIRS com sazonalidade e transmissão dependente da frequência?
17. **Retrato de Fase S vs. I no Modelo SIR Contínuo, sem demografia**
No modelo SIR contínuo com sazonalidade da Atividade 5, simule por 5 anos e plote o retrato de fase $S(t)$ vs. $I(t)$. Teste diferentes condições iniciais: $S_0 = 0, 99N$, $I_0 = 0, 01N$, e $S_0 = 0, 5N$, $I_0 = 0, 1N$, $R_0 = 0, 4N$.
Pergunta: Como as condições iniciais afetam as trajetórias no espaço de fase do modelo SIR com sazonalidade? As trajetórias mostram comportamento cíclico devido à sazonalidade?
18. **Retrato de Fase E vs. I no Modelo SEIR Discreto (Densidade), sem Demografia**
No modelo SEIR discreto com sazonalidade da Atividade 7, simule por 5 anos e plote o retrato de fase $E(t)$ vs. $I(t)$. Teste diferentes valores de ϵ : $\epsilon = 0, 1$, $\epsilon = 0, 2$, $\epsilon = 0, 3$.
Pergunta: Como a amplitude da sazonalidade (β_1) afeta as trajetórias no espaço de fase E vs. I ?
19. **Equilíbrio Epidêmico no Modelo SEIRS Contínuo (Frequência)**
No modelo SEIRS contínuo da Atividade 16, simule por 20 anos (7300 dias) para alcançar o equilíbrio epidêmico. Registre os valores médios de S , E , I , e R nos últimos 5 anos (média sobre os ciclos sazonais).
Pergunta: O modelo SEIRS com sazonalidade exibe um equilíbrio epidêmico estável?
20. **Pontos de Equilíbrio no Modelo SIR Contínuo (Densidade), sem Demografia**
No modelo SIR contínuo com sazonalidade dada pela equação (89) e transmissão dependente da densidade ($\beta(t)SI$), determine o tempo para que

ocorra o equilíbrio livre de doença (ELD): $I = 0$, $S = N$, $R = 0$. Simule com $I_0 = 0$, $S_0 = 1000$, $R_0 = 0$, $A = 0,0003$, $\epsilon = 0,2$, $\gamma = 0,1$, por 5 anos. Em seguida, introduza $I_0 = 10$ e simule novamente.

Pergunta: O ELD é estável no modelo SIR com sazonalidade e transmissão dependente da densidade? O que acontece quando introduzimos infecciosos?

21. Bifurcação no Modelo SEIR Contínuo sem Demografia

No modelo SEIR contínuo sazonal, com $\beta(t)$ dado por (90), varie A de 0.05 a 0.5 em incrementos de 0.01, com $\epsilon = 0.4$. Para cada valor, simule por 10 anos, registre o valor máximo e mínimo de $I(t)$ nos últimos 5 anos (após o transiente), e plote I_{\max} e I_{\min} contra A .

Pergunta: O modelo SEIR com sazonalidade exibe comportamento de bifurcação à medida que β_0 aumenta? Como a sazonalidade contribui para esse comportamento?

22. Bifurcação no Modelo SEIRS Discreto, sem demografia (Densidade)

Utilize o modelo SEIRS discreto para transmissão dependente da densidade, com $\beta(t)$ dado por (89), $\epsilon = 0,2$, $\sigma = 0,2$, $\gamma = 0.1$, $\delta = 0,05$, $\omega = 1$. Varie A de 0,0001 a 0,0005 e plote o diagrama de fase de $I(t) \times S(t)$.

Pergunta: O modelo SEIRS discreto com transmissão dependente da densidade exibe bifurcação? Como isso se compara com o modelo contínuo?

23. Sensitividade de Parâmetros no Modelo SIR Contínuo sem Demografia

No modelo SIR contínuo sazonal da Atividade 4, varie ϵ : $\epsilon = 0,1$, $\epsilon = 0,2$, $\epsilon = 0,3$. Simule por 5 anos e calcule o pico médio de $I(t)$ (média dos picos anuais). Plote o pico médio contra ϵ .

Pergunta: Como a amplitude da sazonalidade (ϵ) afeta a severidade dos surtos no modelo SIR contínuo? Isso é esperado?

24. Sensitividade de Parâmetros no Modelo SEIR Sazonal Discreto (Densidade)

No modelo SEIR discreto sazonal, com $\beta(t)$ dado por (90), $A = 0,0002$, $\epsilon = 0,3$ varie σ : $\sigma = 0,1$, $\sigma = 0,2$, $\sigma = 0,3$. Simule por 5 anos e calcule o intervalo interepidêmico médio. Plote o intervalo contra σ .

Pergunta: Como a taxa de incubação (σ) afeta os intervalos interepidêmicos no modelo SEIR sazonal discreto com transmissão dependente da densidade? Por que isso ocorre?

25. Comparação de Transmissão Frequência vs. Densidade no Modelo SEIRS Contínuo

No modelo SEIRS contínuo sazonal com $\beta(t)$ dado por (90), implemente duas versões: uma com transmissão dependente da frequência ($\beta(t)S\frac{I}{N}$) e outra com transmissão dependente da densidade ($\beta(t)SI$). Use $A = 0,3$

(frequência), $A = 0,0003$ (densidade), $\epsilon = 0,2$, $\sigma = 0,2$, $\gamma = 0,1$, $\delta = 0,05$. Simule por 5 anos e calcule os intervalos interepidêmicos e os picos de $I(t)$. *Pergunta: Como a forma de transmissão (frequência vs. densidade) afeta os intervalos interepidêmicos e a severidade dos surtos no modelo SEIRS com sazonalidade dada pela equação (89)?*

13 Modelo SI Logístico Misto com Sazonalidade

13.1 Descrição do modelo

Como observou Ryder [73], nos modelos mais básicos apropriados ao estudo de doenças em populações animais, tais como relações hospedeiro-parasita, a taxa de transmissão aumenta linearmente com a densidade da população. No caso de transmissão direta, tal suposição é equivalente a supor que a taxa de contatos entre hospedeiro e parasitas é proporcional à densidade populacional. Um dos refinamentos mais simples para tal modelo é supor que há, adicionalmente, uma componente de transmissão dependente da frequência. Em tal modelo, a componente dependente da frequência torna-se importante quando a densidade populacional torna-se baixa. Similarmente, a componente de transmissão dependente da densidade torna-se dominante quando a densidade populacional aumenta. Uma descrição de casos reais nos quais tal modelo é aplicável pode ser encontrada em [73] e referências relacionadas. Ryder, em especial, estudou um modelo SI (Suscetível–Infectado), logístico, não sazonal, demográfico, que descreve a dinâmica de uma população onde os indivíduos infectados não têm possibilidade de recuperação.

