

Modelo SIS com dinâmica vital e população total não constante baseado em regras fuzzy

Laécio Carvalho de Barros¹

Depto de Matemática Aplicada
IMECC, UNICAMP
13083-970, Campinas, SP
e-mail: laecioch@ime.unicamp.br

Renata Zotin Gomes de Oliveira

Depto de Matemática – IGCE, UNESP
13500-230, Rio Claro, SP
e-mail: rzotin@rc.unesp.br

Maria Beatriz Ferreira Leite

Faculdade de Matemática
CEATEC – PUC-Campinas
13086-900, Campinas, SP
e-mail: biaemiti@sigmanet.com.br

Rodney Carlos Bassanezi

Depto de Matemática – UFABC
09210-170, Santo André, SP
e-mail: rodney@ime.unicamp.br

Resumo: Neste trabalho utilizamos regras fuzzy para descrever as transições entre os compartimentos no modelo SIS (suscetíveis – infectados – suscetíveis) com dinâmica vital e população total não constante. Consideramos aqui o caso em que a taxa de natalidade supera a de mortalidade. A partir da solução obtida via controladores fuzzy [2], observamos que a população de suscetíveis atinge um valor máximo, dependente da condição inicial, além da ausência de equilíbrio não trivial. Essas características estão de acordo com o comportamento qualitativo do modelo SIS clássico com as mesmas hipóteses [6].

1. Introdução

O estudo de modelos epidemiológicos é de fundamental importância para a adoção de medidas e estratégias de controle de epidemias. Em [3] um modelo do tipo SIS, com dinâmica vital e população total constante é estudado utilizando a lógica fuzzy como ferramenta. Um sistema baseado em regras fuzzy para as taxas de crescimento específicas de ambas as classes é obtido sem o auxílio de equações determinísticas e analisado a partir da Teoria de Controladores Fuzzy ([4],[7]), aliada à métodos de Análise Numérica. A análise via base de regras, pode ser fundamental na estimativa de parâmetros e

permite um tratamento matemático de variáveis com um certo grau de subjetividade. Neste trabalho, temos por objetivo dar seqüência ao trabalho desenvolvido em [3], ou seja, o estudo do modelo SIS com dinâmica vital, considerando agora população não constante, utilizando a Teoria de Controladores Fuzzy.

2. O modelo clássico

As equações que descrevem um modelo determinístico clássico do tipo SIS com dinâmica vital e população total não constante são ([5], [6]):

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI + \gamma I + \mu N - \delta S \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \delta I \end{cases} \quad (1)$$

onde

S é a população de indivíduos suscetíveis;

I é a população de indivíduos infectados;

$N=S+I$ é a população total;

β é a taxa de contato

μ é a taxa de natalidade

δ é a taxa de mortalidade

γ é a taxa de recuperação (γ^{-1} é o período infeccioso).

Considerando o caso no qual $\mu > \delta$ (a taxa de natalidade é maior que a taxa de mortalidade), verificamos que não há pontos de equilíbrio para o modelo proposto (1). No plano de fase abaixo (Figura 1), estão representadas as

¹ Suporte Financeiro: FAPESP CNPq 307890/2006-6

isóclinas $\frac{dS}{dt} = \frac{dI}{dt} = 0$ e uma trajetória com uma condição inicial (S_0, I_0) .

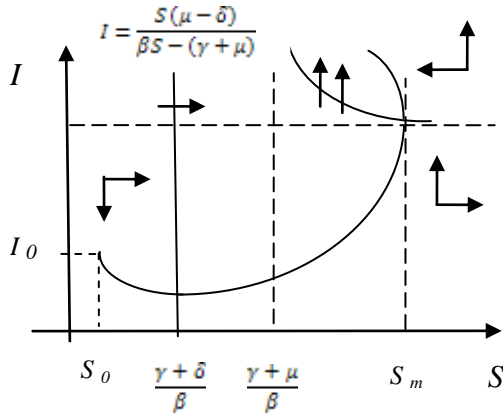


Figura 1: Plano de fase para o modelo (I)

