

Modelo SIRC e a Dinâmica da Transmissão do Vírus Influenza A–H1N1

Adriano M. de Azevedo¹, Thales Bertaglia², Rogério L. Rizzi³, Claudia B. Rizzi³

¹Discente do Curso de Matemática – C.C.E.T.
UNIOESTE - Universidade Estadual do Oeste do Paraná

kbelomatematiko@hotmail.com

²Discente do Curso de Ciência da Computação – C.C.E.T.
UNIOESTE - Universidade Estadual do Oeste do Paraná

thales.bertaglia@gmail.com

³Docentes do C.C.E.T. - Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas
UNIOESTE - Universidade Estadual do Oeste do Paraná

claudia_rizzi@hotmail.com, rogeriorizzi@hotmail.com

Resumo. Neste trabalho é apresentado um modelo matemático para a dinâmica da transmissão do vírus influenza A–H1N1. Tal modelo é baseado num sistema de quatro equações diferenciais ordinárias não lineares, que não possui solução analítica conhecida. Assim, é apresentado um método numérico que, com apropriadas condições iniciais, é empregado para obter soluções aproximadas para o problema de valor inicial. Também são descritos alguns conceitos epidemiológicos e de modelagem compartimental, que são necessários ao adequado entendimento do aqui realizado.

1. Introdução

Pesquisas e trabalhos realizados sobre a transmissão de doenças infecto-contagiosas, entre outros eventos, envolve a compreensão de complexas características e padrões biológicos, ecológicos e epidemiológicos. Tais compreensões podem ser analisadas com o emprego da modelagem matemática e computacional, que se apresenta como relevante metodologia na identificação de cenários que requeiram a realização de estudos ou ações sobre determinadas situações, de modo a subsidiar seu planejamento, sua gestão e avaliação.

Sabe-se que as doenças infecciosas sempre assolaram a humanidade e são responsáveis por provocar inúmeras mortes. Um exemplo de destaque é a peste negra, que dizimou um quarto da população europeia no século XIV. Conforme dados da Organização Mundial da Saúde (OMS), novas doenças têm surgido num ritmo alarmante desde 1970. Dentre elas, pode-se citar a influenza A-H1N1, oriunda de um dos vírus gripais do tipo A.

Devido à relevância dessas questões, é importante desenvolver a modelagem matemática e computacional de fenômenos biológicos e, em particular, de fenômenos epidemiológicos, pois essa abordagem pode oferecer distintos cenários quanto à disseminação, prevenção, controle ou erradicação da doença a ser estudada.

2. Modelagem e Epidemiologia

A modelagem matemática vem assumindo um papel cada vez mais importante para os estudos epidemiológicos e o estabelecimento de políticas de saúde, podendo ser usada como ferramenta de auxílio à elaboração de estratégias e compreensão de fenômenos.

Para fins epidemiológicos a modelagem matemática e computacional tem dois objetivos claros. Um diz respeito à simulação ou predição da disseminação da doença. O outro é relativo à análise de procedimentos para prevenção, controle ou erradicação desta doença, como, por exemplo, os programas de vacinação.

A modelagem matemática e computacional de fenômenos epidemiológicos inicia-se com a modelagem conceitual ou matemática do fenômeno, onde o modelo matemático é construído sob hipóteses e considerações físicas, fisiológicas e biológicas. Nesse caso é importante considerar aspectos como: tempo de geração de uma infecção, capacidade de indução da imunidade por meio de vacina e capacidade de transmissão da infecção. Assim, modelos matemáticos têm se tornado ferramentas importantes na análise da difusão e controle de doenças infecciosas, pois clarificam condições, variáveis e parâmetros, permitindo, ao mesmo tempo, a elaboração de conceitos como população limiar, número básico de reprodução, taxa de contato e número de reposição [6].

Note-se que um modelo matemático nem sempre representa um problema real de maneira exata, em toda a sua complexidade, mas poderá levar a soluções bastantes próximas daquelas observadas na realidade.