Faremos aqui uma generalização desse modelo heterogêneo adicionando a componente da sazonalidade no termo de transmissão dependente da densidade. Em outras palavras, apresentaremos um modelo SI com as características:

- Dois compartimentos somente: suscetíveis (S) e infectados (I).
- Logístico: o sistema tem limite de suporte para a população.
- Demográfico: temos nascimentos, mortes por várias causas e mortes induzidas pela doença.
- Sazonal: a taxa de infecção é dependente do tempo, periódica.
- Transmissão dependente da frequência e da densidade: o modelo é heterogêneo na transmissão da doença, dependendo da frequência de contatos e ou densidade da população.

Tal modelo de transmissão mista é aplicável a doenças sexualmente transmissíveis (DSTs) em certas espécies de hospedeiros e parasitas, quando os indivíduos possuem tipicamente um comportamento reprodutivo dependente tanto da

frequência como da densidade (veja, por exemplo, [85]). Novamente, suporemos uma transmissão dependente da frequência, ou seja, proporcional à fração de indivíduos infectados na população, com um termo sazonal. Aqui o tamanho da população é dado por

$$N(t) = S(t) + I(t), \quad (96)$$

sendo $S(t)$ e $I(t)$ o número de indivíduos suscetíveis e infectados, respectivamente, na população. O diagrama de blocos do modelo é mostrado na Figura 57.

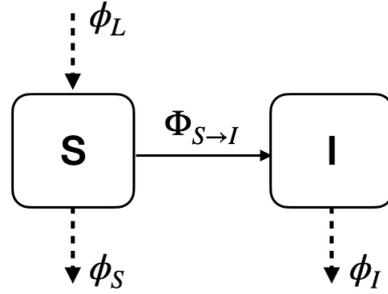


Figura 57: Modelo SI logístico, com sazonalidade e demografia.

Os fluxos nessa figura são:

$$\Phi_{S \rightarrow I} = \left(\frac{\beta_f}{N} + \beta_d c(t) \right) SI, \quad (97)$$

$$\phi_L = N \left(\nu - \frac{\nu - \mu}{K} N \right), \quad \phi_S = \mu S, \quad \phi_I = (\alpha + \mu) I, \quad (98)$$

onde os parâmetros são definidos como:

- ν : Taxa de natalidade intrínseca por indivíduo (em dias⁻¹),
- μ : Taxa de mortalidade natural por indivíduo (em dias⁻¹),
- K : Capacidade de suporte da população (número máximo de indivíduos),
- β_f : Taxa de transmissão dependente da frequência (não sazonal, em dias⁻¹),
- β_d : Taxa de transmissão dependente da densidade (sazonal, em dias⁻¹),
- $c(t)$: Função sazonal que modula a transmissão dependente da densidade,
- α : Taxa de mortalidade adicional devido à infecção (em dias⁻¹).

As correspondentes equações de diferenças são:

$$S_{n+1} = S_n - \Phi_{S \rightarrow I} + (\phi_L - \phi_S), \quad (99)$$

$$I_{n+1} = I_n + \Phi_{S \rightarrow I} - \phi_I, \quad (100)$$

ou, usando (97) e (98),

$$S_{n+1} = S_n + N_n \left(\nu - \frac{\nu - \mu}{K} N_n \right) - \left(\frac{\beta_f}{N_n} + \beta_d c(t) \right) S_n I_n + \mu S_n, \quad (101)$$

$$I_{n+1} = I_n + \left(\frac{\beta_f}{N_n} + \beta_d c(t) \right) S_n I_n - (\alpha + \mu) I_n, \quad (102)$$

$$N_{n+1} = S_{n+1} + I_{n+1}. \quad (103)$$

com $S_0 = N_0 - I_0$.

Em termos de equações diferenciais, temos:

$$\frac{dS}{dt} = N \left(\nu - \frac{N(\nu - \mu)}{K} \right) - \left(\frac{\beta_f}{N} + \beta_d c(t) \right) SI - \mu S, \quad (104)$$

$$\frac{dI}{dt} = \left(\frac{\beta_f}{N} + \beta_d c(t) \right) SI - (\mu + \alpha) I, \quad (105)$$

$$N = S + I, \quad (106)$$

com $S(0) = N(0) + I(0)$. É interessante notar que a equação (104) se reduz à forma usual da equação do crescimento logístico sem doença ($S = N$, $\beta_d = 0$, $\beta_f = 0$) [18]. Usaremos o seguinte modelo anual para a função $c(t)$ que define a sazonalidade da transmissão:

$$c(t) = c_0 \exp \left(- \frac{(t - 365 \lfloor t/365 \rfloor - t_{\max})^2}{2\sigma^2} \right), \quad (107)$$

sendo σ o desvio padrão da curva (largura) e t_{\max} a altura da função gaussiana.

Como exemplo, implementamos no arquivo SI1.ipynb do repositório [74], as

equações diferenciais (104) e (105). Usando parâmetros especificados a seguir:

$$\begin{aligned}\beta_f &= 0.07 \\ \beta_d &= 0.0007 \\ \mu &= 0.008 \\ \nu &= 0.022 \\ K &= 20000 \\ c_0 &= 2.9 \\ t_{max} &= 211 \\ \sigma &= 35 \\ \alpha &= 0.01 \\ N_0 &= 10000 \\ I_0 &= 27\% \\ T &= 3 \text{ anos}\end{aligned}$$

obtemos as saídas mostradas na Figura 58. Notamos aqui, no diagrama de fase a existência de um ciclo limite, correspondente à fase de oscilações estacionárias de $I(t)$ e $N(t)$ (estado assintótico oscilatório).

