

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
CAMPUS BUTANTÃ

Karina de Carvalho Fróes

MODELAGEM E SIMULAÇÃO DA DISSEMINAÇÃO DA
FEBRE AMARELA

SÃO PAULO
2019

KARINA DE CARVALHO FRÓES

MODELAGEM E SIMULAÇÃO DA DISSEMINAÇÃO
DA FEBRE AMARELA

**Trabalho de Conclusão de Curso
submetido à Universidade de São
Paulo, como requisito necessário
para obtenção do grau de Bacharel
em Matemática Aplicada e Compu-
tacional**

São Paulo, fevereiro de 2019

Agradecimentos

Gostaria de agradecer à minha família, que me apoiou durante toda a graduação, sendo impossível trilhar essa jornada sem ela. Nada paga pelo apoio que sempre recebi e pela confiança que tiveram em mim.

Em especial, queria agradecer à minha mãe, que nunca me deixou desistir desse sonho, que eu dedico com muito orgulho a ela.

Agradeço também ao meu orientador, Prof. Sergio Muniz Oliva Filho, pela paciência, direcionamentos e toda a ajuda prestada.

Aos meus amigos conquistados durante toda a graduação, que são também os frutos que colho desse desafio.

*"Que a força do medo que tenho
Não me impeça de ver o que anseio
Que a morte de tudo em que acredito
Não me tape os ouvidos e a boca
Porque metade de mim é o que eu grito
Mas a outra metade é silêncio."
(Metade - Oswaldo Montenegro)*

Resumo

Os modelos matemáticos de epidemiologia são ferramentas de grande importância para a análise, compreensão e previsão de epidemias, que ajudam a levantar e testar estratégias de controle que auxiliam no combate e possível erradicação de doenças que afligem a população humana.

Assim, neste trabalho, abordaremos a disseminação da Febre Amarela no Brasil, utilizando as técnicas modeladas pelo método SEIR, que consiste no uso de equações diferenciais ordinárias que são típicas de doenças transmitidas por mosquitos.

Com todos os dados em mãos, poderemos analisar a importância de ações preventivas e discutir possíveis alterações no modelo desenvolvido para melhor acurácia no combate à Febre Amarela.

Palavras-chave: epidemiologia, modelos matemáticos, Febre Amarela, SEIR

Abstract

Mathematical epidemiology programs are tools of great importance for the analysis, understanding and prediction of epidemics, which can help and test the control strategies that aid the fight against the epidemic of human disease eradication.

Thus, in this work, we will approach the spread of Yellow Fever in Brazil, using the techniques modeled by the SEIR method, which consists of the use of ordinary differential equations that are typical of diseases transmitted by mosquitoes.

With all the data at hand, we will be able to analyze the importance of preventive actions and discuss possible changes in the model developed for better accuracy in the fight against Yellow Fever.

Keywords: epidemiology, mathematical models, Yellow Fever, SEIR

Lista de ilustrações

Figura 1 – Esquema do Modelo SEIR	21
Figura 2 – Dados de infectados por Febre Amarela	24
Figura 3 – Estrutura do código	29
Figura 4 – Melhor Simulação	31
Figura 5 – 30 Melhores Simulações	32

Lista de tabelas

Tabela 1 – Simulações	30
---------------------------------	----

Sumário

1	INTRODUÇÃO	17
1.1	A Febre Amarela	17
1.2	Características	18
2	MODELOS MATEMÁTICOS DE EPIDEMIOLOGIA	20
2.1	Motivação	20
2.2	Método SEIR	20
3	OBJETIVOS	23
3.1	Detalhamento	23
3.2	Métodos e Metodologia	23
3.3	Determinação dos parâmetros do modelo SEIR	23
3.4	Runge-Kutta de 4ª ordem	25
3.5	Método de Monte Carlo	26
3.6	Método de Mínimos Quadrados	26
4	ALGORITMO	28
4.1	Definição das variáveis	28
4.2	Pseudo Código	29
5	RESULTADOS	30
5.1	Análises	31
5.2	Comparativo Simples de Métodos	33
6	CONCLUSÃO	34
6.1	Sugestões para pesquisas futuras	34
	REFERÊNCIAS	35

1 Introdução

1.1 A Febre Amarela

A febre amarela é uma doença de grande importância epidemiológica por ter gravidade clínica e potencial de disseminação em áreas urbanas infestadas pelo mosquito *Aedes aegypti*, que é o mesmo vetor da dengue, zika vírus e chikungunya - doenças que são enfrentadas na atualidade - e por acontecer em várias localidades do globo, como Américas do Sul e Central, além de alguns países da África.