É importante observar que, no modelo (I) acima, dependendo da quantidade inicial de infectados $I_0 > 0$, o número de suscetíveis cresce até atingir um valor máximo S_m quando a trajetória intercepta a isóclina $I = \frac{S(\mu-\delta)}{\beta S - (\gamma+\mu)}$ (obtida de $\frac{dS}{dt} = 0$). Para a condição inicial ilustrada na Figura 1, o número de indivíduos suscetíveis tende a $S = \frac{\gamma+\mu}{\beta}$ quando $t \rightarrow +\infty$ e, apesar do número de indivíduos infectados decrescer temporariamente, a doença se estabelece na população.

Para o modelo SIS clássico com dinâmica vital e população total constante, a condição necessária para a propagação da doença é que o Valor de Reprodutibilidade Basal, R_0 (que indica o número de casos novos a partir de um único infectado), seja maior que 1 ([3]). Este valor resulta de $dI/dt > 0$ no início do processo infeccioso. Porém, de acordo com a discussão acima, esta condição ($dI/dt > 0$), não é necessária para a propagação da doença na população supondo população total não constante.

3. O modelo fuzzy

As regras que definem a dinâmica do modelo são baseadas nas taxas intrínsecas de crescimento de ambas as classes: $1/S dS/dt$ e $1/I dI/dt$.

Para os infectados admitimos que:

a) para cada S fixo, o crescimento $(1/I) dI/dt$ é constante;

b) o crescimento específico $(1/I) dI/dt$ aumenta com S , sendo negativo para S baixo.

Já para os suscetíveis, admitimos que:

a) esta classe nunca se extingue e também não cresce ilimitadamente: $(1/S)dS/dt$ é positiva para pequenas quantidades de S e é negativa para grandes quantidades de S .

b) $(1/S)dS/dt$ é crescente com I quando S é pequeno;

c) $(1/S)dS/dt$ depende de S e I .

Consideramos S , I , $(1/S)dS/dt$ e $(1/I) dI/dt$ como variáveis linguísticas. Os termos considerados para S foram baixo (B), médio baixo (M1), médio alto (M2) e alto (A). Para I os termos foram baixo (B), médio (M) e alto (A). Para $(1/S)dS/dt$ os termos linguísticos são baixo (B), médio (M), alto (A), baixo negativo (BN), médio negativo (MN) e alto negativo (AN) e para $(1/I) dI/dt$ são baixo negativo (BN), baixo (B) e alto (A).

Propomos 12 regras, como apresentadas na Tabela 1 e ilustradas na Figura 2.

Tabela 1: Base de Regras Fuzzy

1. Se S é B e I é B então $(1/S)dS/dt$ é B e $(1/I)dI/dt$ é BN.
2. Se S é B e I é M então $(1/S)dS/dt$ é M e $(1/I)dI/dt$ é BN.
3. Se S é B e I é A então $(1/S)dS/dt$ é A e $(1/I)dI/dt$ é BN.
4. Se S é M1 e I é B então $(1/S)dS/dt$ é B e $(1/I)dI/dt$ é B.
5. Se S é M1 e I é M então $(1/S)dS/dt$ é M e $(1/I)dI/dt$ é B.
6. Se S é M1 e I é A então $(1/S)dS/dt$ é M e $(1/I)dI/dt$ é B.
7. Se S é M2 e I é B então $(1/S)dS/dt$ é M e $(1/I)dI/dt$ é B.
8. Se S é M2 e I é M então $(1/S)dS/dt$ é B e $(1/I)dI/dt$ é B.
9. Se S é M2 e I é A então $(1/S)dS/dt$ é BN e $(1/I)dI/dt$ é B.
10. Se S é A e I é B então $(1/S)dS/dt$ é MN e $(1/I)dI/dt$ é A.
11. Se S é A e I é M então $(1/S)dS/dt$ é MN e $(1/I)dI/dt$ é A.
12. Se S é A e I é A então $(1/S)dS/dt$ é AN e $(1/I)dI/dt$ é A.