Uma análise de sensibilidade simples do modelo com relação à variação dos parâmetros é realizada em Python no arquivo `SI2.ipynb` no repositório [74]. Nesse arquivo podem ser postadas as sensibilidades univariadas de todos os parâmetros em forma gráfica. Como exemplo, mostramos como varia $N(t)$ quando variamos a taxa de natalidade ν na Figura 59.

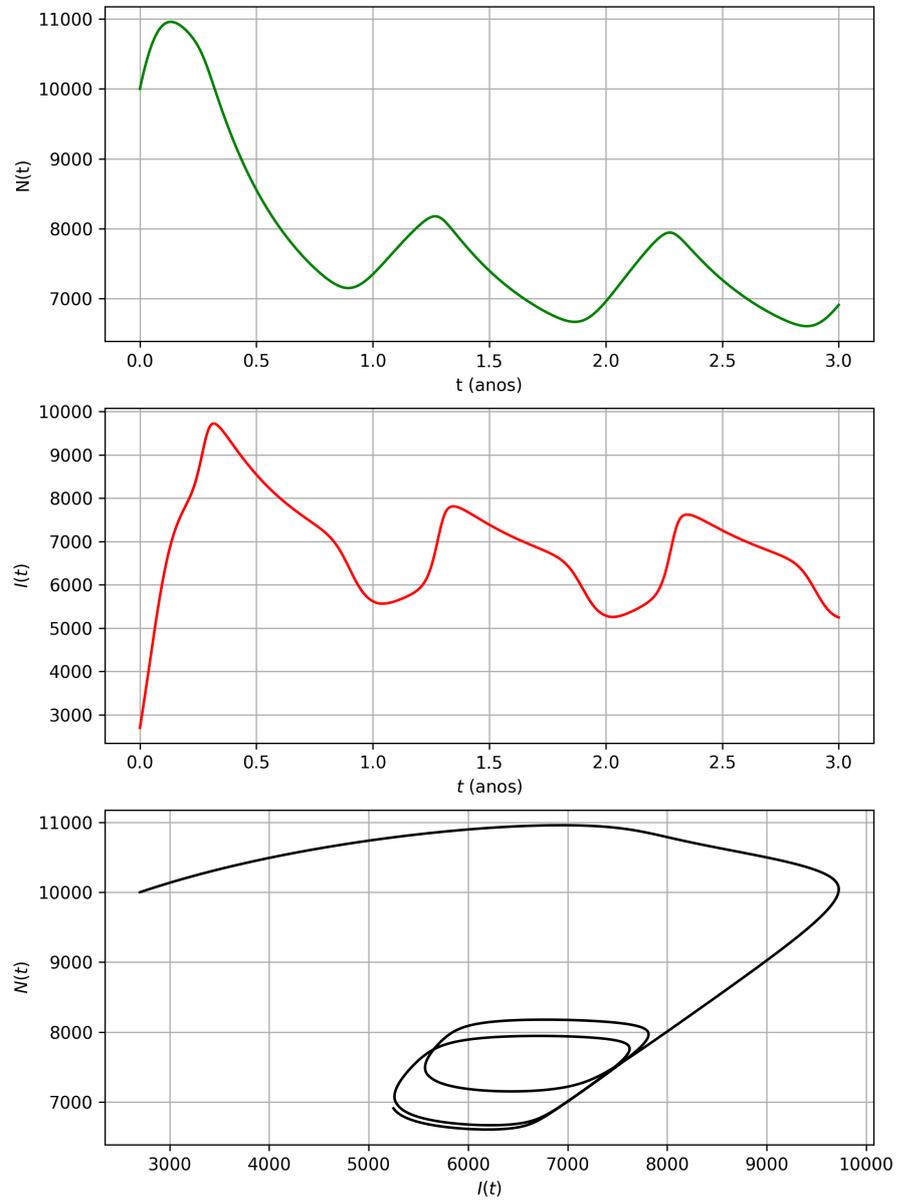


Figura 58: Gráficos para o modelo SI logístico, com sazonalidade e demografia.

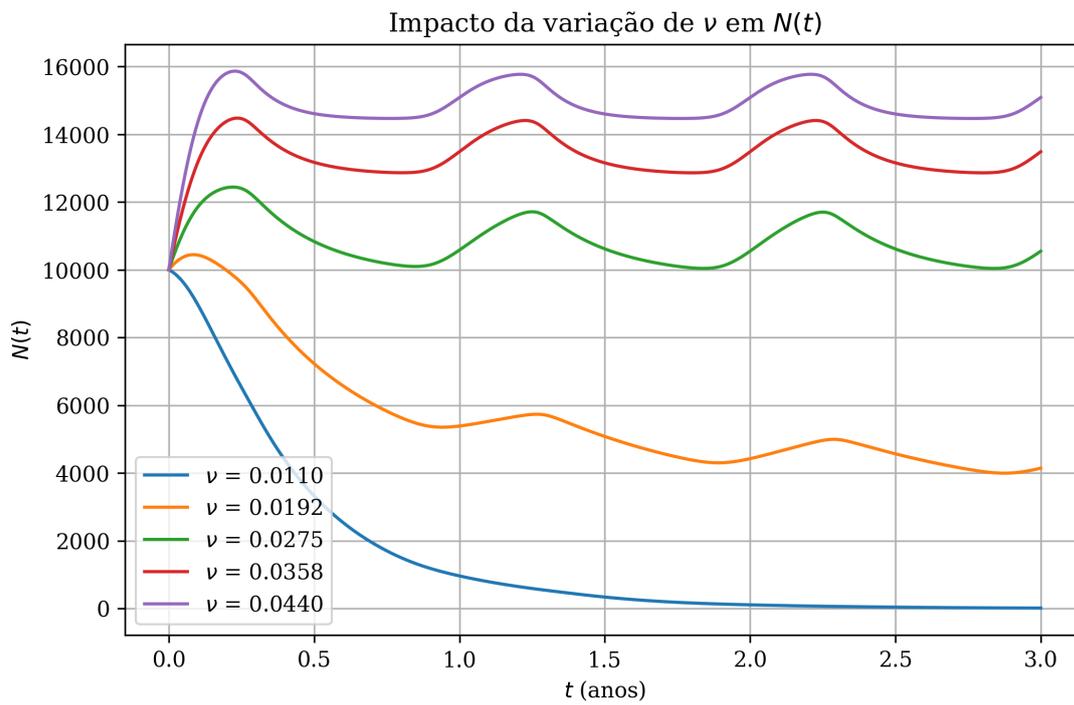


Figura 59: Sensibilidade de $N(t)$ relativamente à taxa de natalidade ν no modelo SI logístico, com sazonalidade e demografia.