É classificada como uma doença infecciosa febril aguda, causada por um vírus transmitido por mosquitos vetores, e possui dois ciclos de transmissão: silvestre (quando há transmissão em área rural ou de floresta) e urbano. O vírus é transmitido pela picada dos mosquitos transmissores infectados e não há transmissão direta de pessoa a pessoa.

O quadro da doença é igual nas duas formas de transmissão, sendo diferente apenas em qual é o transmissor: no ciclo silvestre, em áreas florestais, o vetor da febre amarela é o mosquito *Haemagogus* e do gênero *Sabethes*; já no meio urbano a transmissão é feita pelo mosquito *Aedes aegypti*, podendo o *Aedes albopictus* também transmitir o vírus.

Outro fator de risco da doença é que os macacos também podem ser infectados e desenvolver a febre amarela silvestre - muitas vezes até sem ser de forma aparente - e ainda assim ter a quantidade de vírus suficiente para infectar mosquitos que por sua vez podem infectar humanos. Sendo assim, esses animais configuram como indicadores biológicos de regiões aonde o vírus possa estar circulando, ajudando na estratégia de prevenção mais adequada para evitar o surto da doença.

1.2 Características

O agente etiológico é o vírus amarelo, que é um arbovírus do gênero *Flavivirus* e família *Flaviviridae*, além de um RNA vírus, sendo que o principal vetor e reservatório no Brasil são os mosquitos, embora os macacos também sejam reservatórios naturais.

A infecção ocorre no momento em que uma pessoa que nunca tenha contraído a febre amarela ou tomado a vacina contra ela circula em áreas florestais e é picada por um mosquito infectado. Ao contrair a doença, a pessoa pode se tornar fonte de infecção para o *Aedes aegypti* no meio urbano, gerando o que descrevemos como febre amarela urbana.

Nessa modalidade, o mosquito *Aedes aegypti* é o principal vetor e reservatório e, o homem, o único hospedeiro de importância epidemiológica, apresentando um período de incubação do vírus de 3 a 6 dias após a picada do mosquito infectado.

Para ocorrer o diagnóstico da doença, alguns procedimentos podem ser feitos, como o isolamento do vírus amarelo e detecção de antígeno em amostras de sangue ou tecido, além de sorologia. No entanto, o diagnóstico das formas leve e moderada da doença é difícil, pois os sintomas da Febre Amarela podem ser confundidos com outras doenças infecciosas do sistema respiratório, digestivo ou urinário.

A similaridade de sintomas com outras doenças faz com que as formas graves com quadro clínico clássico ou fulminante devam ser diferenciadas de malária, leptospirose, febre maculosa, febre hemorrágica da dengue e dos casos fulminantes de hepatite. Ainda assim, a correta observação dos sintomas se mostra fundamental para o início da suspeita da doença e posterior investigação.

De acordo com a Secretaria de Saúde, o quadro típico englobando o período de infecção e de intoxicação tem início abrupto, com febre alta e pulso lento em relação a temperatura, calafrios, cefaléia intensa, mialgias, prostração, náuseas e vômitos, com duração aproximada de 3 dias, após os quais se observa a melhora dos sintomas, podendo durar algumas horas ou, no máximo, 2 dias. O caso pode evoluir tanto para a cura ou para a forma grave, que tem como principais sintomas o

aumento da febre, diarreia e o reaparecimento de vômitos, instalação de insuficiência hepática e renal, bem como outros sintomas.

Uma vez confirmada a infecção pela doença, o tratamento é apenas sintomático, sendo recomendada a hospitalização, o repouso, a reposição constante de líquidos e, quando necessário, reposição das perdas sanguíneas. Caso o paciente apresente as formas graves, então o atendimento deverá ser realizado pela Unidade de Terapia Intensiva (UTI) para reduzir as complicações e o risco de óbito.

