



Universidade Estadual de Maringá
Centro de Ciências Exatas
Departamento de Física

Trabalho de Conclusão de Curso

Estudo do modelo SIR por meio de soluções numéricas

Acadêmico: Andrey Karvat

Orientador: Prof. Dr. Miguel Jorge Bernabé Ferreira

Coorientador: Prof. Dr. Breno Ferraz de Oliveira

Maringá, 2025



Universidade Estadual de Maringá
Centro de Ciências Exatas
Departamento de Física

Trabalho de Conclusão de Curso

Estudo do modelo SIR por meio de soluções numéricas

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Departamento de Física da Universidade Estadual de Maringá, sob orientação do professor Dr. Miguel Jorge Bernabé Ferreira, como parte dos requisitos para obtenção do título de bacharel em Física

Acadêmico: Andrey Karvat

Orientador: Prof. Dr. Miguel Jorge Bernabé Ferreira

Coorientador: Prof. Dr. Breno Ferraz de Oliveira

Maringá, 2025

Sumário

Agradecimentos	iii
Resumo	iv
Introdução	1
1 Equações Diferenciais e Soluções Analíticas	3
1.1 Equações Diferenciais	3
1.1.1 Notações	3
1.1.2 " <i>Love Story</i> ": O Uso de EDOs para Descrever Relacionamentos	5
1.2 Resolução Analítica de uma EDO	6
2 Soluções Numéricas	8
2.1 Soluções Determinísticas por Runge-Kutta	8
2.1.1 Método de Runge-Kutta de Primeira Ordem	9
2.1.2 Método de Runge-Kutta de Segunda Ordem	9
2.1.3 Método de Runge-Kutta de Quarta Ordem	10
2.1.4 Método de Runge-Kutta-Fehlberg	11
2.2 Soluções Estocásticas por Monte Carlo	12
2.2.1 Definição	12
2.2.2 Histórico	12
2.2.3 Exemplos	12
2.2.4 Algoritmo para o Modelo SIR	14
3 Epidemiologia	15
3.1 Histórico	15
3.2 Epidemiologia Matemática	16
3.2.1 Modelo SIR	16
3.3 Número Básico de Reprodução e Número Efetivo de Reprodução	17
3.4 Imunidade de Rebanho	19
4 Resultados	20
4.1 Comparação entre os Métodos Determinísticos	20
4.2 Resultados Determinísticos	22
4.2.1 $R_0 > 1$	23
4.2.2 $R_0 < 1$	24
4.2.3 $R_0 = 1$	24
4.2.4 Imunidade de Rebanho	25
4.3 Resultados Estocásticos	26

4.3.1	$R_0 > 1$	26
4.3.2	$R_0 < 1$	28
4.3.3	$R_0 = 1$	29
4.3.4	Imunidade de Rebanho	30
4.4	Comparação entre Soluções Determinísticas e Estocásticas	32
Considerações Finais		34
Referências Bibliográficas		35

Agradecimentos

Primeiramente, agradeço a Deus por ter me dado forças e esperança para seguir em frente, foi necessário.

Aos meus orientadores, Miguel Jorge Bernabé Ferreira e Breno Ferraz de Oliveira, pela orientação e paciência.

À UEM e ao DFI por tudo o que aprendi e pelas pessoas que conheci.

Ao MUDI, trUEM e Newston, projetos que, além da bolsa, me ensinaram muito e me permitiram conhecer grandes amigos. Agradeço especialmente aos professores Celso Ivam Conegero, Jurandir Hillmann Rohling e Luciano Carvalhais Gomes, meus orientadores no MUDI, e, novamente, ao professor Breno Ferraz de Oliveira, coordenador do trUEM e Newston, que foi meu orientador no PIC e sempre me ajudou e ensinou durante a graduação.

Agradeço à professora Hatsumi Mukai, por ter ministrado a disciplina de TCC e por todo o auxílio na organização.

Ao professor Mauro Luciano Baesso, por ter ministrado a disciplina “Fundamentos e história da Microscopia Óptica para obtenção de imagens de espécimes biológicos e de assinaturas espectrais: Teoria e Prática”, em que aprendi muito, e considere importante para minha formação.

Aos meus amigos, André Resun, que sempre esteve disposto a me ajudar em qualquer situação, por ter me iniciado no mundo da confeitaria, por me fazer ter uma vida social em Maringá, e me mostrar que cigarro não vale a pena, porque é caro. Luana Duarte, por ter me ajudado a conseguir uma bolsa no MUDI, me feito aprender mais de química do que eu gostaria, e pela companhia e fofocas nas noites no museu. Márcia Cervantes, por ter me arrumado um emprego, tentado me ensinar o “jeito certo” de descascar mamão, e pelas conversas sobre GoT no RU. E, em especial, João Pedro, minha dupla de laboratório desde sempre, que sempre pagou minhas dívidas, me ajudou a estudar para todas as provas, me fez voltar a tocar guitarra, tornando-se mais que um amigo, um colega. E, por último, mas não menos importante, Yasmin Tami, a principal cobaia para experimentar meus bolos, por nunca ter roubado minhas tupperwares, por ouvir tanto as fofocas quanto os desabafos, pelas lições sobre esmaltes, shampoos e culinária, por toda a ajuda em resolver listas e estudar para provas e, principalmente, pela ajuda no TCC, me emprestando livros, e me obrigando a parar de procrastinar.

À todos os demais amigos, colegas e professores que me ajudaram direta ou indiretamente durante a graduação.

Agradeço também à minha teimosia, ou talvez burrice, pois sempre que pensei em desistir do curso, pensava que não valeria a pena, que estava “quase” terminando.

Ao Paramore, Linkin Park, RHCP, Katy Perry, Taylor Swift, Dio, DragonForce, Rihanna, Lady Gaga e Nightwish pela trilha sonora.

E, finalmente, agradeço à minha família, por todo o apoio que me deram, não só durante a graduação, mas em toda a minha vida.

Resumo

Neste trabalho resolveu-se o modelo SIR numericamente de forma determinística e estocástica, para diferentes valores de R_0 , e havendo, ou não, imunidade de rebanho. Para as soluções estocásticas resolveu-se pelo método de Monte Carlo *off-lattice*. Para as determinísticas, pelos métodos de Euler, Runge-Kutta de 2ª ordem, Runge-Kutta de 4ª ordem e Runge-Kutta-Fehlberg. Além disso, fez-se uma comparação entre os métodos determinísticos, por meio de seus resultados e tempos de execução.

Palavras chave: Runge-Kutta, Modelo SIR, Método de Monte Carlo.

Introdução

As epidemias, ao longo da história, se mostraram um grande desafio enfrentado pela humanidade [1], causando mais mortes do que guerras. Entre os exemplos mais devastadores, destacam-se a Peste Negra, que, em apenas três anos, foi responsável pela morte de aproximadamente um quarto da população europeia, e, mais recentemente, a COVID 19 [2] que, no período de 2 anos, matou cerca de 14,9 milhões de pessoas, direta ou indiretamente, ao redor do globo. Visto o grau de periculosidade, e o fato de não ser um problema restrito ao passado, torna-se vital o estudo sobre doenças, visando tanto uma prevenção, quanto um combate mais eficaz. O presente trabalho explora uma abordagem matemática sobre a difusão de doenças, o objetivo é encontrar soluções estocásticas, pelo método de Monte Carlo *off-lattice*¹, e numéricas, pelo método de Runge-Kutta, para as equações diferenciais ordinárias do modelo SIR.

Em 1927, William Kermack e Anderson McKendrick publicaram o artigo “*Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*”² [3], no qual introduziram o modelo SIR (Suscetíveis, Infectados, Recuperados). Esse modelo é capaz de descrever a evolução de surtos epidêmicos, ao dividir a população em grupos, e estudar suas interações ao longo do tempo. Essa dinâmica entre os diferentes grupos é descrita por um sistema de EDOs.

Assim como afirma Strogatz: “*In the 300 years since Newton, mankind has come to realize that the laws of physics are always expressed in the language of differential equations.*”³ [4]. As equações diferenciais (EDs) são consideradas a “linguagem da natureza”, pois permitem descrever fenômenos físicos, químicos e biológicos de forma precisa.

Essa classe de equações descreve relações entre uma função f e suas derivadas, sendo indispensável a presença de pelo menos uma derivada para que a equação seja classificada como diferencial [5]. Além disso, diferente das equações algébricas, cujas soluções são números específicos, as soluções de equações diferenciais são funções. Tais equações são utilizadas para descrever como um determinado sistema evolui, de acordo com uma variável independente, tais como tempo ou espaço, e podem ser classificadas como Equações Diferenciais Ordinárias (EDOs), ou Equações Diferenciais Parciais (EDPs).

Embora o modelo SIR seja amplamente utilizado, encontrar suas soluções, de forma analítica, é possível apenas em casos específicos. Em situações mais complexas, como aquelas com parâmetros variáveis ou cenários realistas, torna-se necessário o uso de métodos numéricos. O método de Runge-Kutta destaca-se por ser uma técnica numérica eficiente e com resultados, embora aproximados, altamente acurados para a solução de EDOs, permitindo resolver de forma satisfatória as equações diferenciais do modelo SIR [5].

Apesar de sua elevada exatidão, o método de Runge-Kutta depende do tamanho do

¹A tradução livre seria "fora da malha" ou "fora da grade". No entanto, o padrão na literatura científica é utilizar o termo em inglês, devido à sua ampla aceitação na área

²Contribuição para Teoria Matemática das Epidemias.

³Nos 300 anos desde Newton, a humanidade percebeu que as leis da física são sempre expressas na língua de equações diferenciais.

passo de integração. Passos muito grandes podem resultar na perda de informações críticas da solução, enquanto passos muito pequenos podem aumentar desnecessariamente o custo computacional. Para lidar com esse problema, utiliza-se o passo adaptativo, um algoritmo que ajusta automaticamente o tamanho do passo de integração de acordo com as características locais da solução, garantindo um equilíbrio entre precisão e eficiência computacional [6].