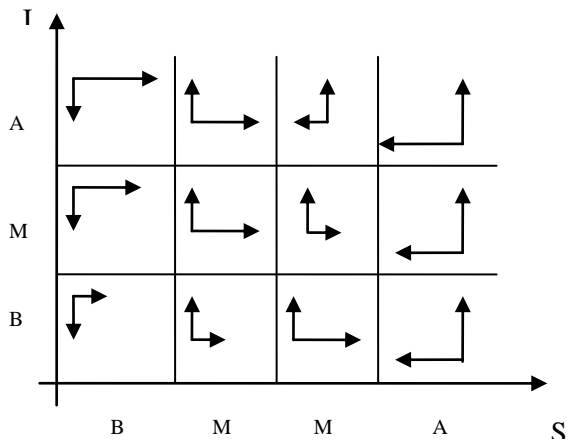


Figura 2 – Representação esquemática das regras.

Na Figura 3 apresentamos as funções de pertinência para os conjuntos fuzzy considerados.

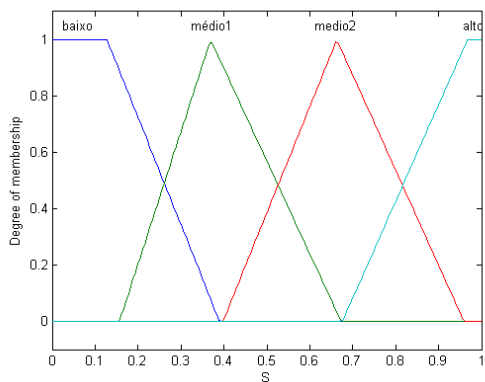


Figura 3a. Funções de pertinência para S.

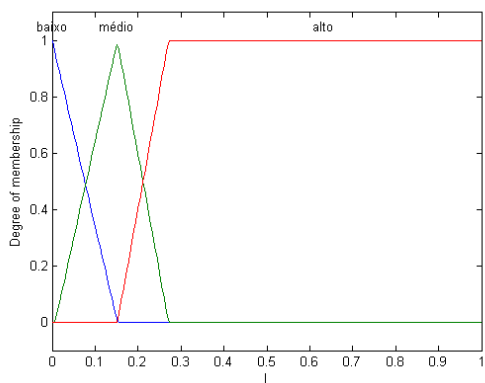


Figura 3b. Funções de pertinência para I.

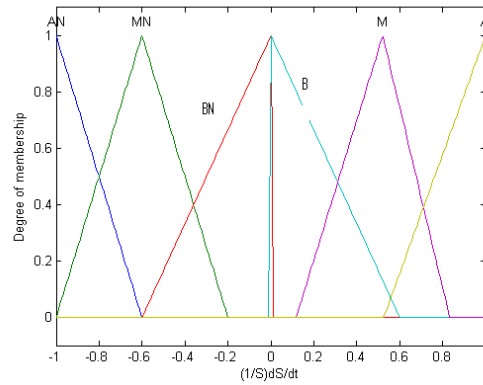


Figura 3c. Funções de pertinência para $\frac{1}{S} \frac{dS}{dt}$.

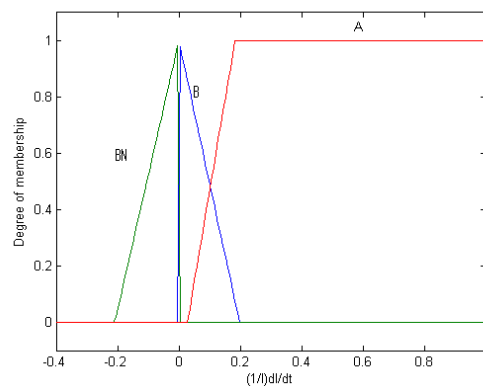


Figura 3d. Funções de pertinência para $\frac{1}{I} \frac{dI}{dt}$.

A Figura 4 representa o campo de direções obtido pelo controlador fuzzy a partir do Método de Inferência de Mamdani gerado com o auxílio do software Matlab.