O período de transmissibilidade em humanos é de 24 a 48 horas antes do aparecimento dos sintomas e perdura até de 3 a 5 dias após, tempo que corresponde ao período de viremia. Já no mosquito *Aedes aegypti*, o período de incubação é de 9 dias, sendo que ele se mantém infectado por toda a vida, viabilizando perigo para o alastramento da doença.

2 Modelos Matemáticos de Epidemiologia

2.1 Motivação

A epidemiologia é uma ciência antiga, datada desde a época do filósofo Hipócrates, há mais de 2000 anos, que surgiu da necessidade da criação de uma mestria capaz de analisar e prever cenários de doenças que afligem a população [Herbert W. Hethcote]. Não somente isso, temos a possibilidade de combater e prevenir as doenças, como diz a seguinte definição de epidemiologia: "epidemiologia é a ciência que estuda o processo saúde-doença na sociedade, analisando a distribuição populacional e os fatores determinantes das doenças, danos à saúde e eventos associados à saúde coletiva, propondo medidas específicas de prevenção, controle ou erradicação de doenças e fornecendo indicadores que sirvam de suporte ao planejamento, administração, e avaliação das ações de saúde." [Rouquayrol, M. Z., Almeida Filho]

Dessa maneira, temos que os modelos matemáticos de epidemiologia se mostram de grande valia ao suportarem os preceitos dessa ciência e nos permitirem tomar ações baseadas em dados empíricos ou simulados, além de possibilitar abordagens diferenciadas no grau de detalhamento e complexidade de acordo com os modelos estudados.

2.2 Método SEIR

Dentre os vários modelos epidemiológicos temos o SEIR, que consiste na divisão da população em 4 grupos:

1. Suscetíveis (S): classe de pessoas que, caso entrem em contato com a doença em questão, podem ser contaminadas;

2. Expostos (E): classe de pessoas que já entraram em contato com o vírus, porém ainda não se tornaram infectadas, ou seja, estão no período de latência do vírus;
3. Infectados (I): classe de pessoas que estão infectadas com o vírus e podem transmiti-lo para indivíduos suscetíveis;
4. Recuperados (R): classe de pessoas que se recuperaram da infecção, se tornando imunes (temporária ou permanentemente).

Para a análise do comportamento da doença estudada, o modelo SEIR apresenta o seguinte sistema de Equações Diferenciais Ordinárias:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \sigma E \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (2.1)$$

sendo N o número total de indivíduos (ou seja, $N = S + E + I + R$), β a taxa de infecção, que representa a probabilidade de um indivíduo suscetível entrar em contato com o vírus, σ a taxa de incubação e γ a taxa de recuperação [Yang, Hyun Mo].

Analisando esse sistema, percebe-se que cada linha descreve como um indivíduo chega e como sai de um compartimento específico, sendo que as saídas são demarcadas com as subtrações presentes no sistema de equações. De outra maneira, pode-se ilustrar esse processo como:

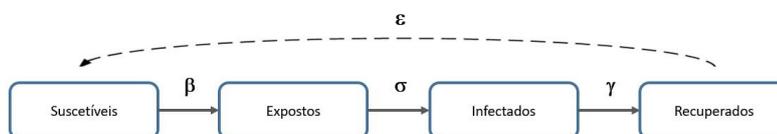


Figura 1 – Esquema do Modelo SEIR

Na figura, vemos uma nova variável não descrita em (2.1): ϵ , que representa a perda de imunidade dos indivíduos recuperados, fazendo com que se tornem

suscetíveis novamente. Sobre esse ponto, vale ressaltar que a imunidade adquirida pelos indivíduos que contraem a febre amarela e se recuperam é permanente. No entanto, se trabalhassemos com a abordagem de vacinação de indivíduos suscetíveis em doses fracionadas, essa variável seria de interesse pois a imunidade nesse caso seria temporária.

Por razões de simplificação do modelo, essa variável não será abordada e nem a abordagem de dinâmica vital, ou seja, não será visto no modelo o efeito de nascimentos e mortes dentro da população estudada. Caso esses efeitos fossem de interesse para a análise, ter-se-ia que acrescentar essas variáveis no sistema.

3 Objetivos

3.1 Detalhamento

Em 2018 houve um aumento de 600% nos casos de febre amarela no Brasil ante os casos de 2017, configurando o maior surto da doença já registrado. Esse dado é um alerta para o quão vulnerável a população é frente à doença e o quão importante é se ter o acompanhamento adequado dos dados para traçar-se as melhores estratégias de prevenção e combate, possibilitando o impedimento da repetição desse cenário.