Além disso, será utilizada a simulação de Monte Carlo, uma técnica desenvolvida por John von Neumann e Stanislaw Ulam durante a Segunda Guerra Mundial. Este método baseia-se na realização de simulações com amostras aleatórias, ou pseudo-aleatórias, para estimar soluções numéricas de problemas complexos, como a integração de curvas não lineares ou sistemas estocásticos. A simulação de Monte Carlo é particularmente útil em contextos em que há incertezas ou variações aleatórias nos parâmetros, o que pode ser aplicado ao modelo SIR para explorar diferentes cenários de propagação de doenças [7].

Neste trabalho, será aplicado o método de Runge-Kutta de ordens superiores, com passo adaptativo, em conjunto com a simulação de Monte Carlo *off-lattice*, para resolver o modelo SIR, e analisar sua dinâmica sob diferentes condições. Será utilizado a linguagem de programação C, para fazer os cálculos e simulações, Gnuplot para os gráficos, e Shell para automatizar o processo. O objetivo é proporcionar uma compreensão mais profunda da propagação de doenças infecciosas, combinando acurácia numérica com a flexibilidade proporcionada por métodos estocásticos.

O presente trabalho está organizado em quatro capítulos. O primeiro capítulo aborda as equações diferenciais, apresentando métodos de solução analítica. O segundo capítulo explora as soluções numéricas, sendo a primeira seção dedicada ao método determinístico de Runge-Kutta e a segunda ao método estocástico de Monte Carlo. No terceiro capítulo, o foco está na epidemiologia, incluindo seu histórico, o modelo SIR, e conceitos fundamentais como o número básico de reprodução e imunidade de rebanho. Por fim, o quarto capítulo apresenta os resultados obtidos: a primeira seção compara a eficiência entre os métodos determinísticos, enquanto a segunda e a terceira se dedicam às soluções determinística e estocástica do modelo SIR em diferentes cenários. A última seção discute as diferenças entre esses métodos em situações extremas.

Capítulo 1

Equações Diferenciais e Soluções Analíticas

Neste capítulo será abordado o que são equações diferenciais, seus tipos, diferentes usos, notações, e como resolve-lás analiticamente.

1.1 Equações Diferenciais

Equações são igualdades que relacionam duas expressões, em que em pelo menos uma há a presença de uma incógnita. Equações algébricas apresentam como incógnitas números, por sua vez as equações diferenciais tem como incógnitas funções, as quais estão relacionadas às suas derivadas [8]. Uma equação diferencial é, portanto, uma igualdade que relaciona uma ou mais incógnitas de um determinado sistema, com suas derivadas. Equações diferenciais em que suas funções possuem apenas uma variável independente, e que resultam em uma solução na qual a função possui apenas uma variável são chamadas de equações diferenciais ordinárias. Caso a equação possua mais de uma variável independente e resulte em uma solução em que a função possua mais de uma variável, ela é chamada de equação diferencial parcial. Neste trabalho, ira se focar exclusivamente nas EDOs [5].

1.1.1 Notações

Como dito anteriormente, uma ED relaciona uma função à pelo menos uma de suas derivadas, porém existem diversas formas de representar derivadas em uma equação. Entre elas estão:

- Notação de Leibinz

$$\frac{d^n a}{d^n b} \tag{1.1}$$

Na notação (1.1), a representa a função que está sendo derivada, b indica em relação a qual variável a função está sendo derivada¹, e n exprime a ordem da derivação. Tal notação é conhecida como notação de Leibniz, e está em sua forma mais geral. Ao adotar $n = 1$, uma derivada de primeira ordem, pode-se omitir n , ficando com:

¹ $a = a(b)$

$$\frac{da}{db}. \tag{1.2}$$

A notação (1.2) indica que a função a está sendo derivada em relação a variável b apenas uma vez, ou seja, uma derivada de primeira ordem.

- Notação da definição por limite

$$\frac{da}{db} = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{a(b+h) - a(b)}{h}. \tag{1.3}$$

A expressão (1.3) apresenta a derivada da função a em relação à b .

- Notação de Lagrange

$$f^{(n)}(x), \tag{1.4}$$

onde $f(x)$ em (1.4) é a função que está sendo derivada, neste caso em relação a variável x , e n indica a ordem da derivação. Em derivações de até terceira ordem, nessa notação, escreve-se n como ', '' e ''' , respectivamente para derivadas de primeira ($f'(x)$), segunda($f''(x)$) e terceira ($f'''(x)$) ordem, para derivadas de ordens mais altas, segue-se representando n com os algarismos indo-arábicos, ou romanos. Tal notação é chamada de notação de Lagrange, geralmente utilizada para denotar derivadas em relação ao espaço.

- Notação de Newton

$$\dot{y}, \tag{1.5}$$

e

$$\ddot{y}. \tag{1.6}$$

As notações (1.5) e (1.6) representam respectivamente as derivadas de primeira e segunda ordem da função y em relação ao tempo. Tal notação é chamada de notação de Newton, e é utilizada apenas em derivadas temporais, cada ponto em cima da função indica uma ordem de derivação.

Embora existam outras notações, como a notação de operadores² e as notações de derivadas parciais³, preferiu-se enfatizar as notações de Leibniz, Lagrange, Newton e a definição por limite por serem, geralmente, as mais encontradas.

É importante ressaltar que, embora existam diferentes formas de representar derivadas, e seja conveniente utilizar cada notação em casos específicos, o significado da derivada permanece o mesmo: uma medida da variação infinitesimal de uma função em relação a uma variável independente. Geometricamente, a derivada pode ser interpretada como a inclinação da reta tangente a um ponto da curva que representa a função. Essa interpretação não apenas facilita a visualização, mas também conecta conceitos abstratos à

²Bastante utilizada em determinados tipos de resoluções analítica de ED

³Bastante utilizadas em EDPs [5]

aplicação prática, permitindo resolver problemas que envolvem taxas de variação, como velocidade, aceleração e crescimento populacional. Assim, a escolha adequada da notação e a compreensão de seu significado geométrico são ferramentas fundamentais no estudo das equações diferenciais [9].

As equações diferenciais são ferramentas matemáticas poderosas, que descrevem como diferentes sistemas evoluem de acordo com a variação de uma ou mais variáveis do mesmo [10]. Esses sistemas podem pertencer aos mais variados contextos, como os físicos (corpos em movimento, dissipação de calor, propagação de ondas), biológicos (interação entre presas e predadores, formação de colônias de bactérias, propagação de doenças, que será discutida em capítulos posteriores), químicos (decaimento de isótopos radioativos) [11], e até sociais (como a dinâmica de relacionamentos).

1.1.2 "Love Story": O Uso de EDOs para Descrever Relacionamentos

4

Para ilustrar como equações diferenciais podem ser aplicadas em diferentes áreas, usaremos neste capítulo o sistema conhecido como *love dynamics*⁵ [12], que propõe um modelo matemático para descrever como relacionamentos amorosos evoluem com o tempo.

Usando a nomenclatura encontrada na literatura, consideremos dois indivíduos: Romeu e Julieta [13].

Romeu é apaixonado por Julieta, e quanto mais ela demonstra afeto, mais o amor dele por ela cresce. Entretanto, se Julieta passa a não gostar dele, o amor de Romeu por ela diminui. Julieta, por outro lado, é mais difícil: quando Romeu a ama, ela o rejeita, mas quando ele começa a perder o interesse, o amor dela por ele cresce. Essa dinâmica, em que o amor de ambos muda ao longo do tempo, pode ser descrita por meio de equações diferenciais.

Analisando o caso de Romeu. Quanto mais Julieta ama ele, mais o amor dele por ela cresce, em outras palavras a variação do amor do Romeu, denotado por $R_{var}(t)$, é proporcional ao amor da Julieta, denotado por $J(t)$.

$$R_{var}(t) = aJ(t) \tag{1.7}$$

A equação (1.7) descreve como o amor de Romeu varia, sendo a uma constante de proporcionalidade, tal que $a > 0$.

No caso da Julieta, seu amor por Romeu decai quando ele a ama, e cresce quando ele a rejeita. Escreve-se a variação do amor de Julieta como $J_{var}(t)$, e o amor de Romeu como $R(t)$.

$$J_{var}(t) = -bR(t) \tag{1.8}$$

A equação 1.8 descreve como o amor de Julieta varia, sendo b uma constante de proporcionalidade, tal que $b > 0$.

Na matemática, como abordado anteriormente, a taxa de variação de uma função é representada por sua derivada. Assim, a variação do amor que um sente pelo outro é expressa pelas derivadas dos respectivos sentimentos. Dessa forma, temos o seguinte sistema de equações diferenciais acopladas:

⁴Título inspirado na canção "Love Story", de Taylor Swift (2008)

⁵dinâmica de relacionamentos

$$\begin{cases} \frac{dR}{dt} = aJ \\ \frac{dJ}{dt} = -bR \end{cases} \quad (1.9)$$

Essas duas equações (1.9) descrevem a variação do amor de Romeu e Julieta e contêm derivadas explícitas, caracterizando-as como equações diferenciais. Observa-se que as variáveis dependentes R e J estão interligadas em ambas as equações, esse sistema é conhecido como sistema de equações diferenciais acopladas.

Este foi o primeiro modelo apresentado por Strogatz, embora seja simples, e considerado não muito realista [14], existindo outros mais completos, ele demonstra a versatilidade e o poder das equações diferenciais em descrever variações nos mais diversos contextos.

1.2 Resolução Analítica de uma EDO

Nesta seção, será demonstrado o processo analítico de resolução de uma EDO, conforme descrito na literatura [15].

Considere a EDO que descreve o decaimento radioativo:

$$\frac{dN_X}{dt} = -\lambda_X N_X, \quad (1.10)$$

em que N_X , em (1.10), é a função que representa a quantidade de átomos de um determinado elemento químico em relação ao tempo, e λ_X é a constante de decaimento, que indica a taxa de decaimento do elemento.