13.2 Atividades: Modelo SI Misto em Python

Nos problemas abaixo, use o modelo de transmissão dependente da frequência, a menos que mencionado ao contrário.

1. Implementação Numérica do Modelo SI Logístico com Sazonalidade

Implemente o modelo SI logístico com sazonalidade (equações diferenciais) utilizando os parâmetros apresentados na seção e simule por 4 anos. Exiba graficamente as curvas de $S(t)$, $I(t)$ e $N(t)$.

Pergunta: Os resultados obtidos são consistentes com o esperado? Discuta os comportamentos observados.

2. Análise Discreta vs Contínua

Utilizando as equações de diferenças apresentadas, simule o modelo por 4 anos e compare com o resultado obtido pela resolução numérica das equações diferenciais.

Pergunta: Quais as principais diferenças observadas entre as abordagens contínua e discreta?

3. Análise de Sensibilidade ao Parâmetro β_d

Varie o parâmetro β_d (0.0003, 0.0007, 0.0011) e simule o modelo por 3 anos. Plote as curvas obtidas para $I(t)$.

Pergunta: Como o aumento da componente dependente da densidade afeta a dinâmica da infecção?

4. Impacto da Componente Dependente da Frequência

Fixando $\beta_d = 0$, varie o parâmetro β_f em três valores (0.05, 0.07, 0.09). Simule e compare as curvas de infectados $I(t)$ para 3 anos.

Pergunta: O que acontece com a dinâmica da infecção quando eliminamos a transmissão dependente da densidade?

5. Exploração do Termo de Mortalidade pela Infecção (α)

Realize simulações variando o parâmetro α em três níveis diferentes (0.005, 0.01, 0.02). Compare graficamente as populações infectadas após 3 anos.

Pergunta: Como a mortalidade adicional pela doença impacta a persistência da infecção na população?

6. Influência da Capacidade de Suporte (K)

Varie o valor de K para 10000, 20000 e 30000. Simule por 3 anos e apresente as curvas populacionais totais $N(t)$.

Pergunta: Como a capacidade de suporte influencia a dinâmica global da população no modelo SI logístico?

7. Impacto do Parâmetro de Mortalidade Natural (μ)

Varie μ em três níveis distintos (0.004, 0.008, 0.016) e simule o modelo por

3 anos. Compare graficamente os resultados para $S(t)$ e $I(t)$.

Pergunta: Que efeito tem a mortalidade natural sobre a propagação da doença no modelo SI sazonal?

8. Sensibilidade à Sazonalidade (Amplitude c_0)

Utilize três valores diferentes para c_0 (1.5, 2.9, 4.3) e analise graficamente as curvas obtidas para $I(t)$ em simulações de 3 anos.

Pergunta: Qual é o efeito da intensidade sazonal na dinâmica de infecção do modelo?

9. Mudança da Época do Pico de Sazonalidade (t_{max})

Simule o modelo variando t_{max} (150, 211, 270 dias) durante 3 anos. Avalie graficamente como isso afeta a dinâmica da população infectada.

Pergunta: A época do pico sazonal tem efeito significativo na dinâmica de longo prazo da infecção?

10. Efeito da Largura do Pico Sazonal (σ)

Varie o parâmetro σ (15, 35, 60 dias) e realize simulações por 3 anos. Compare graficamente as populações infectadas obtidas.

Pergunta: Como a largura temporal da função sazonal influencia a dinâmica dos surtos anuais?

11. Modelo SI Sem Sazonalidade vs Com Sazonalidade

Realize uma simulação comparativa utilizando o modelo SI sem sazonalidade (fixando $\beta_d c(t) = 0$) e com sazonalidade ($c_0 = 2.9$). Compare os resultados após 3 anos.

Pergunta: Quais são as principais diferenças entre um modelo sazonal e não sazonal em termos da dinâmica populacional de infectados?

12. Investigação do Termo Logístico na Dinâmica da População

Anule o termo logístico (fazendo $\nu = \mu$) e compare a dinâmica populacional resultante ao modelo logístico original.

Pergunta: Qual é o impacto de eliminar o crescimento logístico sobre a estabilidade da população no longo prazo?

13. Avaliação da Importância Relativa da Frequência e da Densidade

Utilize um método gráfico ou numérico para determinar qual termo (frequência ou densidade) domina a dinâmica de infecção sob diferentes regimes populacionais (N baixo, intermediário, alto).

Pergunta: Como os regimes populacionais influenciam a dominância relativa dos termos de transmissão?

14. Influência Combinada da Sazonalidade e Mortalidade Induzida pela Doença

Varie simultaneamente c_0 e α e investigue numericamente qual combinação

gera maior oscilação na população infectada.

Pergunta: Há algum cenário em que as oscilações populacionais tornam-se caóticas ou altamente instáveis?

14 Considerações Finais

A modelagem de epidemias é uma área de estudo que conecta matemática aplicada, biologia, ciência da computação e políticas públicas. Este trabalho, ao apresentar um guia didático para o uso do *Insight Maker* e de modelos discretos e contínuos em Python, oferece acesso a ferramentas de simulação epidemiológica a professores, estudantes e pesquisadores que não necessariamente têm conhecimento sobre a teoria de equações diferenciais. Por meio de uma abordagem prática e visual, exploramos conceitos complexos de dinâmica de doenças infecciosas, aplicáveis a populações humanas e sistemas ecológicos.