Por isso, no presente trabalho, tem-se o interesse de simular o comportamento da disseminação da doença no Brasil, de modo a analisar os resultados obtidos com os dados reais coletados, fomentando a conscientização da população.

3.2 Métodos e Metodologia

A metodologia usada consiste na análise dos resultados obtidos a partir da simulação do comportamento da Febre Amarela de acordo com as equações diferenciais ordinárias do método SEIR, abordadas no capítulo 2.

Para isso, se utilizará o método de Runge-Kutta com $h = 0.1$, sendo que os parâmetros das EDOs serão ajustados através do erro quadrático de Mínimos Quadrados e se utilizará os princípios de geração de valores do método de Monte Carlo.

3.3 Determinação dos parâmetros do modelo SEIR

Para determinar os valores para os parâmetros descritos no modelo SEIR se trabalhará com dados reais divulgados pela Secretária Estadual de Saúde, focando-se exclusivamente aos dados de cidades do estado de São Paulo.

Dessa maneira, o modelo trabalhará com um total de 12.313.112 milhões de habitantes, sendo este portanto, o N do método SEIR. Já para o número de infectados (I), tem-se que de Novembro de 2017 a Maio 2018 os municípios apresentaram um total de 549 pessoas infectadas confirmadas com a doença, como mostrado no gráfico abaixo:

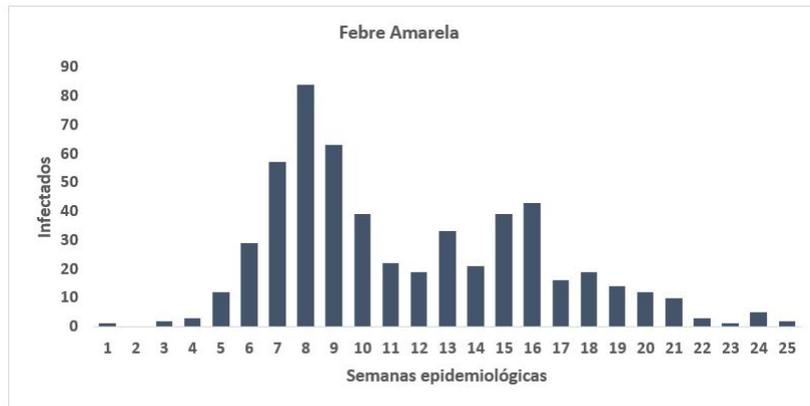


Figura 2 – Dados de infectados por Febre Amarela

Com esses dados, serão realizadas diversas simulações aleatórias para determinar, de acordo com o erro do Método de Mínimos de Quadrados, quais são os valores que minimizam o erro entre os dados reais e os observados, de modo a ajustar os valores do intervalo para β, γ, σ , garantindo resultados mais coerentes com os dados reais.

Com a posse dos resultados das simulações, chega-se a conclusão de que os valores para os intervalos de β, γ, σ que minimizam o erro entre os valores simulados e os valores reais de infectados são:

$$\begin{cases} \beta \in [0.1, 0.5] \\ \gamma \in [0.1, 0.5] \\ \sigma \in [0.1, 0.5] \end{cases} \quad (3.1)$$

Assim, ainda falta determinar os valores iniciais para S, E, I, R , para a geração das condições iniciais para o modelo SEIR.

Para tal, será utilizada uma abordagem baseada no método de Monte Carlo para a geração de valores aleatórios dentro de um intervalo uniformemente

distribuído. E, após a geração, pode-se chegar na solução da EDO segundo o método de Runge-Kutta de 4º ordem, pois todos os dados necessários já estarão prontos.

Esse procedimento será repetido n vezes até um critério de parada e a cada simulação mostraremos seu erro de acordo com o Método de Mínimos Quadrados, que após ser terminado, dará início a uma nova simulação.

Os métodos de Runge-Kutta, Mínimos Quadrados e Monte Carlo serão brevemente descritos a seguir.