2.1. Modelos Compartimentais

Alguns modelos possuem estruturas compartmentais, isto é, dividem a população total (N) em compartimentos (classes), utilizados para estudar a dinâmica de epidemias. Tais modelos surgiram da área de Sistemas de Controle, onde um dispositivo abstrato ou concreto recebe entradas e, como resposta, produz saídas. São representados por fluxogramas que indicam a passagem de um compartimento a outro, ou a saída de um compartimento para o ambiente ou ainda a entrada num compartimento vindo de fora do sistema.

Modelos do tipo compartimental oferecem uma boa representação da relação de causa e efeito para determinadas doenças. Entre seus objetivos está a modelagem e a representação compartimental de certas doenças transmissíveis, levando-se em consideração o percurso pelo qual passa um hospedeiro infectado e a forma como a infecção se transmite. Nesses modelos, um indivíduo pertence a um ou outro compartimento, dependendo do seu estado com relação à doença. Nesse sentido, os indivíduos podem ser classificados da seguinte forma [6]:

- Indivíduos com imunidade materna (M): Até por volta de 6 – 12 meses depois do nascimento, crianças recém-nascidas podem ser protegidas pela imunidade materna. Para propósitos de modelagem este fato é muitas vezes ignorado.
- Suscetíveis (S): Indivíduos sadios que ainda não tiveram contato com o vírus, mas que podem adquirir a doença se estiverem expostos a ela.
- Latentes ou Infectados (E): Aqueles que contraíram o vírus e, pela resposta imunológica, eliminam os agentes invasores após um período latente.
- Infecciosos, Infectivos ou Infectantes (I): São os indivíduos que podem transmitir a doença para algum indivíduo suscetível que entre em contato com ele.

- Removidos (R): São as pessoas que se livraram do vírus e se tornaram imunes (se recuperaram ou morreram).

Além destas classes, podem ser incluídos novos compartimentos conforme a doença a ser modelada, como, por exemplo, classes de vacinação, de indivíduos em quarentena e isolamento e indivíduos de imunidade cruzada. Considerando que as cinco classes acima cobrem todos os indivíduos da população, temos que $M + S + E + I + R = N$, e as proporções de indivíduos em cada categoria são representadas por letras minúsculas: $m = M/N$, $s = S/N$, $e = E/N$, $i = I/N$, $r = R/N$, cuja soma iguala-se à unidade, ou seja, $m + s + e + i + r = 1$.

2.1.1. Modelos Básicos

Levando em conta os diversos estados relacionados com o processo infeccioso, os modelos epidemiológicos se dividem em três grandes grupos:

- SIS (Suscetível – Infectado – Suscetível): Relacionado com doenças que não conferem imunidade, de modo que o indivíduo pode passar de infectado para suscetível.
- SIR (Suscetível – Infectado – Recuperado): Relacionado com as doenças em que os indivíduos infecciosos podem se recuperar e adquirir imunidade permanente.
- SIRS (Suscetível – Infectado – Recuperado – Suscetível): Idêntico ao anterior, porém, aplicável a casos em que a imunidade adquirida pelo indivíduo não é permanente, voltando a ser suscetível após certo tempo (imunidade temporária) ou, no caso em que a imunidade obtida, desde o primeiro momento, não proporciona proteção total (imunidade parcial).

Combinando os diferentes compartimentos, pode-se obter uma série de modelos, tais como o MSEIR, MSEIRS, SEIR, SEIRS, SIR, SIRS, SEI, SEIS, SI e SIS.

Em uma população muito grande ou para um intervalo de tempo suficientemente pequeno, a transferência de indivíduos entre compartimentos pode ser considerada um fenômeno contínuo e, portanto, podemos descrever matematicamente a variação do número de indivíduos dentro de cada compartimento, à medida que o tempo passa, através de sistemas de equações diferenciais.