Para resolver a equação (1.10), divide-se ambos os lados por N_X :

$$\frac{1}{N_X} \frac{dN_X}{dt} = -\lambda. \quad (1.11)$$

Integrando ambos os lados da equação (1.11) em relação ao tempo t , obtém-se:

$$\int \frac{1}{N_X} \frac{dN_X}{dt} dt = \int -\lambda dt. \quad (1.12)$$

Ao resolver as integrais de (1.12), tem-se:

$$\ln N_X = -\lambda t + C. \quad (1.13)$$

Elevando ambos os lados da equação (1.13) à base e , obtém-se:

$$N_X = e^{-\lambda t} e^C. \quad (1.14)$$

Considerando a condição inicial $N_X(0) = N_0$, em que N_0 é a quantidade inicial de átomos do elemento químico [15], tem-se:

$$e^C = N_0. \quad (1.15)$$

Substituindo (1.15) em (1.14), a solução final da EDO é dada por:

$$N_X = N_0 e^{-\lambda t}. \quad (1.16)$$

A equação (1.16) representa a solução analítica da EDO (1.10), descrevendo o decaimento exponencial do número de átomos de um elemento químico em função do tempo.

Capítulo 2

Soluções Numéricas

Embora equações diferenciais sejam consideradas a linguagem do universo, a maioria delas ou não possuem soluções analíticas, ou possuem, mas são muito complicadas para usar, ou possuem apenas para casos simples. É nesse contexto que surgem as soluções numéricas. Métodos que fornecem uma solução aproximada para tais equações, cada um com uma particularidade, sendo ideal para casos diferentes [16].

Com o avanço da capacidade de processamento dos computadores, esses tornaram-se grandes aliados para aplicar os métodos numéricos, tornando viável a resolução de uma vasta gama de problemas complexos. Atualmente encontrar soluções numéricas para EDOs requer um baixo custo computacional, e fornece resultados extremamente acurados [17].

Neste capítulo se abordara sobre diferentes métodos numéricos para resolver EDOs, tanto de forma determinística, quanto estocástica.

2.1 Soluções Determinísticas por Runge-Kutta

Dentre os diversos métodos numéricos que existem ¹, o método de Runge-Kutta (RK) destacou-se por ser extremamente acurado, sem requisitar um alto custo computacional², e eliminando todos os cálculos de derivadas. Tal família de métodos baseia-se em descobrir um ponto $n + 1$ a partir de uma média ponderada de inclinações de retas que passam por um ponto n , essas são obtidas através manipulação de um polinômio de Taylor apropriado [18].

Uma vez que o RK baseia-se no ponto n para descobrir $n + 1$, é necessário conhecer-se pelo menos um ponto da função para resolvê-la por meio do RK, tal ponto é chamado de condição inicial, ou seja, para resolver a ED é necessário conhecer tanto a ED, como um ponto qualquer da função [19].

$$\begin{cases} \dot{y} = f(y, t), \\ y(t_0) = y_0. \end{cases} \quad (2.1)$$

¹Alguns exemplos são: Método de Crank-Nicholson, Método de Elementos Finitos, Método Espectral, entre outros.

²Essa família de métodos, apresenta uma gama de métodos, cada um sendo ideal para determinados tipos de complexidades de EDOs, utilizando o método certo na EDO certa obtém-se o equilíbrio entre acurácia e processamento.

A expressão (2.1) indica que $\dot{y} = f(y, t)$ é a ED, e que os pontos (y_0, t_0) fazem parte da solução da ED. Tal expressão recebe o nome de problema do valor inicial (P.V.I.).

A fórmula geral de RK é dada por:

$$y_{n+1} = y_n + h(w_1k_1 + w_2k_2 + \dots + w_mk_m), \quad (2.2)$$

onde os termos w_i em (2.2) são pesos constantes, tal que $w_1 + w_2 + \dots + w_m = 1$, e k_i é o resultado de uma função em um certo ponto [8].

2.1.1 Método de Runge-Kutta de Primeira Ordem

O método de Runge-Kutta de primeira ordem (RK1), também chamado de método de Euler, é conhecido por sua simplicidade, esse método baseia-se em aproximar a solução da EDO usando pequenos passos na direção da reta tangente a um ponto conhecido, ou aproximado, da solução da equação [20].

Para sua dedução do considera-se o P.V.I. (2.3).

$$\begin{cases} \dot{y} = f(y, t), \\ y(t_0) = y_0, \end{cases} \quad (2.3)$$

e a definição da derivada por limite:

$$\dot{y} \approx \frac{y_{n+1} - y_n}{h}. \quad (2.4)$$

Rearranjando (2.4) para isolar y_{n+1} , e considerando que h tende a 0, obtemos:

$$y_{n+1} = y_n + hf(y_n, t_n). \quad (2.5)$$

A expressão (2.5) é o RK1, e indica como encontrar um ponto y_{n+1} que faz parte da solução aproximada da equação. Nota-se que ao tomar $m = 1$, $w_1 = 1$ e $k_1 = f(y, t)$ em (2.2), obtemos (2.5).

Embora apresente uma fórmula simples, o método de Euler é pouco utilizado em pesquisas importantes, pois tende a apresentar um erro considerável em suas aproximações. Tal erro se deve ao fato de sua acurácia ser dependente do tamanho do passo h . Para tornar a aproximação da expressão (2.4) em uma igualdade em (2.5) foi necessário assumir um h que tendesse a 0, como existe um limite mínimo que um valor pode ter em um computador, RK1 possui uma precisão limitada. Outro fator que causa um erro na aproximação é o fato que o RK1 utiliza segmentos de reta para fazer as aproximações, o que funciona bem para EDOs lineares, mas não muito para EDOs de ordens maiores, que necessitariam de um h tendendo a 0 para serem aproximadas com acurácia [21].

2.1.2 Método de Runge-Kutta de Segunda Ordem

O Método de Runge-Kutta de segunda ordem (RK2) baseia-se parcialmente no RK1 para fornecer uma aproximação mais acurada. Assim como em RK1, o RK2 encontra a direção para $n + 1$ a partir de n , por meio de (2.5), mas ao contrário de RK1 que assume que essa equação indica a posição de $n + 1$ após um passo h , RK2 considera que a ED pode não ser linear, por isso ao invés de dar um passo h na direção de (2.5), é dado um passo de tamanho $\frac{h}{2}$, encontrando um ponto $n + \frac{1}{2}$, e a partir de tal ponto é calculado um novo ponto $n + 1$ por (2.5), em que novamente é dado um passo $\frac{h}{2}$, encontrando um

ponto m , o método termina dando-se um passo de tamanho h na direção de m , a partir do ponto n [8].

Considerando o P.V.I. (2.3), matematicamente a direção de $n + \frac{1}{2}$ para m é dada por:

$$k_2 = f\left(y_n + \frac{h}{2}k_1, t_n + \frac{h}{2}\right), \quad (2.6)$$

em que k_1 em (2.6) é dado por:

$$k_1 = f(y_n, t_n). \quad (2.7)$$

Nota-se que (2.7) é a própria função no ponto n .

Logo, para encontrar o ponto $n + 1$ por meio de RK2, basta dar um passo h na direção de k_2 a partir de n . Matematicamente:

$$y_{n+1} = y_n + hk_2. \quad (2.8)$$

Juntando (2.7), (2.6) e (2.8) em uma expressão, temos:

$$\begin{cases} k_1 = f(y_n, t_n), \\ k_2 = f\left(y_n + \frac{h}{2}k_1, t_n + \frac{h}{2}\right), \\ y_{n+1} = y_n + hk_2. \end{cases} \quad (2.9)$$

A expressão (2.9) resume todos os passos necessários para resolver uma EDO por RK2.

Nota-se que o RK2 possui mais cálculos para encontrar $n + 1$, a princípio demandando mais recursos computacionais, porém em troca do maior processamento ganha-se uma maior acurácia na aproximação, sem recorrer a um h muito pequeno, o que em teoria diminui o processamento necessário, pois com um h maior encontra-se menos pontos da solução.

Em (2.2) ao tomar $m = 2$, $w_1 = 0$ e $w_2 = 1$, obtém-se (2.8).

2.1.3 Método de Runge-Kutta de Quarta Ordem

Assim como o RK2 utiliza o RK1 para encontrar a solução aproximada, o método de Runge-Kutta de quarta ordem (RK4) faz uso do RK2 para obter sua aproximação.

De início calcula-se a inclinação da reta tangente de n por meio de (2.5) (k1), dá-se um passo $\frac{h}{2}$ nessa direção, encontrando um ponto $n + \frac{1}{2}$, então calcula-se a inclinação em tal ponto (k2), e dá-se um passo $\frac{h}{2}$ a partir n na direção dessa inclinação, encontrando um ponto $n_2 + \frac{1}{2}$, calcula-se a inclinação em tal ponto (k3), e dá-se um passo de tamanho h em direção de k3 a partir de n , encontrando um ponto n_3 , no qual calcula-se sua inclinação (k4), e por fim dá-se um passo na direção de k4 a partir de n encontrando $n + 1$.

Considerando o P.V.I. (2.3), matematicamente o RK4 é dado por:

$$\begin{cases} k_1 = f(y_n, t_n), \\ k_2 = f\left(y_n + \frac{h}{2}k_1, t_n + \frac{h}{2}\right), \\ k_3 = f\left(y_n + \frac{h}{2}k_2, t_n + \frac{h}{2}\right), \\ k_4 = f\left(y_n + hk_3, t_n + \frac{h}{2}\right), \\ y_{n+1} = y_n + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4). \end{cases} \quad (2.10)$$

Nota-se que ao tomar $m = 4$, $w_1 = \frac{1}{6}$, $w_2 = \frac{2}{6}$, $w_3 = \frac{2}{6}$, $w_4 = \frac{1}{6}$ em (2.2), obtém-se a expressão de y_{n+1} em (2.10).

O RK4 possui ainda mais passos que o RK2, em teoria demandando um processamento maior, porém apresenta uma acurácia muito mais elevada, sem depender de um h tão pequeno, resultando em uma boa aproximação, sem demandar muitos recursos computacionais, para equações mais complexas.

2.1.4 Método de Runge-Kutta-Fehlberg

O método de Runge-Kutta-Fehlberg (RKF), também conhecido como RK45, parte das considerações [6]:

1. Quanto menor o passo h , menor o erro;
2. Métodos de ordens mais altas resultam em melhores aproximações;
3. Se a função da EDO for uniforme, o erro local vai variar em cada passo.