3.4 Runge-Kutta de 4ª ordem

Esse método é utilizado quando não se tem a solução explícita de uma EDO, e consiste na geração de aproximações do valor da solução em vários pontos intermediários, sendo que o valor final escolhido será a média ponderada entre os valores intermediários, como segue:

$$y_{k+1} = y_k + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4) \quad (3.2)$$

onde

$$\begin{aligned} k_1 &= f(x_k, y_k) \\ k_2 &= f\left(x_k + \frac{h}{2}, y_k + k_1 \frac{h}{2}\right) \\ k_3 &= f\left(x_k + \frac{h}{2}, y_k + k_2 \frac{h}{2}\right) \\ k_4 &= f(x_k + h, y_k + hk_3) \end{aligned} \quad (3.3)$$

Assim, observa-se que k_1, k_2, k_3 e k_4 referem-se às inclinações dos intervalos, com pesos 1, 2, 2 e 1, respectivamente.

O método é dito de 4ª ordem pois o erro final de sua implementação é da ordem de h^4 , enquanto que o erro cometido a cada passo é da ordem de h^5 [J. C. Butcher], possibilitando uma precisão melhor se comparado a outros métodos.

Nesse trabalho, esse método será utilizado nas simulações pois a solução exata das EDOs do modelo SEIR não é conhecida.

3.5 Método de Monte Carlo

O método de Monte Carlo foi criado em 1946 pelo matemático Stanislaw Ulam que, ao jogar um certo jogo de cartas, traçou uma estratégia para sucesso que consistia em realizar inúmeras jogadas e contar quantas vezes cada resultado acontecia.

Em outras palavras, Ulam criou um método de simulação estatística que utiliza de números aleatórios para gerar diversas simulações e assim tomar decisões.

Esse método, embora criado em 1946, foi publicado oficialmente apenas em 1949 [N. Metropolis and S. Ulam] e levou esse nome em homenagem aos jogos de cassinos que o tio de Stanislav jogava no cassino Monte Carlo.

Embora a ideia inicial que gerou o método aborde jogos, o método é utilizado para muitos outros campos, como fenômenos físicos, ambientais, computação gráfica, cálculos de lucro, preços de ativos etc [De Paula, Renato Ricardo].

A simulação de valores aleatórios para as condições iniciais de S , E , I , R , bem como valores de testes iniciais para β , σ e γ é inspirada nesse método, pois ele apresenta um tempo computacional reduzido se comparado aos demais métodos existentes.

3.6 Método de Mínimos Quadrados

O método de Mínimos Quadrados (MMQ) é uma técnica que permite encontrar o melhor ajuste para certos parâmetros de interesse, proporcionando um estimador que pode ser utilizado para simulações de eventos futuros.

Ele é feito de maneira a minimizar a soma dos quadrados das diferenças entre os valores estimados e os dados observados, que é a maneira provada como sendo a melhor para se encontrar um parâmetro desconhecido de uma equação de condições [Carl Friedrich Gauss].

Em outras palavras, a estratégia consiste em minimizar o seguinte erro:

$$E_{MMQ} = \sum_{i=1}^n (y_i - x_i)^2 \quad (3.4)$$

em que n representa o número de observações, y_i o valor real da característica em análise e x_i o número obtido na simulação.

Esse método possui utilidade em várias áreas do conhecimento, sendo muito abordado em tópicos relacionados a Econometria [Universidade de Berkeley].

A abordagem do erro quadrático foi utilizada no trabalho para determinação do melhor intervalo para os parâmetros β , σ e γ , de modo a gerar boas aproximações de acordo com os dados reais.

4 Algoritmo

4.1 Definição das variáveis

Para a simulação do modelo, trabalhamos com:

- $N = 12.313.112$ (valor fixo);
- S sendo gerado por uma variável uniforme pertencente ao intervalo $[0, N - I]$, pois devemos ter $S + I \leq N$;
- E sendo gerado por uma variável uniforme pertencente ao intervalo $[0, N - (S + I)]$, pois devemos ter $S + E + I \leq N$;
- I sendo gerado por uma variável uniforme pertencente ao intervalo $[0, 10]$;
- R sendo igual a $N - (S + E + I)$, pois devemos ter $S + E + I + R = N$;
- β variável uniforme e pertencente ao intervalo $[0.1, 0.5]$;
- γ variável uniforme e pertencente ao intervalo $[0.1, 0.5]$;
- σ variável uniforme e pertencente ao intervalo $[0.1, 0.5]$;
- h sendo igual a 0.01;
- $Tmax$ sendo igual a 25 (número de semanas para a simulação)

Após essas definições das condições iniciais, conseguimos resolver a EDO pelo método de Runge-Kutta e calculamos o erro quadrático para cada simulação.