3. Parâmetros Envolvidos em Epidemiologia Matemática

Definiremos parâmetros que estão envolvidos no modelo apresentado neste trabalho.

- Número de Reprodução Basal: O número de reprodução basal, geralmente denotado por R_0 , fundamental em epidemiologia. É um número adimensional, definido como o número médio de infecções secundárias produzidas por um único indivíduo primário infectivo durante todo o seu período infeccioso, em uma população inteiramente suscetível ao agente.

Para valores de $R_0 > 1$ a doença tem capacidade para invadir uma população totalmente suscetível, estabelecendo-se na população hospedeira e se tornando endêmica. Já para valores de $R_0 < 1$ a infecção não conseguirá se estabelecer, e, dessa forma, a menos de um resíduo, a doença é erradicada. No equilíbrio, isto é, quando a taxa na qual indivíduos são infectados é contrabalanceada pela taxa na

qual novos suscetíveis aparecem, tem-se $R_0 = 1$. Do ponto de vista da dinâmica de propagação da infecção, R_0 é o parâmetro ideal para se comparar diferentes cenários e estratégias de intervenção [6].

- Taxa de Contato: A taxa de contato é o número médio de contatos adequados de um indivíduo infectivo numa certa unidade de tempo, entendendo-se por contato adequado um contato em que a doença pode ser transmitida. Considerando a população constante, a taxa de contato total é expressa por [3]:

$$\beta = \beta' N, \quad (1)$$

onde β' é uma taxa de contato per capita constante, desconsiderando-se qualquer forma de heterogeneidade na forma de contato entre os indivíduos.

- Número de Reposição: É definido, para todo instante de tempo, como sendo o número de infecções secundárias causadas por uma infecção primária numa população que não é inteiramente suscetível. É sempre menor que R_0 .
- Força de Infecção: É a força exercida pela infecção sobre os suscetíveis, visando convertê-los em infectados, ou seja, a incidência per capita. Frequentemente representada por λ e pode ser escrita como [3]:

$$\lambda = \beta i, \quad (2)$$

onde β é a taxa de contato total e i corresponde à fração dos indivíduos infectantes.

- Limiar Populacional: A existência de um limiar populacional¹ se refere a uma densidade populacional mínima de suscetíveis abaixo da qual a epidemia se extingue ou não se instala. A introdução de casos infecciosos em uma população suscetível não leva a um surto epidêmico se a densidade populacional de suscetíveis for abaixo de certo valor crítico. Se, por outro lado, o valor crítico for excedido, ocorrerá um surto epidêmico.

Além disso, pode-se citar alguns parâmetros relacionados a estratégias de controle, visando erradicar ou controlar uma infecção, como a proporção crítica, que é a proporção mínima da população a ser efetivamente vacinada, e a profilática (preventiva), que determina a idade ótima para se imunizar uma população. Também podem ser considerados fatores relacionados ao custo financeiro das possíveis estratégias, para definir qual a estratégia mais efetiva a ser adotada diante de uma epidemia ou endemia [6].

4. Os Vírus Influenza

A influenza ou gripe é uma infecção viral aguda do sistema respiratório cujos vírus transmissores são vírus RNA de hélice única. Pertencem à família Orthomyxoviridae e constituem um dos principais problemas de saúde pública devido aos altos gastos com medicamentos, internamentos, dentre outros. Sua transmissão pode ser de forma direta, de pessoa para pessoa, ou de forma indireta, por meio do contato com as secreções do doente. Existem relatos da transmissão direta do vírus entre seres de espécies diferentes, especialmente a partir de aves e suínos para o homem [1]. Um indivíduo pode contraí-la várias vezes ao longo da vida.

¹Garantida pelo Teorema do Limiar, demonstrado por Kermack e McKendrick, em 1927 [6].