Este trabalho, na forma de tutorial, é dedicado a professores de ensino básico, alunos de graduação e profissionais de ciências biológicas. Ele apresenta com detalhe a construção de modelos epidêmicos usando modelagem baseada em agentes (MBA) e modelagem baseada em equações, em particular modelos compartimentais na forma discreta, usando equações de diferenças e contínua, usando equações diferenciais.

O professor, ao usar o presente material, pode optar por:

- Uma abordagem simples, que consiste em construir modelos que descreve séries temporais para variáveis compartimentais por meio do *Insight Maker* e equações de diferenças em Python. O objetivo aqui é descrever séries temporais para a evolução do número de indivíduos em cada compartimento. Mesmo em tal abordagem, modelos envolvendo demografia, sazonalidade e múltiplos compartimentos podem ser estudados.
- Uma abordagem mais matemática, que envolve equações de diferenças (modelos discretos) e/ou equações diferenciais (modelos contínuos), na qual conceitos como surto epidêmico, intervalo interepidêmico, equilíbrio endêmico, diagramas de fase, ponto fixo, atratores, equilíbrio estável e instável, bifurcação e caos, são estudados.

O estudo de modelos compartimentais apresenta aqui uma discussão detalhada dos conceitos de transmissão baseada em frequência e densidade e suas diferenças, um assunto cuja abordagem na literatura pode ser confusa para o iniciante. Embora muitos resultados obtidos nesse trabalho sejam inéditos, eles podem ser considerados como exercícios, resultantes de algumas dentre as vastas combinações possíveis de características de modelos epidêmicos. Nosso objetivo é fornecer ao leitor as ferramentas que podem ser utilizadas em diferentes situações práticas. As diversas atividades propostas ao fim de cada exposição de modelo são

sugestões para uma iniciação à pesquisa por parte dos alunos.

As construções utilizadas em Insight Maker estão cuidadosamente detalhadas e os códigos em Python, cuja construção não foi explicada passo a passo no texto, estão disponíveis no repositório Github em [74]. Todos os resultados numéricos aqui obtidos podem ser reproduzidos e os códigos modificados ou melhorados para novas investigações.

Referências

- [1] Laila Akerman, Juliane Callegaro Borsa, Ilana Landim, and Bheatrix Bienenmann. Brazilian caregivers' conception on child bullying. *Psicologia: Reflexao e Critica*, 31, 12 2018.
- [2] Elizabeth S. Allman and John A. Rhodes. *Mathematical Models in Biology: An Introduction*. Cambridge University Press, 2003.
- [3] Abdulla M. Alsharhan. Survey of agent-based simulations for modelling covid-19 pandemic. *Advances in Science, Technology and Engineering Systems Journal*, 6:439–447, 3 2021.
- [4] Gary An. Agent-based computer simulation and sirs: building a bridge between basic science and clinical trials. *Schock*, 16:266–273, 2001.
- [5] Carlos Andreu-Villarraig, Rafael J. Villanueva, and Gilberto González-Parra. Mathematical modeling for estimating influenza vaccine efficacy: A case study of the valencian community, spain. *Infectious Disease Modelling*, 9(3):744–762, 2024.
- [6] S. M. Niaz Arifin, Rumana Reaz Arifin, Dilkushi de Alwis Pitts, M. Sohel Rahman, Sara Nowreen, Gregory R. Madey, and Frank H. Collins. Landscape epidemiology modeling using an agent-based model and a geographic information system. *Land*, 4:378–412, 6 2015.
- [7] Amy H. Auchincloss and Leandro Martin Totaro Garcia. Breve guia introdutório de modelagem baseada em agentes e uma ilustração a partir da pesquisa em saúde urbana. *Cadernos de Saude Publica*, 31:S65–S78, 1 2015.
- [8] Folusakin Ayoade and Sandeep Kumar. Varicella-zoster virus (chickenpox). In *StatPearls [Internet]*. StatPearls Publishing, Treasure Island (FL), 2022. Updated 2022 Oct 15. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK448191/>.
- [9] Hannah Badland, Marcus White, Gus MacAulay, Serryn Eagleson, Suzanne Mavoia, Christopher Pettit, and Billie Giles-Corti. Using simple agent-based

modeling to inform and enhance neighborhood walkability. *International Journal of Health Geographics*, 12(1):58, 2013.

- [10] Robert Beaglehole, Ruth Bonita, Richard Horton, Cary Adams, George Alleyne, Perviz Asaria, Vanessa Baugh, Henk Bekedam, Nils Billo, Sally Casswell, Michele Cecchini, Ruth Colagiuri, Stephen Colagiuri, Tea Collins, Shah Ebrahim, Michael Engelgau, Gauden Galea, Thomas Gaziano, Robert Geneau, Andy Haines, James Hospedales, Prabhat Jha, Ann Keeling, Stephen Leeder, Paul Lincoln, Martin McKee, Judith Mackay, Roger Magnusson, Rob Moodie, Modi Mwatsama, Sania Nishtar, Bo Norrving, David Patterson, Peter Piot, Johanna Ralston, Manju Rani, K Srinath Reddy, Franco Sassi, Nick Sheron, David Stuckler, Il Suh, Julie Torode, Cherian Varghese, Judith Watt, Lancet NCD Action Group, and NCD Alliance. Priority actions for the non-communicable disease crisis. *The Lancet*, 377(9775):1438–1447, 2011.
- [11] M Begon, M Bennett, R.G. Bowers, N.P. French, S.M. Hazel, and J Turner. A clarification of transmission terms in host-microparasite models: numbers, densities and areas. *Epidemiol Infect*, 129(1):147–153, 2002.
- [12] A. Best and Open Textbook Library. *Introducing Mathematical Biology*. Open textbook library. University of Sheffield, 2023.
- [13] M. Biggerstaff, B. J. Cowling, Z. M. Cucunubá, L. Dinh, N. M. Ferguson, H. Gao, et al. Early insights from statistical and mathematical modeling of key epidemiologic parameters of covid-19. *Emerging Infectious Diseases*, 26(11):2895–2903, 2020.
- [14] Matthew Biggerstaff, Simon Cauchemez, Carrie Reed, Manoj Gambhir, and Lyn Finelli. Estimates of the reproduction number for seasonal, pandemic, and zoonotic influenza: a systematic review of the literature. *BMC Infectious Diseases*, 14:480, 2014.
- [15] Keith R. Bissett, Jose Cadena, Maleq Khan, and Chris J. Kuhlman. Agent-based computational epidemiological modeling. *Journal of the Indian Institute of Science*, 101:303–327, 7 2021.
- [16] Ottar N. Bjørnstad. *Epidemics: Models and Data Using R*. Springer, 2018.
- [17] Ottar N. Bjørnstad, Katriona Shea, Martin Krzywinski, et al. The seirs model for infectious disease dynamics. *Nature Methods*, 17:557–558, 2020.
- [18] William E. Boyce and Richard C. DiPrima. *Equações diferenciais elementares e problemas de valores de contorno*. LTC, Rio de Janeiro, 6 edition, 1999. Título original: Elementary differential equations and boundary value problems.