Analisando tais considerações, conclui-se que, se o tamanho de h variar em cada passo, é possível manter o erro uniforme, otimizando o processamento dos cálculos. Ao considerar-se dois métodos, de ordens diferentes, o método de ordem maior resultara em uma solução mais próxima da analítica, e a diferença entre as soluções de ambos os métodos é o erro local, assim estabelecendo um parâmetro para poder-se variar o valor de h , tal método é chamado de passo adaptativo [6].

O RK45 leva consideração os métodos RK4 e RK5³ para calcular o erro dos passos [22]. O RKF possui um próprio conjunto de equações para inclinações que é dado por:

$$\begin{cases} k_1 = f(y_n, t_n), \\ k_2 = f(y_n + \frac{1}{4}hk_1, t_n + \frac{1}{4}h), \\ k_3 = f(y_n + \frac{3}{32}hk_1 + \frac{9}{32}hk_2, t_n + \frac{3}{8}h), \\ k_4 = f(y_n + \frac{1932}{2197}hk_1 - \frac{7200}{2197}hk_2 + \frac{7296}{2197}hk_3, t_n + \frac{12}{13}h), \\ k_5 = f(y_n + \frac{439}{216}hk_1 - 8hk_2 + \frac{3680}{513}hk_3 - \frac{845}{4104}hk_4, t_n + h), \\ k_6 = f(y_n - \frac{8}{27}hk_1 + 2hk_2 - \frac{3544}{2565}hk_3 + \frac{1859}{4104}hk_4 - \frac{11}{40}hk_5, t_n + \frac{1}{2}h). \end{cases} \quad (2.11)$$

Para o cálculo de y_{n+1} em RK4, usa-se (2.11) em:

$$y_{n+1} = y_n + \left(\frac{25}{216}k_1 + \frac{1408}{2565}k_3 + \frac{2197}{4104}k_4 - \frac{1}{5}k_5 \right), \quad (2.12)$$

e para o cálculo de y_{n+1} em RK5, usa-se (2.11) em:

$$y_{n+1} = y_n + \left(\frac{16}{135}k_1 + \frac{6656}{12825}k_3 + \frac{28561}{56430}k_4 - \frac{9}{50}k_5 + \frac{2}{55}k_6 \right). \quad (2.13)$$

Uma vez que o tamanho do passo h muda para se ajustar a equação no RKF, para usar tal método é necessário seguir um algoritmo [6]:

1. Calcular y_{n+1} em (2.12) e (2.13);
2. Fazer o módulo da diferença dos y_{n+1} de (2.12) e (2.13), chama-o de M ;

³Método de Runge-Kutta de quinta ordem

- Se M for maior que o erro máximo permitido e $h > h_{min}$, então substitui-se h por $\frac{1}{2}h$, e retorna-se ao passo 1 para recalcular-se o valor de y_{n+1} .
- Senão aceita-se o resultado, e verifica-se se M é menor que o erro mínimo, caso seja, dobra-se o valor de h .

2.2 Soluções Estocásticas por Monte Carlo

Neste capítulo será abordado a definição do método de Monte Carlo, seu histórico, alguns exemplos, e o algoritmo que será usado para resolver o modelo SIR por meio de tal método.

2.2.1 Definição

O Método de Monte Carlo (MMC) é uma técnica que utiliza aleatoriedade e repetição para resolver problemas numéricos complexos. Em essência, o MMC consiste em realizar diversas simulações da evolução de um determinado sistema, onde os valores de certas variáveis são escolhidos aleatoriamente em cada simulação, resultando em diferentes desfechos.

Utilizando princípios como a Lei dos Grandes Números, é possível interpretar os resultados obtidos dessas simulações para fazer inferências sobre o comportamento do sistema estudado [7]. Uma das grandes vantagens do MMC é conseguir encontrar soluções para certas EDs, sem necessariamente ter que resolvê-las, desde que o sistema possa ser definido a partir de funções de distribuições de probabilidade [23].

2.2.2 Histórico

A fundamentação teórica do Método de Monte Carlo remonta a 1873, mas seu uso prático só se consolidou durante o Projeto Manhattan, por volta de 1944, para o estudo da fissão nuclear na construção da bomba atômica [24]. Em 1946, durante um período de recuperação de uma doença, Stanislaw Ulam se questionou: “*What are the chances that a Canfield solitaire laid out with 52 cards will come out successfully?*”⁴. Tentando encontrar um método eficiente para responder tal questão, Ulam percebeu que métodos envolvendo aleatoriedade, juntamente com o poder de processamento dos computadores, poderiam facilitar a resolução de problemas de alta complexidade. [25]

Ainda em 1946, Ulam entrou em contato com John von Neumann, e juntos começaram a desenvolver cálculos que utilizavam a aleatoriedade para soluções numéricas. O método que desenvolveram ficou conhecido como Método de Monte Carlo, nome sugerido por Nicholas Metropolis em homenagem a um tio de Ulam, conhecido por frequentar o cassino de Monte Carlo, em Mônaco [24].

2.2.3 Exemplos

Aproximação da Área de uma Curva

Um exemplo simples de implementação do MMC é encontrar a área de uma curva [26]. Escolhesse um retângulo apropriado, de largura L e altura H , que englobe a curva. Gera-

⁴Quais são as chances de que um jogo de Paciência Canfield com 52 cartas seja completado com sucesso?

se N pontos aleatoriamente dentro desse retângulo. Conta-se os d pontos que estão abaixo da curva, e os f pontos que estão acima da curva, tal que

$$N = d + f. \quad (2.14)$$

Ao dividir (2.14) por N , tem-se:

$$\frac{d}{N} = \frac{d}{N} + \frac{f}{N}, \quad (2.15)$$

onde $\frac{d}{N}$ e $\frac{f}{N}$ em (2.15) são, respectivamente, a proporção de pontos que estão abaixo da curva, e a proporção dos pontos que estão acima. Com isso, e uma vez que todos os N pontos estão dentro do retângulo $L \times H$, tem-se a área da curva dada por

$$A \approx \frac{d}{N}(LH), \quad (2.16)$$

onde A em (2.16) é a área da curva. Nota-se que quanto maior o número de N , mais apurado torna-se o resultado, fazendo com que (2.17) torne-se

$$A = \frac{d}{N}(LH). \quad (2.17)$$

Aproximação de Pi

Indo mais além na relação (2.17), é possível encontrar o valor aproximado de π , ao, por exemplo, tomar-se o retângulo como um quadrado de lado 2, e a curva como um círculo de raio 1, conforme a Figura (2.1).

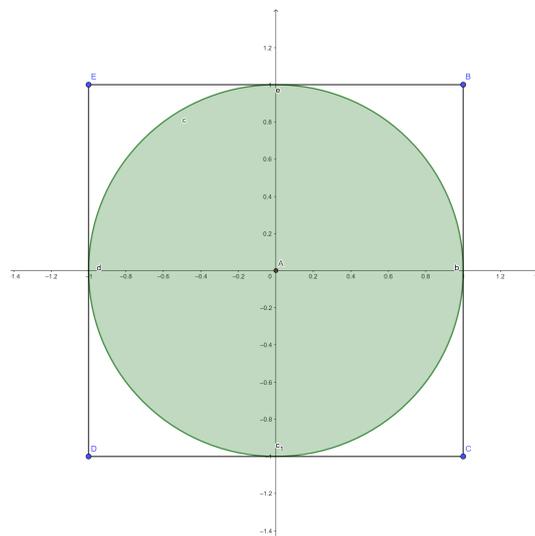


Figura 2.1: Círculo de raio 1 dentro de um quadrado de lado 2

A área de um círculo é dado por:

$$A = \pi r^2. \quad (2.18)$$

Substituindo (2.18) em (2.17), isolando π e aplicando os valores $r = 1$ e $L = H = 2$, tem-se:

$$\pi = 4 \frac{d}{N}. \quad (2.19)$$

A equação (2.19) é um exemplo de uma das maneiras de encontrar um valor aproximado para π por meio do MMC.

2.2.4 Algoritmo para o Modelo SIR

O algoritmo elaborado para a aplicação do MMC no modelo SIR foi:

1. Popula-se um espaço com N indivíduos, em posições aleatórias, e defini-se o estados (S, I, R) de cada indivíduo;
2. Faz-se para cada um dos N indivíduos:
 - Caso o estado do indivíduo seja S. Verifica-se se há um indivíduo I próximo. Caso aja, defini-se se o indivíduo S será infectado, de acordo com a probabilidade β ;
 - Caso o indivíduo seja I. Define-se se o indivíduo será recuperado de acordo com a probabilidade γ ;
 - Para qualquer indivíduo. Movimenta-se;
3. Incrementa-se o tempo, e retorna para o passo 2;

Em resumo, os indivíduos andam aleatoriamente pelo espaço, caso um indivíduo S estiver suficientemente próximo de um I, é gerado um número aleatório, caso esse número for menor que a chance β de ocorrer a infecção, o indivíduo S torna-se I. Em cada interação sobre o tempo, é gerado um número aleatório para cada indivíduo I, caso esse número for menor que a chance γ de ocorrer a recuperação, o indivíduo I torna-se R.

Nota-se que os indivíduos não possuem restrições quanto as posições que podem ocupar no espaço, tal simulação recebe o nome de *off-lattice*, nesse tipo de simulação a variação da posição dos indivíduos se dá de forma contínua [27].

Capítulo 3

Epidemiologia

Este capítulo apresenta uma contextualização da epidemiologia, bem como o modelo SIR, cobrindo seu histórico, as equações que o definem e os principais conceitos matemáticos envolvidos, como o número básico de reprodução, R_0 , e o número efetivo de reprodução, R_t .

3.1 Histórico

Entende-se por epidemia o fenômeno em que a quantidade de infectados, de uma população, é maior do que o teoricamente esperado. A epidemiologia é a ciência que estuda a distribuição e os fatores determinantes para que uma epidemia ocorra.

As origens da epidemiologia datam dos séculos IV e V a.C, com Hipócrates sendo a primeira pessoa, até onde se tem registro, que buscou uma explicação racional para entender as doenças. No século XVII, John Graunt começou os estudos estatísticos sobre a diferença de mortalidade de diferentes grupos populacionais, de acordo com sexo e local de residência. No século XVIII, Daniel Bernoulli propôs o primeiro modelo matemático para entender como doenças infecciosas se espalham.