Clinicamente, a doença inicia-se com a instalação abrupta de febre alta, em geral acima de 38°C, seguida de dores no corpo, dor de garganta, prostração, cefaléia e tosse seca. A maior complicação pela infecção do vírus da influenza são as pneumonias [2].

Os vírus influenza são subdivididos em três tipos antigenicamente distintos: A, B e C [5]. Dentre os três tipos de influenza, os tipos A e B são os mais transmissíveis e mutáveis, principalmente o tipo A, considerado o mais importante epidemiologicamente para os seres humanos, uma vez que pode recombinar seus genes com aqueles de cepas circulantes em populações animais, como foi o caso da gripe aviária e, recentemente, da gripe suína, designado de A-H1N1.

Em poucas décadas, estas recombinações dão origem a novos subtipos virais, os quais são classificados de acordo com a natureza antigênica e genética de suas superfícies glicoprotéicas [4]. Essas proteínas são a hemaglutinina (H), uma proteína situada na camada mais externa do vírus, capaz de reconhecer e se ligar às células e aglutinar hemácias, sendo responsável por reconhecer e ligar o vírus às células do nosso sistema respiratório, e a neuraminidase (N), que facilita a saída das partículas virais do interior das células [5].

Sabe-se que existem dezesseis subtipos de hemaglutinina e nove subtipos de neuraminidase, sendo que nos vírus influenza A humanos já foram caracterizados três subtipos de hemaglutinina imunologicamente distintos (H1, H2 e H3) e duas neuraminidasas (N1 e N2) [2]. Estas variações dos vírus influenza resultam em alterações parciais de sua estrutura genética, podendo a doença se apresentar de forma mais ou menos grave, de acordo com a diversidade antigênica do agente causador da doença.

Os vírus influenza do tipo B, por sofrerem menos variações antigênicas, são responsáveis por surtos localizados, infectando somente os seres humanos. Já os vírus influenza do tipo C infectam humanos e suínos, porém, por serem antigenicamente estáveis, provocam doença subclínica e não ocasionam epidemias, motivo pelo qual merecem menos destaque em saúde pública [2].

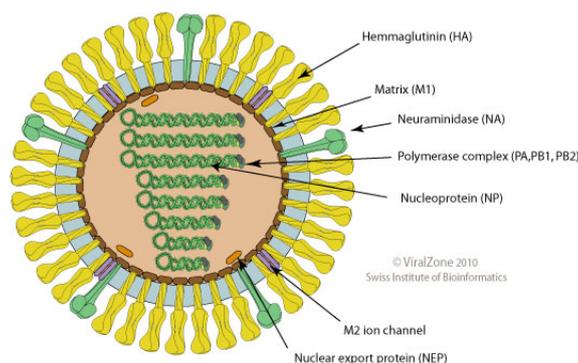
Neste trabalho, estudaremos apenas o tipo A, cujo vírion e genoma podem ser visualizados na Figura 1. Especificamente, estudaremos a dinâmica da transmissão do subtipo H1N1, denominado A/California/04/2009(H1N1)², responsável pela pandemia recente que vitimou milhares de pessoas ao redor do mundo.

5. O Modelo SIRC

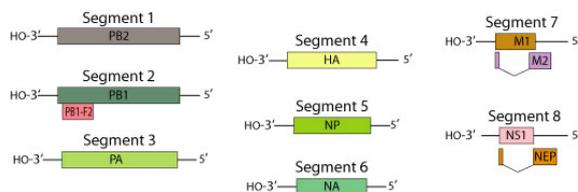
Modelos compartimentais foram introduzidos pela primeira vez por Kermack e McKendrick e, desde então, muitos modelos matemáticos têm sido propostos na literatura para descrever a ecologia interpandêmica da influenza A em seres humanos [4]. Neste trabalho, faz-se uma breve análise do modelo SIRC. Um estudo mais detalhado desse modelo está em desenvolvimento na monografia de Adriano Matheus Targino de Azevedo, no Curso de Licenciatura em Matemática, UNIOESTE.