- [19] F. Brauer, C. Castillo-Chavez, and Z. Feng. *Mathematical Models in Epidemiology*. Springer, 2019.
- [20] Lyle D Broemeling. *Bayesian Methods in Epidemiology*. Chapman and Hall/CRC, 2013.
- [21] M Buchanan. Economics: Meltdown modelling. *Nature*, 8 2009.
- [22] CDC. Measles. <https://www.cdc.gov/measles/index.html>, 2023.
- [23] Jiangzhuo Chen, Shuyu Chu, Youngyun Chungbaek, Maleq Khan, Christopher Kuhlman, Achla Marathe, Henning Mortveit, Anil Vullikanti, Dawen Xie, and Network Dynamics. Effect of modelling slum populations on influenza spread in delhi. *BMJ Open*, 6:11699, 2016.
- [24] P. Ciunkiewicz, W. Brooke, M. Rogers, and S. Yanushkevich. Agent-based epidemiological modeling of covid-19 in localized environments. *Computers in Biology and Medicine*, 144:105396, 5 2022.
- [25] Philip Cooley, Shawn Brown, James Cajka, Bernadette Chasteen, Laxminarayana Ganapathi, John Grefenstette, Craig R. Hollingsworth, Bruce Y. Lee, Burton Levine, William D. Wheaton, and Diane K. Wagener. The role of subway travel in an influenza epidemic: A new york city simulation. *Journal of Urban Health*, 88:982–995, 10 2011.
- [26] Andrew Crooks, Alison Heppenstall, Nick Malleson, and Ed Manley. *Agent-Based Modeling and the City: A Gallery of Applications*. Springer Science and Business Media Deutschland GmbH, 2021.
- [27] Erik Cuevas. An agent-based model to evaluate the covid-19 transmission risks in facilities. *Computers in Biology and Medicine*, 121, 6 2020.
- [28] F. T. Cutts, E. Dansereau, M. J. Ferrari, M. Hanson, K. A. McCarthy, C. J.E. Metcalf, S. Takahashi, A. J. Tatem, N. Thakkar, S. Truelove, E. Utazi, A. Wesolowski, and A. K. Winter. Using models to shape measles control and elimination strategies in low- and middle-income countries: A review of recent applications. *Vaccine*, 38:979–992, 1 2020.
- [29] W. J. Edmunds, N. J. Gay, M. Kretzschmar, R. G. Pebody, H. Wachmann, et al. The pre-vaccination epidemiology of measles, mumps and rubella in europe: implications for modelling studies. *Epidemiology and Infection*, 125(3):635–650, 2000.
- [30] Abdulrahman M. El-Sayed, Peter Scarborough, Lars Seemann, and Sandro Galea. Social network analysis and agent-based modeling in social epidemiology. *Epidemiologic Perspectives and Innovations*, 9, 2012.

- [31] Saber Elaydi. *An introduction to difference equations*. Springer, 2005.
- [32] Joshua M Epstein. *Generative Social Science: Studies in Agent-Based Computational Modeling*. Princeton University Press, 2020.
- [33] Joshua M. Epstein, Jon Parker, Derek Cummings, and Ross A. Hammond. Coupled contagion dynamics of fear and disease: Mathematical and computational explorations. *PLoS ONE*, 3, 12 2008.
- [34] S. Eubank, H. Guclu, V. Anil Kumar, and et. alii. Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks. *Nature*, 429:177–180, 5 2004.
- [35] P. E. M. Fine. Herd immunity: History, theory, practice. *Epidemiologic Reviews*, 15(2):265–302, 1993.
- [36] L D Frank, J F Sallis, B E Saelens, L Leary, K Cain, T L Conway, and P M Hess. The development of a walkability index: application to the Neighborhood Quality of Life Study. *British Journal of Sports Medicine*, 44(13):924, 2010.
- [37] Enrique Frias-Martinez, Graham Williamson, and Vanessa Frias-Martinez. An agent-based model of epidemic spread using human mobility and social network information. In *2011 IEEE Third International Conference on Privacy, Security, Risk and Trust and 2011 IEEE Third International Conference on Social Computing*, pages 57–64, 2011.
- [38] Sandro Galea, Matthew Riddle, and George A Kaplan. Causal thinking and complex system approaches in epidemiology. *International Journal of Epidemiology*, 39:97–106, 2010.
- [39] R. Gani and S. Leach. Transmission potential of smallpox in contemporary populations. *Nature*, 414(6865):748–751, December 2001.
- [40] Nigel Gilbert, John C Hawksworth, and Paul A Swinney. An agent-based model of the english housing market. In *AAAI Spring Symposium: Techno-social Predictive Analytics*, 2009.
- [41] Giulia Giordano, Franco Blanchini, Raffaele Bruno, Patrizio Colaneri, Alessandro Di Filippo, Angela Di Matteo, and Marta Colaneri. Modelling the covid-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in italy. *Nature Medicine*, 26:855–860, 6 2020.
- [42] A. L. Gonczi, C. Palosaari, N. Urban, and A. Mayer. From simulation user to creator: Helping students see inside the “black box” with insight maker. *The Science Teacher*, 89(3), 2022.