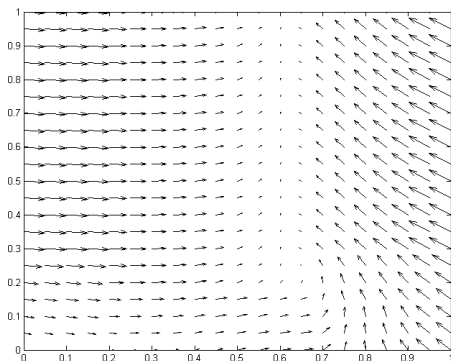


Figura 4. Campo de direções gerado pelo sistema fuzzy.

4. Resultados das Simulações

As simulações são obtidas a partir da combinação dos controladores fuzzy com

métodos numéricos para equações diferenciais ordinárias, como Runge-Kutta. A Figura 5 indica nossa metodologia.

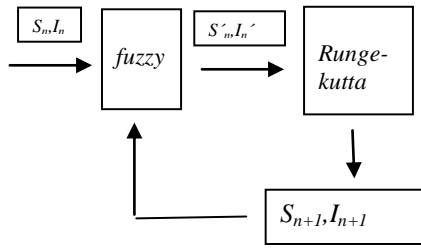


Figura 5. Esquema iterativo combinando controlador fuzzy e o método numérico de Runge-Kutta.

Os gráficos mostrados nas Figuras 5 e 6 apresentam o plano de fase e a trajetória para diferentes condições iniciais ([5]).

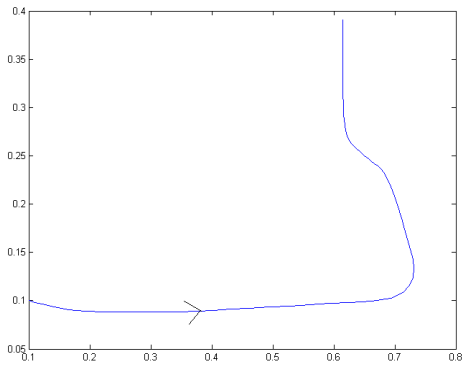


Figura 5(a): Plano de fase SxI com $S(0)=0,1$ e $I(0)=0,1$.

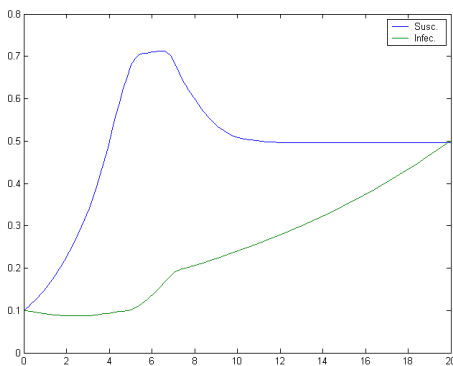


Figura 5(b): Trajetórias $S(t)$ e $I(t)$ com $S(0)=0,1$ e $I(0)=0,1$.

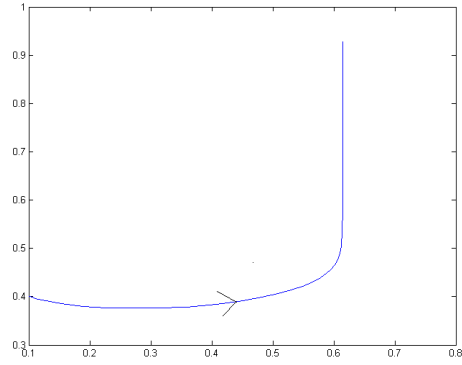


Figura 6(a): Plano de fase SxI com $S(0)=0,1$ e $I(0)=0,4$

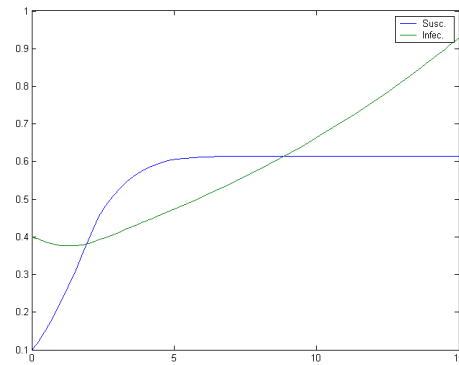


Figura 6(b): Trajetórias $S(t)$ e $I(t)$ com $S(0)=0,1$ e $I(0)=0,4$.