O modelo SIRC foi desenvolvido a partir do modelo SIR, incluindo-se um quarto compartimento *C* para os indivíduos de imunidade cruzada na população, ou seja, in-

²A nomenclatura dos vírus influenza definida pela OMS inclui, na seguinte ordem, o tipo de vírus influenza, a localização geográfica onde o vírus foi isolado pela primeira vez, o número da série que recebe no laboratório, o ano do isolamento.



(a)



(b)

Figura 1: Vírion (a) e genoma (b) do vírus influenza A

divíduos imunes a uma determinada cepa do vírus, porém, suscetíveis às demais, podendo se infectar novamente. Ou seja, o indivíduo possui imunidade parcial às novas cepas [4].

Do ponto de vista epidemiológico, uma comunidade humana pode ser subdividida em qualquer tempo t em quatro compartimentos com respeito à cepa dominante em circulação de um subtipo de influenza A: a proporção de suscetíveis $S(t)$, ou seja, aqueles que não têm defesas imunológicas específicas contra aquela cepa em particular; a fração $I(t)$ daqueles indivíduos que estão infectados pela cepa dominante atual, portanto, infecciosa e as duas classes daqueles que estão totalmente ou parcialmente imunes a essa cepa, ou seja, o compartimento dos recuperados $R(t)$ e o compartimento dos indivíduos com imunidade cruzada $C(t)$, respectivamente [4].

O modelo assume a população como constante e, portanto, sendo N a população total, tem-se que $S + I + R + C = N$. O número de reprodução basal, R_0 , para este modelo é dado por [4]:

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu + \alpha} \quad (3)$$

Um componente crucial a ser considerado no modelo da gripe é a sazonalidade, que corresponde ao período apropriado para a transmissibilidade da infecção. Epidemias da gripe possuem características diferentes em diversas regiões do mundo. Conforme [4], distinguem-se duas categorias principais: regimes tropicais e regimes temperados. Pode-se introduzir a sazonalidade ao modelo SIRC assumindo que a transmissibilidade do vírus varia periodicamente ao longo do tempo, com um ciclo anual. Portanto, a taxa de contato β passa a ser uma função temporal, definida como [4]:

$$\beta(t) = \beta_0(1 + \epsilon \cos(2\pi t)), \quad (4)$$

onde β_0 representa a taxa base de transmissão e $0 \leq \epsilon \leq 1$ retrata o grau de sazonalidade.

5.1. Modelagem

O processo de modelagem, em resumo, inicia-se com um indivíduo suscetível que, ao entrar em contato com uma pessoa infectante, contamina-se. Esta relação de contágio é determinada por um coeficiente de transmissão, β , que é a taxa de contato. Conforme vai se recuperando da infecção, esse indivíduo sai da classe dos infectados e passa à classe dos recuperados a uma taxa α , a taxa de recuperação. Após sua recuperação plena, transfere-se, a uma taxa δ , para a classe dos indivíduos com imunidade cruzada, ou seja, suscetíveis, a uma taxa γ , porém, com imunidade parcial, reinfectando-se, com uma probabilidade média σ , somente em contato com uma cepa diferente da anterior. A fração dos indivíduos expostos a essa nova cepa e que, devido a uma resposta imunológica positiva não se contaminaram, são deslocados diretamente para o compartimento dos indivíduos recuperados. O fluxograma geral do modelo SIRC é mostrado na Figura 2.