- [43] Nicholas C. Grassly and Christophe Fraser. Seasonal infectious disease epidemiology. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 273(1600):2541–2550, 2006.
- [44] Fiona M. Guerra, Shelly Bolotin, Gillian Lim, Jane Heffernan, Shelley L. Deeks, Ye Li, and Natasha S. Crowcroft. The basic reproduction number (r_0) of measles: a systematic review. *The Lancet Infectious Diseases*, 17(12):e420–e428, December 2017.
- [45] A. B. Gumel, S. Ruan, T. Day, J. Watmough, F. Brauer, P. van den Driessche, D. Gabrielson, C. Bowman, M. E. Alexander, S. Ardal, J. Wu, and B. M. Sahai. Modelling strategies for controlling SARS outbreaks. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 271(1554):2223–2232, 2004. PMID: 15539347; PMCID: PMC1691853.
- [46] Herbert W Hethcote. The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42:599–653, 2000.
- [47] Jiangyan Huang, Youkai Cui, Lele Zhang, Weiping Tong, Yunyang Shi, and Zhiyuan Liu. An Overview of Agent-Based Models for Transport Simulation and Analysis. *Journal of Advanced Transportation*, 2022:1–17, 2022.
- [48] C. Anthony Hunt, Ryan C. Kennedy, Sean H.J. Kim, and Glen E.P. Roppella. Agent-based modeling: A systematic assessment of use cases and requirements for enhancing pharmaceutical research and development productivity. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Systems Biology and Medicine*, 5:461–480, 7 2013.
- [49] Andreas Huth, Martin Drechsler, and Peter Köhler. Multicriteria evaluation of simulated logging scenarios in a tropical rain forest. *Journal of Environmental Management*, 71:321–333, 7 2004.
- [50] Joshua Conrad Jackson, David Rand, Kevin Lewis, Michael I. Norton, and Kurt Gray. Agent-based modeling: A guide for social psychologists. *Social Psychological and Personality Science*, 8:387–395, 5 2017.
- [51] Takeshi Kano, Kotaro Yasui, Taishi Mikami, Munehiro Asally, and Akio Ishiguro. An agent-based model of the interrelation between the covid-19 outbreak and economic activities. *Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 477, 1 2021.
- [52] Matt J. Keeling, Pejman Rohani, and Bryan T. Grenfell. Seasonally forced disease dynamics explored as switching between attractors. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, 148(3-4):317–335, 2001.

- [53] WO Kermack and AG McKendrick. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. R. Soc. Lond. Ser. Math. Phys. Eng. Sci.*, 115(772):700–721, 1927.
- [54] Le-Minh Kieu, Nicolas Malleson, and Alison Heppenstall. Dealing with uncertainty in agent-based models for short-term predictions. *Royal Society Open*, 2020.
- [55] Chansung Kim, Heesub Rim, DongIk Oh, and Dongwoon Kang. Estimating the Benefits of Korea’s Intercity Rail Speed Increase Project: An Agent-Based Model Approach. *Modelling*, 3:94–104, 1 2022.
- [56] Chris J. Kuhlman, Yihui Ren, Bryan Lewis, and James Schlitt. Hybrid agent-based modeling of zika in the united states. In *2017 Winter Simulation Conference (WSC)*. IEEE, 2017.
- [57] Elise Kuylen, Lander Willem, Jan Broeckhove, Philippe Beutels, and Niel Hens. Clustering of susceptible individuals within households can drive measles outbreaks: an individual-based model exploration. *Scientific Reports*, 10, 12 2020.
- [58] Yan Li, Mark A. Lawley, David S. Siscovick, Donglan Zhang, and José A. Pagán. Agent-based modeling of chronic diseases: A narrative review and future research directions. *Preventing Chronic Disease*, 13, 5 2016.
- [59] A.B. Lockhart, P.H. Thrall, and J. Antonovics. Sexually transmitted diseases in animals: ecological and evolutionary implications. *Biol Rev Camb Philos Soc*, 71(3):415–471, aug 1996.
- [60] X. Ma, Y. Zhou, and H. Cao. Global stability of the endemic equilibrium of a discrete SIR epidemic model. *Advances in Difference Equations*, 2013(1):42, 2013.
- [61] Charles M. Macal and Michael J. North. AGENT-BASED MODELING AND SIMULATION. *Proceedings of the 2009 Winter Simulation Conference (WSC)*, pages 1–13, 2009.
- [62] Brandon D.L. Marshall and Sandro Galea. Formalizing the role of agent-based modeling in causal inference and epidemiology. *American Journal of Epidemiology*, 181:92–99, 1 2015.
- [63] Hamish McCallum, Nigel Barlow, and Jim Hone. How should pathogen transmission be modelled? *Trends in Ecology & Evolution*, 16(6):295–300, 2001.
- [64] A.E.J. Morris. *History of Urban form: Before the Industrial Revolutions*. Longman, 3rd edition, 1994.

- [65] Hoertel N, Blachier M, Blanco C, Olfson M, Massetti M, Rico MS, Limosin F, and Leleu H. A stochastic agent-based model of the sars-cov-2 epidemic in france. *Nature Medicine*, 26:1417–1421, 9 2020.
- [66] Matthieu Nadini, Lorenzo Zino, Alessandro Rizzo, and Maurizio Porfiri. A multi-agent model to study epidemic spreading and vaccination strategies in an urban-like environment. *Applied Network Science*, 5, 12 2020.
- [67] L. F. Olsen and W. M. Schaffer. Chaos versus noisy periodicity: alternative hypotheses for childhood epidemics. *Science*, 249(4968):499–504, Aug 1990.
- [68] Nicholas A Perdue. Agent-based Models in Supporting Pedestrian Transportation Planning and Design. *Humboldt Journal of Social Relations*, 1(41):26–43, 2019.
- [69] Steven F. Railsback and Volker Grimm. *Agent-Based and Individual-Based Modeling*. Oxford University Press, second edition, 2019.
- [70] Steven F. Railsback and Bret C. Harvey. Trait-mediated trophic interactions: Is foraging theory keeping up? *Trends in Ecology and Evolution*, 28:119–125, 2 2013.
- [71] Steven F Railsback and Bret C Harvey. *Modeling Populations of Adaptive Individuals*. Princeton University Press, 2020.
- [72] Timothy C. Reluga, Jan Medlock, and Alan S. Perelson. Backward bifurcations and multiple equilibria in epidemic models with structured immunity. *Journal of Theoretical Biology*, 252:155–165, 5 2008.
- [73] Jonathan J. Ryder, Martin R. Miller, Andy White, Robert J. Knell, and Michael Boots. Host-parasite population dynamics under combined frequency- and density-dependent transmission. *Oikos*, 116(12):2017–2026, 2007.
- [74] Fernando Deeke Sasse. Programas em Python para Epidemias. <https://github.com/fernandodeeke/epidemias>, 2025. Acessado em: 06 de março de 2025.
- [75] Anna Paula Galvão Scheidegger, Henrique dos Santos Maxir, and Amarnath Banerjee. A statistical examination of distinct characteristics influencing the performance of vector-borne epidemiological agent-based simulation models. *Modelling*, 2:166–196, 3 2021.
- [76] Petrônio C.L. Silva, Paulo V.C. Batista, Hélder S. Lima, Marcos A. Alves, Frederico G. Guimarães, and Rodrigo C.P. Silva. Covid-abs: An agent-based model of covid-19 epidemic to simulate health and economic effects of social distancing interventions. *Chaos, Solitons and Fractals*, 139, 10 2020.