No século XIX, John Snow, o pai da epidemiologia moderna, realizou estudos baseando-se na teoria que o surto de cólera, que estava acontecendo em Londres, era devido a água contaminada, os conceitos, metodologias, e abordagens, desenvolvidos em tais estudos, são utilizados até os dias de hoje.

Em 1892, Ronald Ross começou a estudar a transmissão da malária, Ross propôs que deveria existir um valor limiar para densidade de mosquitos infectados, se a densidade fosse menor que tal limiar, a doença seria extinta. Com base nisso, Kermack e McKendrick propuseram, em 1927, a Teoria Limiar, tal teoria afirmava que, se a densidade de indivíduos suscetíveis for menor que um certo valor crítico, não ocorreria um surto epidêmico.

Wade Hampton Frost, na década de 1920, introduziu o elemento estocástico no estudo das curvas de epidemias, o que possibilitou uma investigação de casos mais diversificados. Frost também contribuiu nos estudos sobre imunidade de rebanho. Após a Segunda Guerra Mundial, com o avanço da estatística e dos computadores, a epidemiologia passou por um intenso desenvolvimento [28].

3.2 Epidemiologia Matemática

3.2.1 Modelo SIR

Dentre os vários modelos matemáticos desenvolvidos para descrever e prever a dinâmica de epidemias, tais como o modelo SI (Suscetíveis - Infectados), SIS (Suscetíveis - Infectados - Suscetíveis), SAIR (Suscetíveis - Assintomáticos - Infectados - Recuperados), SEIR ((Suscetíveis - Expostos - Infectados - Recuperados) entre outros, o modelo SIR (Suscetíveis - Infectados - Recuperados) se destaca por sua simplicidade e eficácia [29].

O modelo SIR foi introduzido em 1927 por William Kermack e Anderson McKendrick em seu artigo “*Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*”¹ [3]. Tal modelo propõe um sistema de equações diferenciais para descrever a dinâmica de uma epidemia, estabelecendo uma base matemática sólida para o estudo de doenças infecciosas.

Kermack e McKendrick sugeriram que a população pode ser dividida em três compartimentos distintos: suscetíveis (S), infectados (I) e removidos (R), daí o nome SIR, e que a interação entre esses grupos pode ser modelada por meio de equações diferenciais.

Assunções do Modelo

No modelo SIR assume-se que [30]:

- A população é dividida em três compartimentos:
 - Suscetíveis (S): Indivíduos que podem contrair a doença.
 - Infectados (I): Indivíduos que contraíram a doença e são capazes de transmiti-la.
 - Removidos(R): Indivíduos que, ou recuperaram-se da doença, e adquiriram imunidade, não podendo mais transmiti-la ou contraí-la novamente, ou morreram devido a doença ².
- Os indivíduos estão uniformemente distribuídas pelo espaço. Portanto, as taxas de encontro não dependem da localização geográfica
- A doença é transmitida de indivíduos infectados para suscetíveis através de contato direto. A taxa de transmissão é proporcional ao número de contatos entre suscetíveis e infectados.
- Indivíduos infectados eventualmente se recuperam da doença e se tornam imunizados, ou morrem, passando para o compartimento de removidos.
- O período de incubação é desprezível, de modo que um suscetível que contrai a doença torna-se imediatamente infectado;
- Considera-se uma comunidade, cujo, o tamanho da população (N) é constante, ou seja, não são considerados nascimentos, mudanças, ou mortes não relacionadas a doença. Tal que:

$$N = S + I + R. \tag{3.1}$$

¹Contribuição para Teoria Matemática das Epidemias.

²Neste trabalho será considerado que todos os indivíduos removidos foram recuperados

A equação (3.1) define o tamanho da população.

Equações do Modelo

Levando em consideração o que foi assumido. Pode-se descrever a taxa de variação de cada compartimento, onde a variação dos suscetíveis é dada por:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N}, \quad (3.2)$$

A equação (3.2) descreve a variação do grupo dos suscetíveis. β é a taxa de transmissão, que representa a probabilidade de contato entre suscetíveis e infectados que resulta em transmissão.

Dos infectados por:

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I, \quad (3.3)$$

A equação (3.3) descreve a variação do grupo dos infectados. γ é a taxa de recuperação, que representa a proporção de infectados que se recuperam por unidade de tempo. γ também pode ser visto como o inverso da quantidade média de tempo necessário para um indivíduo recuperar-se³ [29].

Dos Removidos por:

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3.4)$$

A equação (3.4) descreve a variação do grupo dos removidos.

E da população total:

$$\frac{d[S + I + R]}{dt} = 0. \quad (3.5)$$

A equação (3.5) descreve a variação da população geral, uma vez que $N = S + I + R$ e N é constante, sua derivada é 0.

O comportamento dinâmico do modelo SIR é descrito pelo sistema de EDOs (3.6):

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I. \end{cases} \quad (3.6)$$

3.3 Número Básico de Reprodução e Número Efetivo de Reprodução

No modelo SIR, assume-se o P.V.I.:

³Ex: ao considerar uma doença que o infectado demore, em média, 5 dias para recuperar-se, o fator γ de tal doença seria $\gamma = \frac{1}{5} = 0,2$

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \\ S(0) = S_0 \\ I(0) = I_0 \\ R(0) = 0 \end{array} \right. \quad (3.7)$$

Em que S_0 e I_0 em (3.7) são respectivamente a quantidade de indivíduos suscetíveis e infectados, ambos em $t = 0$.

Ao analisar (3.2), nota-se que β é uma constante positiva, e S e I são a quantidade de indivíduos suscetíveis e infectados, respectivamente, resultando na variação de S ser sempre negativa, ou seja:

$$S \leq S_0. \quad (3.8)$$

Aplicando (3.8) em (3.3):

$$\frac{dI}{dt} < I(\beta S_0 - \gamma). \quad (3.9)$$

Se o termo $\beta S_0 - \gamma$ em (3.9) for positivo, a doença se espalhará [31], para isso:

$$S_0 > \frac{\gamma}{\beta}, \quad (3.10)$$

em que $\frac{\gamma}{\beta}$ em (3.10) é $\frac{1}{q}$, em que q é a taxa de contato, a parcela da população que entra em contato com indivíduos infectados. Tal termo também pode ser escrito como:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}, \quad (3.11)$$

em que R_0 em (3.11) é o número básico de reprodução, é dado pela razão entre os novos indivíduos infectados pelos recuperados, e indica quantos indivíduos diferentes um único indivíduo consegue infectar no instante inicial da epidemia [28]. Se $R_0 > 1$ a doença se espalha, se $R_0 \gg 1$, a doença se espalha rápido. Se $R_0 = 1$ a doença se estabiliza, visto que cada indivíduo, em média, infecta apenas um outro indivíduo, ocorrendo um equilíbrio endêmico. Se $R_0 < 1$, não haverá uma epidemia. [32].

Ao multiplicar-se (3.11) por $\frac{S(t)}{N}$, tem-se:

$$R_t = \frac{\beta S_t}{N \gamma}, \quad (3.12)$$

em que R_t em (3.12) é o número efetivo de reprodução, e indica a quantidade de indivíduos diferentes que um mesmo indivíduo pode infectar, e diferente de R_0 , que indica a taxa somente no início da epidemia, R_t consegue indicar a taxa em qualquer tempo, e assim como em R_0 , se $R_t > 1$ a epidemia se alastra, se $R_t < 1$ a epidemia diminui. e se [33].

Nota-se que ao assumir $S(t) = S_0$, e que inicialmente quase toda a população é suscetível a doença, ou seja, $S_0 \approx N$, a equação (3.12) volta a ser (3.11) [28].

3.4 Imunidade de Rebanho

A imunidade de rebanho, também conhecida como imunidade coletiva, é um fenômeno epidemiológico que ocorre quando uma proporção suficientemente alta de uma população se torna imune a uma doença infecciosa, o que reduz a sua propagação dentro de uma comunidade. Essa imunização pode ser adquirida de forma natural, após a recuperação de uma infecção, ou por meio da vacinação.

A imunidade de rebanho tem como principal efeito a proteção indireta de indivíduos não imunizados, uma vez que a circulação do patógeno é limitada pela alta taxa de imunização na população, dificultando sua disseminação. Todavia, a imunidade de rebanho não implica que todos os indivíduos da população estarão imunes, mas sim que a transmissão da doença será suficientemente baixa, de modo a proteger as pessoas não imunizadas.

O percentual necessário para atingir a imunidade de rebanho varia conforme a característica do agente patogênico e a sua capacidade de transmissão. Para doenças altamente contagiosas, como o sarampo, é necessário que aproximadamente 95% da população esteja imune para que se observe um controle efetivo da transmissão. Já para patógenos menos transmissíveis, a porcentagem de indivíduos imunizados pode ser menor. Tal porcentagem pode ser obtida por meio da equação:

$$Q = \left(1 - \frac{1}{R_0}\right)100, \quad (3.13)$$

em que Q em (3.13) é a porcentagem mínima de indivíduos que precisam adquirir imunidade ao patógeno para que a doença pare de espalhar-se.

Vale ressaltar que a eficácia desse fenômeno pode ser comprometida por fatores como a variabilidade da doença, que pode sofrer mutações e reduzir a eficácia das defesas imunológicas, e a recusa ou o acesso limitado à vacinação, o que dificulta o alcance dos níveis de imunização necessários [34].

Capítulo 4

Resultados

Neste capítulo será mostrados os resultados obtidos. Todos os códigos desenvolvidos podem ser encontrados no GitHub [35].

4.1 Comparação entre os Métodos Determinísticos

A Figura 4.1 apresenta os gráficos da solução aproximada para o modelo SIR, cada Figura é a solução por um método diferente. Nestes cálculos foram adotados os parâmetros: $\beta = 0,05$, $\gamma = 0,01$, $h = 0,1$, $t_{inicial} = 0$, $t_{final} = 1000$, $n = 1000$, $S_0 = 900$ e $I_0 = 100$.

Para o método de Runge-Kuta-Fehlberg, Figura 4.1d, adotou-se: $h_{min} = 0,001$, $h_{max} = 0,1$, $e_{min} = 10^{-6}$ e $e_{max} = 10^{-3}$.