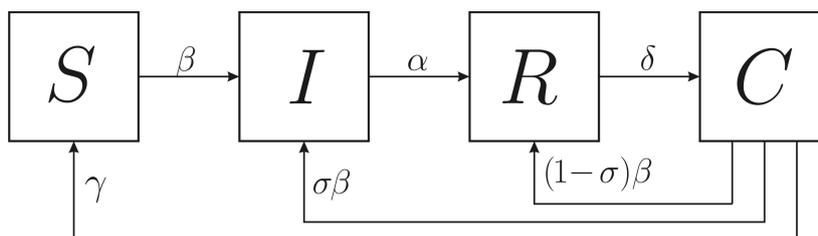


Figura 2: Fluxograma geral do modelo SIRC sem taxas vitais

Cada um dos cinco parâmetros α , β , γ , δ e σ tem um claro significado epidemiológico: β representa a taxa de contato entre os indivíduos; α , δ e γ representam o período em que o indivíduo permanece no compartimento I , R e C , respectivamente; e σ representa a probabilidade média de uma nova infecção de um indivíduo que possui imunidade cruzada.

Como se supõe que a probabilidade de reinfeção aumenta linearmente com o tempo desde a última infecção a uma taxa r de aproximadamente $0,026 \text{ anos}^{-1}$, um valor plausível para σ pode ser:

$$\sigma \cong r[\delta^{-1} + \gamma^{-1}], \tag{5}$$

em que δ^{-1} e γ^{-1} representam o tempo médio de permanência de um indivíduo nas classes R e C , respectivamente [4].

Sob as considerações precedentes, formalmente, o modelo SIRC pode ser representado pelo seguinte conjunto de quatro equações diferenciais ordinárias [4]:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta SI + \gamma C \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI + \sigma\beta CI - \alpha I \\ \frac{dR}{dt} = (1 - \sigma)\beta CI + \alpha I - \delta R \\ \frac{dC}{dt} = \delta R - \beta CI - \gamma C \end{array} \right. \tag{6}$$

Como a população é assumida ser constante a taxa de mortalidade em todos os

compartimentos, μ , é considerada igual à taxa dos recém-nascidos no compartimento dos indivíduos suscetíveis, ou seja, está se desconsiderando a dinâmica vital [4].

Como se trata de um sistema de equações diferenciais ordinárias não lineares, não existe métodos analíticos conhecidos que permitam explicitar suas soluções. Entretanto, pode ser feito uma análise qualitativa das equações que o compõem, visando determinar o comportamento de suas soluções quando a variável independente t tende ao infinito, sem necessariamente conhecer essas soluções. Para isto, deve-se desenvolver uma análise baseada na teoria da estabilidade das equações diferenciais.

É possível também encontrar uma solução numérica satisfatória, utilizando métodos numéricos adequados à solução de (6), com apropriadas condições iniciais.

6. Solução Numérica

Apresentamos a seguir um método eficaz para encontrar soluções aproximadas para (6). Essas soluções permitem a realização de simulações visando comparar os resultados obtidos com os dados empíricos sobre a influenza, utilizados na validação do modelo.

6.1. Método de Runge–Kutta de 4ª Ordem

Este método é conhecido na literatura como RK_4 e consiste fundamentalmente em aproveitar as qualidades dos métodos de série de Taylor sem a necessidade de calcular derivadas de uma função $f(x, y)$.

Associando ao sistema (6) $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, $R(0) = R_0$ e $C(0) = C_0$, condições iniciais para $t_0 = 0$, esse pode ser escrito matricialmente como:

$$\frac{dY}{dt} = \begin{bmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \\ \frac{dR}{dt} \\ \frac{dC}{dt} \end{bmatrix}, F(t, Y) = \begin{bmatrix} -\beta SI + \gamma C \\ \beta SI + \sigma\beta CI - \alpha I \\ (1 - \sigma)\beta CI + \alpha I - \delta R \\ \delta R - \beta CI - \gamma C \end{bmatrix}, Y(0) = \begin{bmatrix} S(0) = S_0 \\ I(0) = I_0 \\ R(0) = R_0 \\ C(0) = C_0 \end{bmatrix}$$

formando o problema de valor inicial (PVI)