- [77] Eric Silverman, Umberto Gostoli, Stefano Picascia, Jonatan Almagor, Mark McCann, Richard Shaw, and Claudio Angione. Situating agent-based modelling in population health research. *Emerging Themes in Epidemiology*, 18, 12 2021.
- [78] Andrew K Smith, Brenden K Petersen, Glen E P Ropella, Ryan C Kennedy, Neil Kaplowitz, Murad Ookhtens, and C Anthony Hunt. Competing mechanistic hypotheses of acetaminophen-induced hepatotoxicity challenged by virtual experiments. *PLoS Comput Biol*, 12:1005253, 2016.
- [79] X. Tang, S. Zhao, A. P. Y. Chiu, H. Ma, X. Xie, S. Mei, et al. Modelling the transmission and control strategies of varicella among school children in shenzhen, china. *PLoS ONE*, 12(5):e0177514, 2017.
- [80] Hans-Hermann Thulke, H.-H Thulke, and D Eisinger. Towards the elimination of rabies in eurasia. *Dev Biol. Basel, Karger*, 131:291–298, 2008.
- [81] Shaun A. Truelove, Laura T. Keegan, William J. Moss, L. Hannah Chaisson, Emilie Macher, Andrew S. Azman, and Justin Lessler. Clinical and epidemiological aspects of diphtheria: A systematic review and pooled analysis. *Clinical Infectious Diseases*, 71(1):89–97, June 2020.
- [82] Agnieszka Truszkowska, Brandon Behring, Jalil Hasanyan, Lorenzo Zino, Sachit Butail, Emanuele Caroppo, Zhong Ping Jiang, Alessandro Rizzo, and Maurizio Porfiri. High-resolution agent-based modeling of covid-19 spreading in a small town. *Advanced Theory and Simulations*, 4, 3 2021.
- [83] Pauline van den Driessche. Reproduction numbers of infectious disease models. *Infectious Disease Modelling*, 2(3):288–303, 2017.
- [84] Yixing Wang, Hainan Xiong, Sijie Liu, Ara Jung, Trish Stone, and Leanne Chukoskie. Simulation agent-based model to demonstrate the transmission of covid-19 and effectiveness of different public health strategies. *Frontiers in Computer Science*, 3, 9 2021.
- [85] KM Webberley, J Buszko, V Isham, and GD Hurst. Sexually transmitted disease epidemics in a natural insect population. *Journal of Animal Ecology*, 75(1):33–43, Jan 2006.
- [86] WHO. Measles. <https://www.who.int/teams/immunization-vaccines-and-biologicals/diseases/measles>, 2023.
- [87] Uri Wilensky and William Rand. *An Introduction to Agent-Based Modeling: Modeling Natural, Social, and Engineered Complex Systems with NetLogo*. The MIT Press, 2015.

- [88] Jeannette M. Wing. Computational thinking. *Communications of the ACM*, 49(3):33–35, March 2006.
- [89] Sarah Wise, Andrew Crooks, and Michael Batty. Agent Based Modelling of Urban Systems, First International Workshop, ABMUS 2016, Held in Conjunction with AAMAS, Singapore, Singapore, May 10, 2016, Revised, Selected, and Invited Papers. *Lecture Notes in Computer Science*, pages 129–148, 2017.
- [90] Z. S. Wong, C. M. Bui, A. A. Chughtai, and C. R. Macintyre. A systematic review of early modelling studies of Ebola virus disease in West Africa. *Epidemiology and Infection*, 145(6):1069–1094, 2017. Epub 2017 Feb 7. Erratum in: *Epidemiology and Infection*, 2017 Jul;145(9):1961. doi: 10.1017/S0950268817000759. PMID: 28166851; PMCID: PMC9507849.
- [91] Z. Q. Xia, S. F. Wang, S. L. Li, et al. Modeling the transmission dynamics of ebola virus disease in liberia. *Scientific Reports*, 5:13857, 2015. Acessado em: 06 de março de 2025.
- [92] Yichun Xie and Xining Yang. Agent-based urban modeling:simulating urban growth and subsequent landscape change in Suzhou, China. In Xiaojun Yang, editor, *Monitoring, Synthesis and Modeling in the Urban Environment*, pages 347–357. John Wiley & Sons, Ltd., 2011.
- [93] H. M. Yang, L. P. Lombardi Junior, F. F. M. Castro, and A. C. Yang. Mathematical modeling of the transmission of sars-cov-2—evaluating the impact of isolation in são paulo state (brazil) and lockdown in spain associated with protective measures on the epidemic of covid-19. *PLoS ONE*, 16(6):e0252271, 2021.
- [94] Yong Yang, Ana V. Diez Roux, Amy H. Auchincloss, Daniel A. Rodriguez, and Daniel G. Brown. A spatial agent-based model for the simulation of adults’ daily walking within a city. *American Journal of Preventive Medicine*, 40:353–361, 3 2011.