Dito isto, temos que o algoritmo consiste na repetição n vezes desse procedimento, até atingirmos o valor $Tmax$, sendo que ao atingirmos esse valor, partimos para uma nova simulação.

4.2 Pseudo Código

De maneira a sumarizar o método, temos o seguinte pseudo código:

```
Defina número de simulações
Defina o tempo máximo para uma dada simulação

De 1 a número de simulações
{
    Gere  $\beta$  uniformemente em [0.1, 0.5];
    Gere  $\gamma$  uniformemente em [0.1, 0.5];
    Gere  $\sigma$  uniformemente em [0.1, 0.5];
    Gere valor inicial de Suscetíveis;
    Gere valor inicial de Expostos;
    Gere valor inicial de Infectados;
    Gere valor inicial de Removidos;
    Resolva a EDO descrita pelo modelo SEIR pelo método de Runge-Kutta até Tempo
    Máximo;
    Calcule o erro entre os dados estimados e os dados reais com o Método de Mínimos
    Quadrados;
    Comece a próxima simulação
}
```

Figura 3 – Estrutura do código

Vale ressaltar que de acordo com a capacidade do computador e/ou das necessidades da pesquisa, as condições descritas podem ser alteradas para intervalos de tempo maiores e até mesmo para produzir mais simulações.

5 Resultados

De acordo com a metodologia citada, e respeitando as especificações do algoritmo desenvolvido, geramos 10000 simulações iniciais, que têm como melhores resultados os presentes na tabela que segue abaixo. Nela, tem-se informações para os valores de β, σ, γ , a semana que a simulação atingiu seu maior valor de infectados (Sem. Max), a semana que a simulação atingiu seu menor valor de infectados (Sem. Min), bem como os erros cometidos entre a Sem. Max e o número máximo de infectados real (Erro max) e os erros cometidos entre Sem. Min e o número mínimo de infectados (Erro min), e por último a soma dos quadrados calculados por MMQ (Erro MMQ).

Tabela 1 – Simulações

Beta	Sigma	Gama	Sem. Max	Sem. Min	Erro max	Erro min	Erro MMQ
0,469	0,117	0,153	7	25	-53,0	10,36	7730
0,363	0,103	0,178	7	25	-51,5	13,33	8010
0,111	0,112	0,209	7	1	-51,1	14,50	8360
0,147	0,144	0,156	8	1	-51,2	13,12	8427
0,168	0,219	0,175	6	1	-55,3	11,40	8619
0,120	0,195	0,129	8	1	-51,1	11,63	8733
0,142	0,195	0,211	6	25	-50,8	14,26	8826
0,104	0,208	0,208	5	25	-47,4	9,563	8853
0,315	0,136	0,275	6	25	-49,2	13,01	8888
0,312	0,155	0,249	6	25	-54,8	12,11	8934
0,151	0,132	0,223	6	25	-46,5	15,15	8936
0,143	0,120	0,260	7	1	-56,5	12,92	8945
0,360	0,111	0,220	6	25	-57,7	8,650	8968
0,123	0,157	0,210	7	1	-51,0	17,07	9028
0,133	0,106	0,238	7	1	-54,2	15,93	9055
0,252	0,158	0,251	6	25	-55,5	8,694	9073

5.1 Análises

De acordo com a tabela, vemos que dessas simulações, nenhuma conseguiu acertar o número de infectados máximo, ficando sempre abaixo desse valor e portanto os números aparecem como negativos.

Abaixo temos o gráfico para a simulação da primeira linha da tabela anterior, sendo a melhor simulação, ou seja, aquela que obteve o menor erro por Mínimos Quadrados. Nela temos que a linha azul representa os dados da simulação e os * representam os dados reais.