$$\begin{cases} \frac{dY}{dt} = F(t, Y) \\ Y(t_0) = Y_0 \end{cases} \quad (7)$$

Um método RK_4 para resolver o PVI (7) é dado por

$$Y_{k+1} = Y_k + \frac{1}{6}[K_1 + 2K_2 + 2K_3 + K_4], \quad (8)$$

ou, equivalentemente, em forma matricial

$$\begin{bmatrix} S_{k+1} \\ I_{k+1} \\ R_{k+1} \\ C_{k+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} S_k \\ I_k \\ R_k \\ C_k \end{bmatrix} + \frac{1}{6} \left\{ \begin{bmatrix} K_1^S \\ K_1^I \\ K_1^R \\ K_1^C \end{bmatrix} + 2 \begin{bmatrix} K_2^S \\ K_2^I \\ K_2^R \\ K_2^C \end{bmatrix} + 2 \begin{bmatrix} K_3^S \\ K_3^I \\ K_3^R \\ K_3^C \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} K_4^S \\ K_4^I \\ K_4^R \\ K_4^C \end{bmatrix} \right\},$$

onde

$$\begin{aligned} K_1 &= \Delta t F(t_k, Y_k) \\ K_2 &= \Delta t F(t_k + 0,5\Delta t, Y_k + 0,5K_1) \\ K_3 &= \Delta t F(t_k + 0,5\Delta t, Y_k + 0,5K_2) \\ K_4 &= \Delta t F(t_k + \Delta t, Y_k + K_3). \end{aligned}$$

Δt corresponde ao passo de tempo considerado e é dado por

$$\Delta t = \frac{t_{final} - t_{inicial}}{n}, \tag{9}$$

em que $n > 0$ é o número de intervalos de tempo que se deseja tomar. Para tomar o passo de tempo adequado deve-se investigar a estabilidade do método RK.

Para resolver o PVI (7) pelo método RK₄ (8) deve-se considerar condições iniciais apropriadas S_0, I_0, R_0 e C_0 quando $t_0 = 0$. É necessário também atribuir valores aos parâmetros envolvidos no processo de modelagem para verificar a validação do modelo. A Tabela 1 fornece um intervalo de valores a serem atribuídos no método numérico.

Parâmetro	Min	Max
α	365/7 anos ⁻¹	365/2 anos ⁻¹
γ	1/5 ano ⁻¹	1/2 ano ⁻¹
δ	1/2 ano ⁻¹	1 ano ⁻¹
σ	0.05	0.2

Tabela 1: Valores mínimos (min) e máximos (max) a serem atribuídos aos parâmetros do modelo SIRC [4]

Respeitando os possíveis valores para os parâmetros, apresentados na Tabela 1, atribuíram-se $\alpha = 365/3$ anos⁻¹, $\gamma = 0,35$ ano⁻¹, $\delta = 0,625$ ano⁻¹ e $\sigma = 0,005$ ano⁻¹. Considerando uma região temperada e os valores utilizados por [4], assume-se $\beta_0 = 400$ e $\epsilon = 0,18$, fornecendo uma taxa de contato $\beta(t)$, de acordo com a equação (4). Para as condições iniciais quando $t_0 = 0$, utilizou-se $S(0) = 0,15$, $I(0) = 0,001$, $C(0) = 0,44$ e $R(0) = 1 - I(0) - S(0) - C(0)$, com base nos testes realizados por [4].

A Figura 3 exibe o gráfico do modelo SIRC aplicado ao método RK₄, implementado em linguagem C no ambiente Geany, plotado com o software Gnuplot para um tempo de 16 anos, com 30.000 iterações, em intervalos de tempo $\Delta t \approx 0,195$ dias.