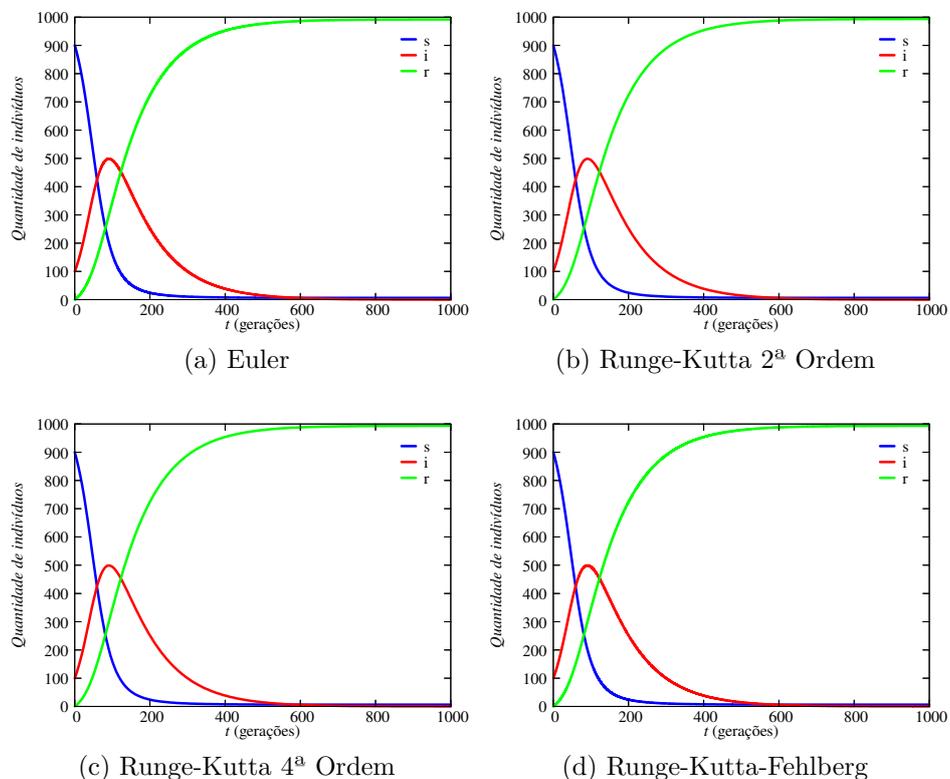


Figura 4.1: Nesta sequência, cada imagem indica o resultado aproximado da solução do modelo SIR, para cada método.

Todos demoraram em média 0,033 segundos para serem executados. Nota-se que as quatro aproximações possuem diferenças quase imperceptíveis, o que era esperado, visto a baixa complexidade das EDOs e o uso de um h pequeno.

Calculou-se novamente as aproximações para o modelo, porém desta vez usou-se $h = 5,0$, para RKF adotou-se $h_{min} = 0,01$ e $h_{max} = 5,0$, a Figura 4.2 mostra os resultados obtidos.

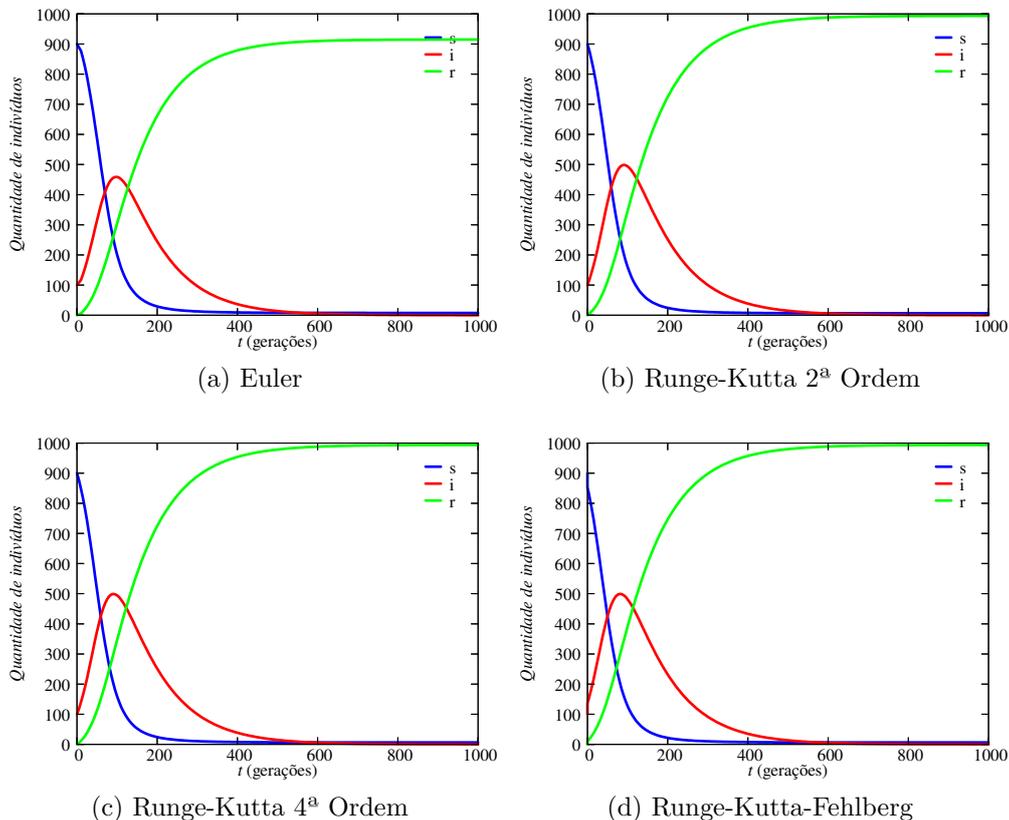


Figura 4.2: Nesta sequência, cada imagem indica o resultado aproximado da solução do modelo SIR, para cada método.

Todos demoraram em média 0,011 segundos para serem executados. Nota-se que o método de Euler, Figura 4.2a, destoa das demais, apresentando um pico de aproximadamente 460 infectados simultâneos, enquanto nos demais métodos esse pico é de quase 500 indivíduos, e ainda, ao somar os indivíduos dos 3 compartimentos, $N = S + I + R$, em 4.2a, quando $t = 1000$, nota-se que $N \approx 922$, uma perda de 78 indivíduos. Tal fenômeno vai de acordo com o esperado, o método de Euler apresenta erros perceptíveis para passos grandes.

Por fim realizou-se um último cálculo para comparar os métodos. Adotou-se $h = 0,1$ para o RK1, $h = 5,0$ para o RK2 e RK4, e $h = 0,1$, $h_{min} = 0,01$ e $h_{max} = 6,0$ para o RK45, o restante dos parâmetros permaneceram os mesmos. A Figura 4.3 mostra os resultados obtidos.

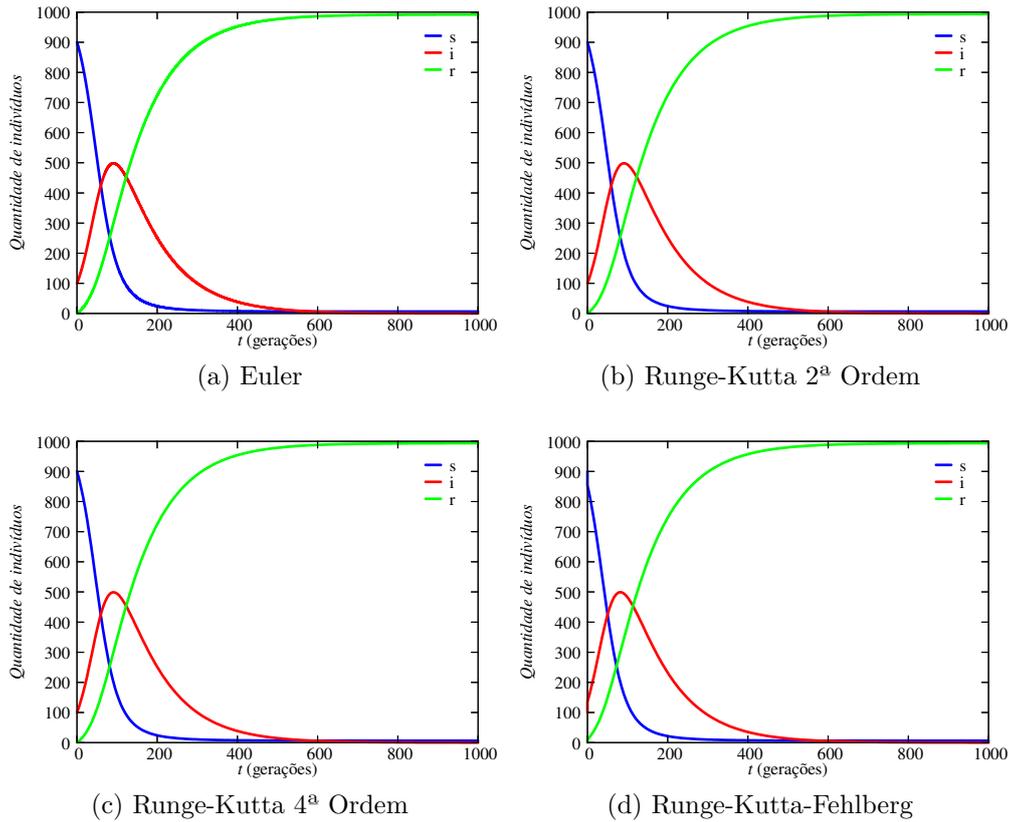


Figura 4.3: Nesta sequência, cada imagem indica o resultado aproximado da solução do modelo SIR, para cada método.

Nota-se que mesmo o tamanho do passo h sendo diferente em cada método, os resultados obtidos foram praticamente idênticos, porém o que mudou foi o tempo de execução, 4.3a demorou cerca de 0,034 segundos para ser executado, enquanto os demais demoraram 0,011 segundos. Tal fato vai de acordo com o esperado, o RK1 pode apresentar uma solução aproximada tão boa quanto os RKs de ordem superiores, se o h for suficientemente pequeno, o “preço” por essa melhora na aproximação é uma demanda de processamento maior, o que é refletido em um maior tempo de execução.