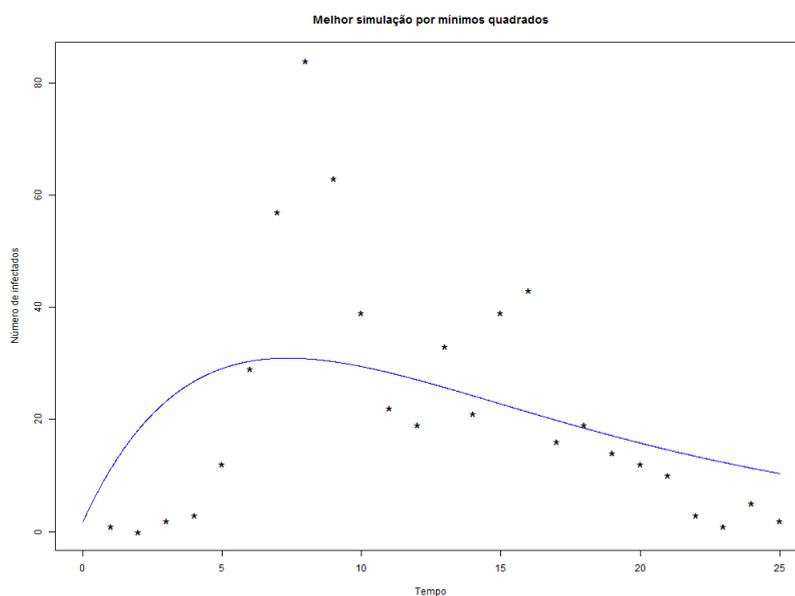


Figura 4 – Melhor Simulação

Pode-se perceber que a inclusão de cada semana epidemiológica aumenta o erro, sendo a décima oitava semana a mais precisa.

Aqui, mostra-se as 30 melhores simulações sobrepostas para a curva de infectados:

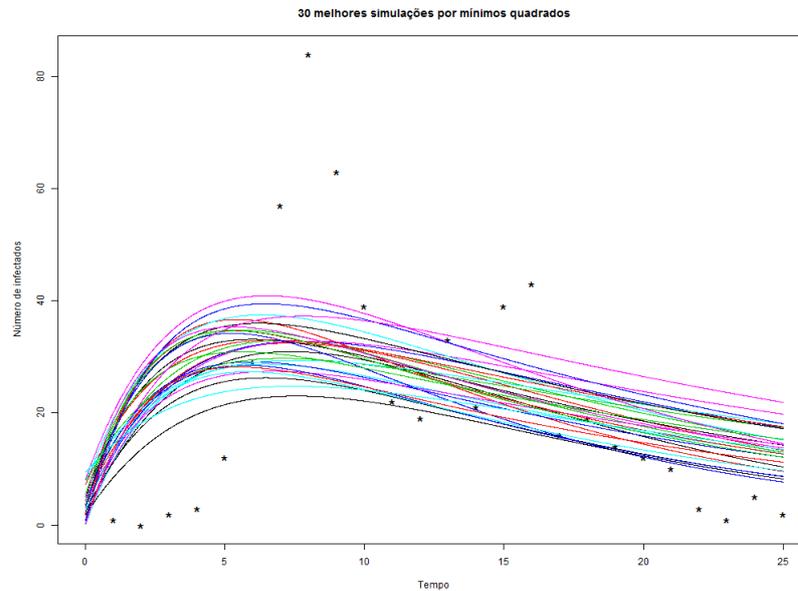


Figura 5 – 30 Melhores Simulações

Nessas simulações, fica evidente que nenhuma das curvas conseguiu se aproximar adequadamente do número de infectados no pico da doença, e apenas 3 conseguiram se aproximar de alguns valores mais elevados. É importante ressaltar que esses períodos mostrados correspondem à época de surto da doença em 2018.

Assim, nota-se que situações como essas de surto não são contempladas de maneira eficiente pelo modelo aqui descrito, pois a curva não segue um padrão perfeito, apresentando vários saltos rápidos.

No entanto, vemos que as curvas simuladas ainda assim seguem o padrão, possuindo pico em períodos próximos aos reais, tendo em vista que os dados influenciaram diretamente na escolha dos valores para β, γ, σ .

Ainda mais, temos que as curvas conseguiram capturar um dado importante: os períodos mais altos correspondem a época de reprodução dos vetores, que é de dezembro a maio, meses chuvosos em grande parte do Brasil, o que favorece a proliferação do vetor transmissor e por consequência aumenta a probabilidade de se contaminar com a doença no período.

Observa-se também que o impacto do surto propaga-se na previsão de

semana de pico e mínimo da infecção: 215 simulações acertaram a semana de pico da doença e 6786 tiveram como mínimo a última semana epidemiológica.