Nota-se que as intensidades das epidemias determinam a variação das frações de indivíduos nos quatro compartimentos. Inicialmente, na ausência de epidemia, a quantidade de indivíduos infectados é praticamente nula, ocasionando um crescimento dos indivíduos suscetíveis. Dessa forma, os indivíduos recuperados transitam para o compartimento dos indivíduos com imunidade cruzada e retornam em seguida para o grupo dos suscetíveis. Em contrapartida, quando há indícios de epidemia por alguma cepa viral dominante, a fração de suscetíveis decai rapidamente, contrastando com o crescimento dos indivíduos recuperados, e a classe de indivíduos com imunidade cruzada cresce conforme a transição dos recuperados para seu compartimento.

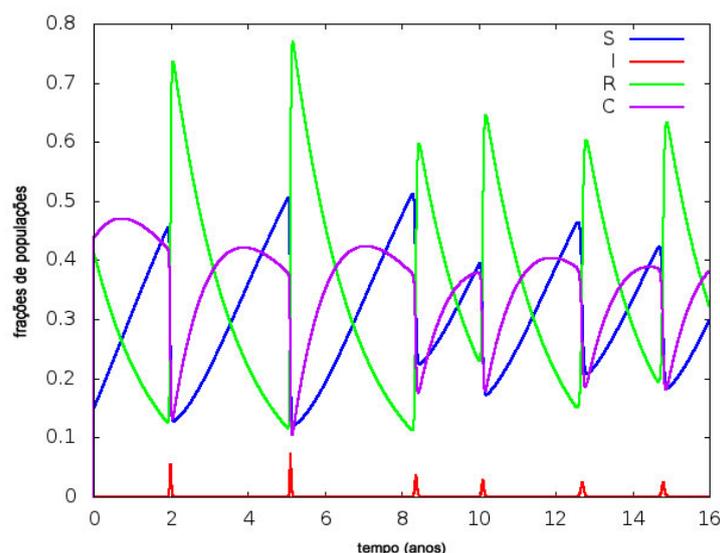


Figura 3: Gráfico das populações de suscetíveis (S), infectados (I), recuperados (R) e indivíduos com imunidade cruzada (C) usando o modelo SIRC

7. Considerações Finais

Com base nos valores dos parâmetros apresentados na Tabela 1 e nos dados disponíveis em [4], conclui-se, de acordo com [4], que os resultados são coesos com informações estatisticamente provadas em pesquisas laboratoriais. Salientamos que, em hipótese alguma, as implementações foram feitas visando a criação de um cenário, isto é, foram feitas exclusivamente com base nos dados existentes na literatura. Não obstante, após verificar a eficiência computacional e a acurácia do método RK_4 , pode-se construir, em parceria com a Secretaria Municipal de Saúde, um cenário com uso de dados específicos do município de Cascavel-PR para a dinâmica da transmissão do H1N1 nesta região.

Referências

- [1] BRASIL. Ministério da Saúde, *Doenças infecciosas e parasitárias: guia de bolso*, Ministério da Saúde – Secretaria de Vigilância em Saúde – Departamento de Vigilância Epidemiológica, Brasília – DF, 7. ed., 2008.
- [2] BRASIL. Ministério da Saúde, *Guia de vigilância epidemiológica*, Ministério da Saúde – Secretaria de Vigilância em Saúde – Departamento de Vigilância Epidemiológica, Brasília – DF, 7. ed., 2009.
- [3] CAETANO, M. T. P., *Modelagem Matemática da Influenza A(H1N1)*, “dissertação de mestrado”, Universidade Estadual de Campinas, Campinas – SP, 04 2010.
- [4] CASAGRANDE, R., et al, “The SIRC model and influenza A”, *Mathematical Biosciences*, Vol. 200, No. 2, 02 2006, pp. 18.
- [5] MURRAY, P. R.; ROSENTHAL, K. S.; PFAÜER, M. A., *Microbiología médica*, chap. 60, Elsevier, Madrid, Espanha, 5. ed., 01 2005, p. 963.
- [6] QUARTIERI, M. T., *Estudo de Modelos Epidemiológicos Determinísticos Básicos em Doenças Causadas por Microparasitas*, “dissertação de mestrado”, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre – RS, 06 2004.