Vale ressaltar que, embora a diferença de tempo de execução, para os diferentes tamanhos de h , seja quase imperceptível nessa comparação, em cálculos que exijam mais processamento, tal diferença pode vir a ser mais acentuada.

A vantagem do RK45 também pode ser observada. Tal método não depende de um h tão pequeno, devido a ser de ordem elevada, e pode gozar de uma precisão maior, diminuindo e aumentando o tamanho de h de acordo com a necessidade, e mantendo um tempo de execução semelhante ao RK2 e RK4 com $h = 5$.

Com base nos resultados apresentados nessa seção, os gráficos das próximas seções serão dos resultados pelo RK45.

4.2 Resultados Determinísticos

Em geral, na maioria dos cálculos e simulações, adotou-se $\beta = 0,05$ e $\gamma = 0,01$, tais valores foram escolhidos por estarem de acordo com a literatura, contudo esses valores refletem em média os valores observados durante o primeiro surto de H1N1 no Brasil [36].

4.2.1 $R_0 > 1$

A Figura 4.4 apresenta o gráfico da solução aproximada para o modelo SIR com $\beta = 0,05$, $\gamma = 0,01$, $h = 0,1$, $t_{inicial} = 0$, $t_{final} = 500$, $n = 1000$, $S_0 = 900$, $I_0 = 100$, $h_{min} = 0,001$, $h_{max} = 0,1$, $e_{min} = 10^{-6}$ e $e_{max} = 10^{-3}$.

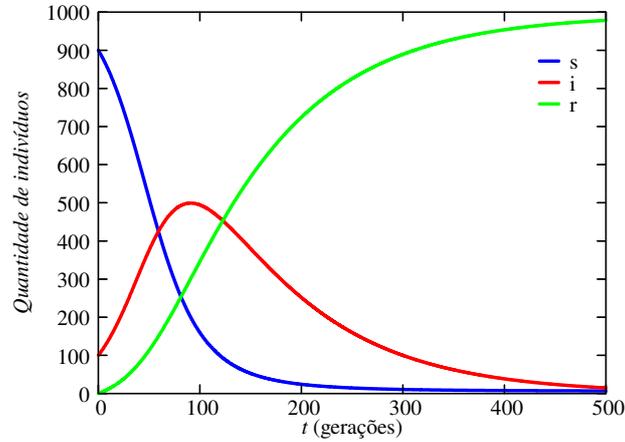


Figura 4.4: Solução do modelo SIR com $R_0 = 5$

Ao analisar os 4.4, nota-se que vai de acordo com o esperado, pela equação (3.11), ficando:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \frac{0,05}{0,01} = 5, \quad (4.1)$$

em que $R_0 > 1$ em (4.1), o que resulta em uma epidemia, o que aconteceu, quase todos os indivíduos S foram infectados, e depois recuperados, com o a quantidade máxima de infectados tendo ocorrido em $t \approx 100$, sendo cerca de 500 indivíduos, 50% da população.

Observa-se também que em $t = 300$ por volta de 90% da população recuperou-se da infecção, adquirindo imunidade.

Fez-se novamente o cálculo alterando apenas I_0 para 1, o resultado está na Figura 4.5.

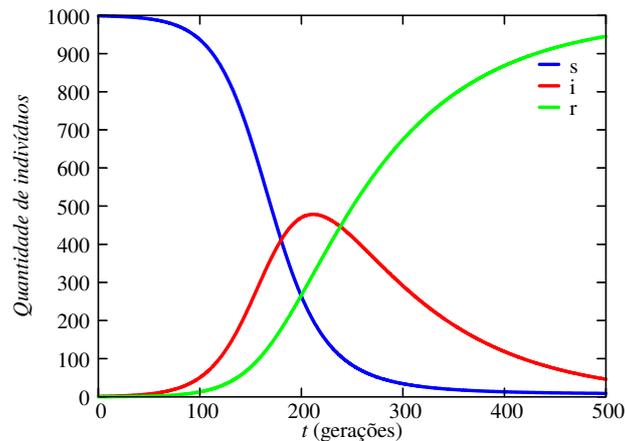


Figura 4.5: Solução do modelo SIR com $R_0 = 5$ e $I_0 = 1$

Nota-se que 4.5 possui o mesmo padrão de 4.4, porém deslocado. O pico de 500 indivíduos ocorreu em $t \approx 200$, e em $t \approx 400$ os 90% estavam recuperados. Percebe-se

que ao diminuir apenas I_0 , a epidemia foi apenas “atrasada” em 100 unidades de tempo.

4.2.2 $R_0 < 1$

Resolveu-se o modelo novamente, porém desta vez usando $\beta = 0,01$ e $\gamma = 0,05$. O restante das variáveis não foram alteradas.

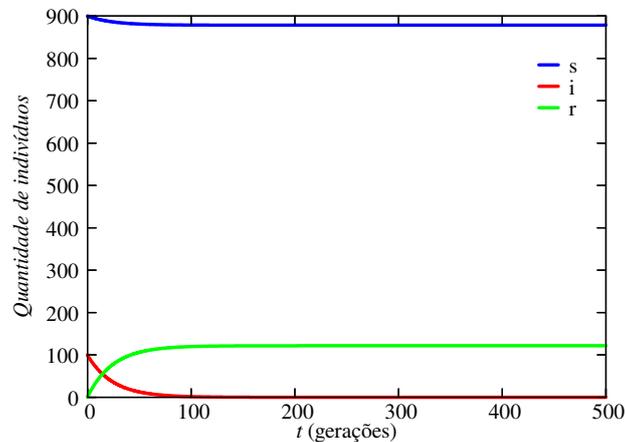


Figura 4.6: Solução do modelo SIR com $R_0 = 0,2$

Analisando 4.6, nota-se que não houve uma epidemia. A quantidade de infectados simultâneos decaiu até cerca de 0, uma pequena parcela dos suscetíveis também decaiu, até aproximadamente 880, a quantidade de recuperados subiu de 0 até em torno de 120, o que era esperado, os 100 indivíduos inicialmente infectados mais os 20 suscetíveis que se infectaram. Importante notar que não houve uma epidemia, mesmo alguns dos indivíduos S terem se tornado I , os I se recuperaram mais rápido que conseguiram transmitir a doença.

O que ocorreu foi de acordo com o esperado, pois

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \frac{0,01}{0,05} = 0,2, \quad (4.2)$$

em que $R_0 < 1$ em (4.2), o que não resulta em uma epidemia.

4.2.3 $R_0 = 1$

Resolveu-se o modelo novamente, porém desta vez usando $\beta = 0,05$ e $\gamma = 0,05$. O restante das variáveis não foram alteradas.

Analisando 4.7, nota-se que não houve uma epidemia, embora uma grande quantidade de suscetíveis tenham sido infectados. A quantidade de infectados simultâneos decaiu até cerca de 0, aproximadamente um terço dos S , por volta de 300, foram infectados, a quantidade de recuperados subiu de 0 até em torno de 400, o que era esperado, os 100 indivíduos inicialmente infectados mais os quase 300 suscetíveis que se infectaram. Importante notar que não houve uma epidemia, mesmo um terço dos indivíduos S terem se tornado I , os I se recuperaram mais rápido que conseguiram transmitir a doença para a toda a população.

O que ocorreu foi de acordo com o esperado, pois

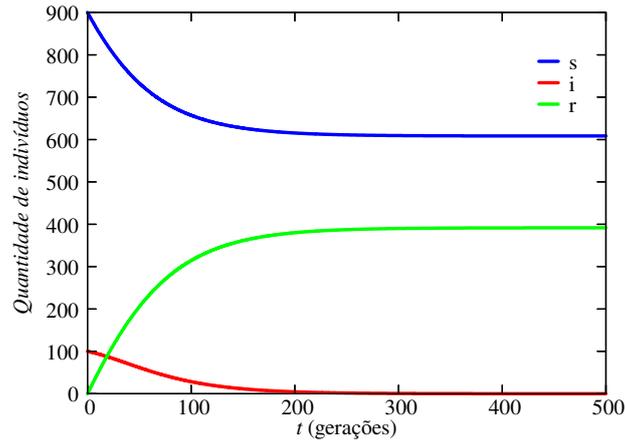


Figura 4.7: Solução do modelo SIR com $R_0 = 1$

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \frac{0,05}{0,05} = 1, \quad (4.3)$$

em que $R_0 = 1$ em (4.3), o que não resulta em uma epidemia.

4.2.4 Imunidade de Rebanho

Para resolver as EDOs em um cenário onde exista uma imunidade de rebanho, primeiro assume-se valores de β e γ , tais que $R_0 > 1$. Utilizou-se $\beta = 0,05$ e $\gamma = 0,01$, que resultam em um $R_0 = 5$. Aplicando esse R_0 na equação (3.13):

$$Q = \left(1 - \frac{1}{5}\right)100 = 80\%. \quad (4.4)$$

A equação (4.4) indica que se 80% de N possuir imunidade a doença, não haverá epidemia.

A Figura 4.8 apresenta o gráfico considerando que 80% da população possui imunidade. Adotou-se $S_0 = 50$, $I_0 = 50$ e $R(t = 0) = 400$.

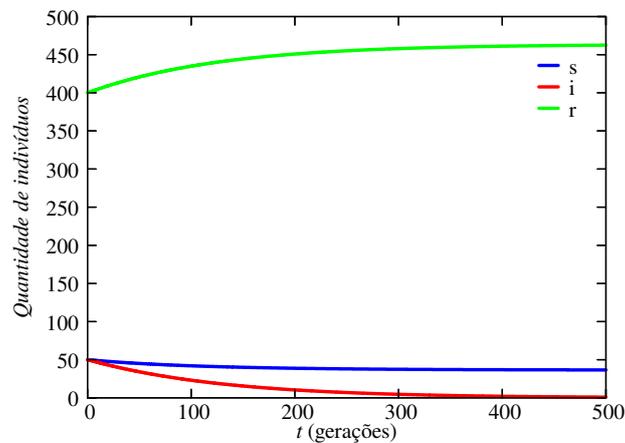


Figura 4.8: Solução do modelo SIR com $R_0 = 5$ e 80% da população imunizada

Nota-se que, apesar de cerca de metade dos S tenham contraído a doença e $R_0 > 1$, não houve um surto epidêmico. Ao final restou apenas 1 indivíduo infectado, e aproximadamente 25 suscetíveis, mesmo esses não adquirindo a imunidade, a doença foi extinta.