5.2 Comparativo Simples de Métodos

Sabe-se que os resultados descritos acima são diretamente influenciados pelas condições iniciais geradas para S, E, I, R e β, γ, σ . Para ilustrar esse efeito, foi gerada uma simulação adicional baseada na melhor simulação descrita na tabela 1, repetida abaixo:

Beta	Sigma	Gama	Sem. Max	Sem. Min	Erro max	Erro min	Erro MMQ
0,469	0,117	0,153	7	25	-53,0	10,36	7730

Dessa vez, o interesse é descobrir quais os melhores valores, dentro do intervalo estipulado para β e γ , de acordo com os dados iniciais simulados para S, E, I, R, σ .

Para isso, esses valores iniciais foram replicados e o intervalo $[0.1, 0.5]$ foi percorrido para β e γ , sendo por fim aplicado o método de Runge-Kutta, produzindo o seguinte resultado:

Beta	Sigma	Gama	Erro MMQ
0,100	0,117	0,130	7515

Nota-se que o erro diminui em torno de 3%, no entanto, o tempo computacional gasto para execução aumenta em 1869%: a simulação que antes levava 0,42 segundos passa a levar 8,27 segundos, reforçando a utilidade do método citado em 3.5.

6 Conclusão

De acordo com os pontos aqui escritos, vemos que os modelos matemáticos são importantes armas no combate e prevenção de doenças, pois nos proporcionam material de qualidade para o entendimento do comportamento das mesmas e nos possibilitam traçar as melhores estratégias de prevenção.

Além disso, com os dados aqui simulados, percebemos que a falta de informação mais precisa impacta diretamente na simulação do modelo, dado que não temos como fazer melhores ajustes nas variáveis para descreverem com maior precisão a curva real da disseminação da doença.

Temos que o modelo obteve erros que eram diretamente impactados pela qualidade da dinâmica das simulações: os dados coletados se tratavam do período de surto da doença, então momentos de pico nos dados reais ocasionaram distorções para os valores de β, σ, γ .

Ainda assim, o modelo conseguiu capturar corretamente o comportamento da curva de infectados respeitando o período de reprodução dos vetores, que ocasiona a maior probabilidade de infecção pela Febre Amarela.

6.1 Sugestões para pesquisas futuras

Para a continuidade do trabalho, uma opção seria a implementação de mais variáveis no modelo SEIR para se obter uma melhor precisão, como as variáveis de dinâmica vital, dados dos vetores da doença, simulação de campanhas e vacinação, podendo até levar à inclusão de dados socioeconômicos e etários [R. M. ANDERSON e R. M. MAY]. Mesmo com essas adaptações, temos que ter em mente que o modelo nunca será perfeito, mas poderá ser útil.

Outras estratégias como a mudança de método de simulação poderiam ser feitas, mostrando como os métodos variam entre si, abrindo a possibilidade de uma comparação entre eles.

Referências

- Carl Friedrich Gauss. *Werke, vol. -104, p. 1-93, 1809*. Citado na página 26.
- De Paula, Renato Ricardo. *Método de Monte Carlo e Aplicações. Volta Redonda - RJ, 2014*. Citado na página 26.
- Herbert W. Hethcote. *The Mathematics of Infectious Diseases. SIAM Review, Vol. 42, No. 4. p. 599-653, 2000*. Citado na página 20.
- J. C. Butcher. *Numerical methods for ordinary differential equations. John Wiley Sons, p.93-100, 2008*. 28. Citado na página 25.
- N. Metropolis and S. Ulam. *The Monte Carlo method. Journal of the American Statistica, Association 44:335-341, 1949*. Citado na página 26.
- R. M. ANDERSON e R. M. MAY. *Age-related changes in the rate of disease transmission -10: implications for the design of vaccination programmes, 1985*. Citado na página 34.
- Rouquayrol, M. Z., Almeida Filho. *N. Epidemiologia Saúde. 6. ed. Rio de Janeiro: Medsi, p. 15-30, 2003*. Citado na página 20.
- Universidade de Berkeley. *Econometrics Laboratory Software Archive - Regression Analysis*. Citado na página 27.
- Yang, Hyun Mo. *Epidemiologia matemática: estudos dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta. Campinas: UNICAMP/FAPESP, 2001*. Citado na página 21.