5. Considerações Finais

Observamos que o modelo baseado em regras fuzzy tem o mesmo comportamento qualitativo do modelo clássico, onde a população de suscetíveis assume um valor máximo que aumenta, se I_0 diminui. Isto pode ser constatado comparando-se qualitativamente os planos de fase clássico e fuzzy: nas Figuras 1 e 5a o número inicial de infectados é “pequeno” (valores abaixo da isóclina $dI/dt=0$) enquanto que na 6a o número inicial de infectados é “grande” (valores acima da isóclina $dI/dt=0$).

As regras usadas descrevem um modelo geral do tipo SIS. Para levar em conta características de uma doença específica, as regras devem ser ajustadas. Para formular as regras da Tabela 1 foram considerados aspectos genéricos de um modelo SIS com população total não constante de acordo com Figura 1. Não foram levadas em conta

quaisquer características de uma doença específica, e, portanto, as bases de cada função de pertinência representadas na Figura 3 foram tomadas arbitrariamente, respeitando-se apenas a ordenação dos termos lingüísticos utilizados.

A partir dos gráficos anteriores é possível estimar alguns dos parâmetros relacionados a doença considerados no modelo clássico (I), como as taxas de contato β e de recuperação γ .

Para o conjunto de dados das Figuras 5(a) e 5(b), temos, aproximadamente que quando $t \rightarrow \infty$, $S \rightarrow \frac{\gamma + \mu}{\beta} = 0,6$. Além disso, $I' = 0$

quando $\frac{\gamma + \delta}{\beta} = 0,3$. Resolvendo este sistema,

obtemos $\gamma = \mu - 2\delta$ e $\beta = \frac{(\mu - \delta)}{0,3}$. Supondo

que os parâmetros μ e δ independem da doença (não há taxa de mortalidade adicional devido à doença e a doença não afeta a taxa de natalidade), a estimativa dos valores para parâmetros γ e β fica em função dos parâmetros demográficos μ e δ .

O estudo de parâmetros para indicar o estabelecimento de doenças em populações não constantes requer a investigação não apenas do R_0 , sendo necessária também a análise de outras taxas, como R_I (taxa de reprodutibilidade basal populacional), que representa a taxa líquida de reprodução em uma população livre da doença ([1]).

6. Referências

[1] S. Busenberg; P. van den Driessche. Analysis of a disease transmission model in a population with varying size. *Journal of Mathematical Biology*, 28:257-270, 1990.

[2] L.C. Barros, R.C. Bassanezi. *Tópicos de Lógica Fuzzy e Biomatemática*. 1ª.ed., Campinas, IMECC-UNICAMP, 2006.

[3] L.C.Barros, M.B.F. Leite, R.Z.G. Oliveira, R.C. Bassanezi. Sobre incertezas em modelos epidemiológicos do tipo SIS, *Biomatemática* 17 pp. 47-54, (2007).

[4] L.C.Barros, R.C. Bassanezi, R.Z.G. Oliveira, *Fuzzy differential inclusion: An application to epidemiology*, *Soft Methodology and Random Information Systems*, vol. I, Springer, Warsaw, pp. 631-637, (2004).

[5] L. Edelstein-Keshet, *Mathematical Models in Biology*, New York: Random House, 1988.

[6] R. C. Bassanezi e W.C. Ferreira Jr, *Equações Diferenciais com Aplicações*, Edit. Harbra, São Paulo, 1988.

[7] W.Pedrycz, F. Gomide, *An introduction to fuzzy sets: analysis and design*, The MIT Press, Massachusetts, 1998