4.3 Resultados Estocásticos

4.3.1 $R_0 > 1$

A Figura 4.9 mostra a solução estocástica do modelo SIR para $R_0 = 5$. Os parâmetros usados foram: $\beta = 0,05$, $\gamma = 0,01$, raio de contágio $\mathbf{R} = 0,02$, $N = 1000$, $S_0 = 900$ e $I_0 = 100$.

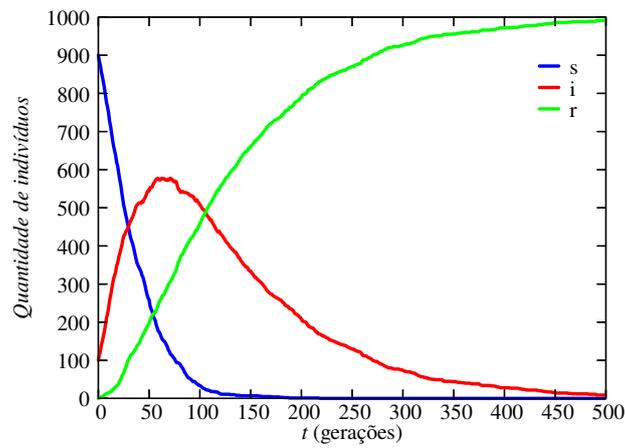


Figura 4.9: Solução estocástica do modelo SIR com $R_0 = 5$, $seed=1733548944$

Nota-se que as linhas do gráfico na Figura 4.9 são perceptivelmente menos suaves que as das soluções determinísticas, o que era esperado, visto o fator da aleatoriedade que é intrínseco do MMC. Nota-se o pico de maior quantidade de indivíduos infectados simultaneamente, em aproximadamente $t = 75$, um pouco mais “cedo” que a solução determinística, tal pico sendo de quase 600 indivíduos, cerca de 100 a mais que na solução determinística, tais diferenças também se dão pela natureza aleatória do MMC, e sua dependência espacial, que será abordada mais para frente. Os 90% da população estar recuperada em $t \approx 300$ se manteve.

A Figura 4.10 demonstra a distribuição dos indivíduos em um espaço 1×1 . Cada ponto representa um indivíduo, sendo que: S = azuis, I = vermelhos, e R = verdes. Cada imagem representa um tempo diferente, o qual é indicado na legenda.

As imagens da Figura 4.10 vão de acordo com o gráfico 4.9. Em 4.10a 90% dos indivíduos são S e os outros 10% são I . Em 4.10b cerca de 60% dos indivíduos estão infectados. Em 4.10c aproximadamente 90% da população está recuperada. E Em 4.10d quase 100% da população está recuperada.

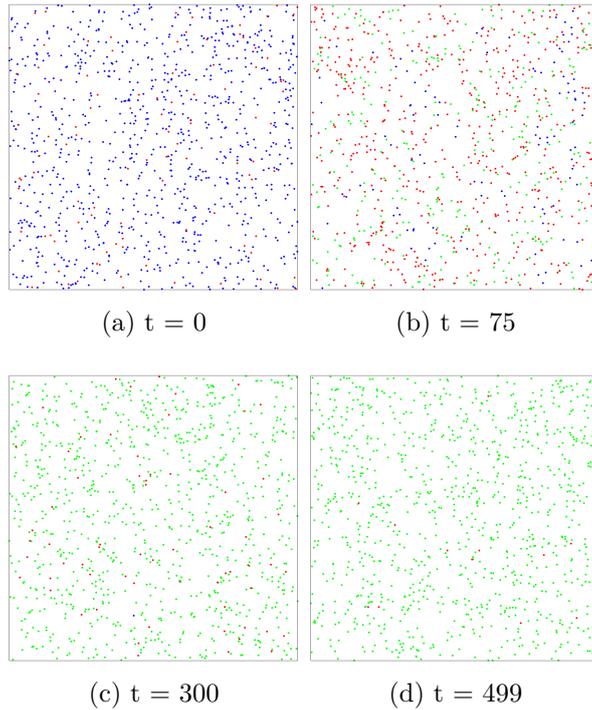


Figura 4.10: Nesta sequência, cada imagem indica a posição de cada indivíduo em tempos diferentes

Tanto o gráfico da Figura 4.9, quanto os demais, apresentam o parâmetro *seed*¹ em suas legendas. Tal parâmetro indica a *seed* que gerou os números aleatórios utilizados em cada simulação. Diferentes *seeds* geram diferentes gráficos, porém todos tendem a apresentar a mesma tendência, quando os demais parâmetros são inalterados.

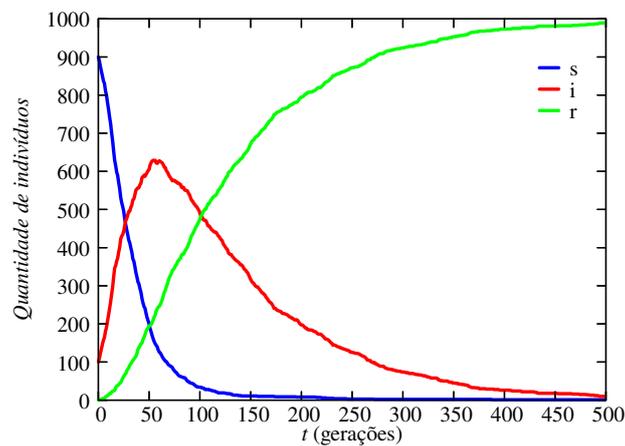


Figura 4.11: Solução estocástica do modelo SIR com $R_0 = 5$, $seed=1737467578$

A simulação que gerou o gráfico da Figura 4.11 possui os mesmos parâmetros que o da Figura 4.9, exceto pela *seed*. Nota-se que apesar de não serem exatamente iguais, ambos apresentam a mesma tendência.

¹A tradução livre para o português é "semente", porém adotou-se o termo em inglês por ser o convencionalmente usado.

4.3.2 $R_0 < 1$

A Figura 4.12 mostra a solução estocástica do modelo SIR para $R_0 = 0,2$. Os parâmetros usados foram mesmos da simulação anterior, exceto que nesta: $\beta = 0,01$, $\gamma = 0,05$.

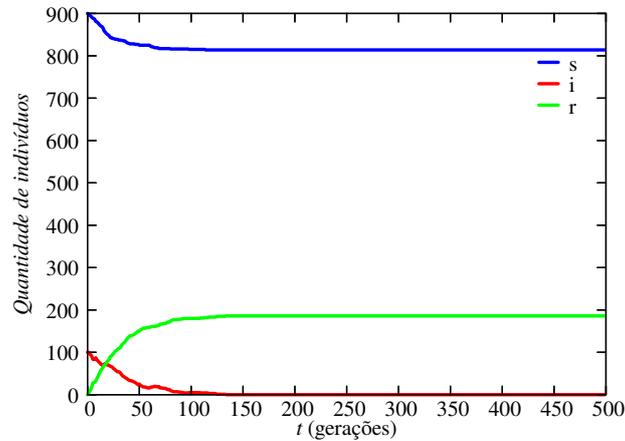


Figura 4.12: Solução estocástica do modelo SIR com $R_0 = 0,2$, $seed=1733552184$

Nota-se que nesse caso houveram mais indivíduos que contraíram a doença ≈ 80 , comparado aos ≈ 20 da solução determinística. Mas em um geral, ambas as soluções apresentaram o mesmo comportamento: uma pequena parcela da população S contraindo a doença, mas não o suficiente para ser uma epidemia.

A Figura 4.13 demonstra a distribuição dos indivíduos em um espaço 1×1 . Cada ponto representa um indivíduo, sendo que: S = azuis, I = vermelhos, e R = verdes. Cada imagem representa um tempo diferente, o qual é indicado na legenda.

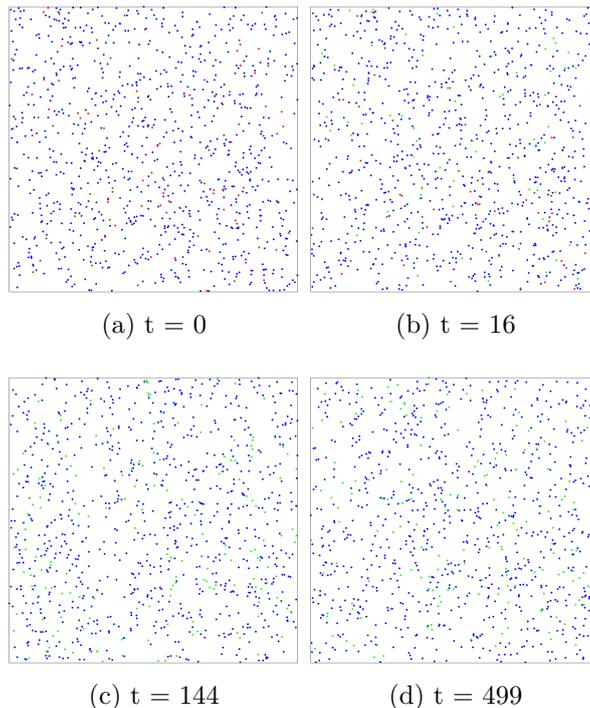


Figura 4.13: Nesta sequência, cada imagem indica a posição de cada indivíduo em tempos diferentes

As imagens da Figura 4.13 vão de acordo com o gráfico 4.12. Em 4.13a 90% dos indivíduos são S e os outros 10% são I . Em 4.13b a quantidade de indivíduos infectados é igual a de recuperados, por volta de 60 indivíduos cada. Em 4.13c todos os indivíduos infectados foram recuperados. E Em 4.13d 100% da população está recuperada.

4.3.3 $R_0 = 1$

A Figura 4.14 mostra a solução estocástica do modelo SIR para $R_0 = 1$. Os parâmetros usados foram mesmos da simulação anterior exceto que nesta: $\beta = 0,05$, $\gamma = 0,05$.

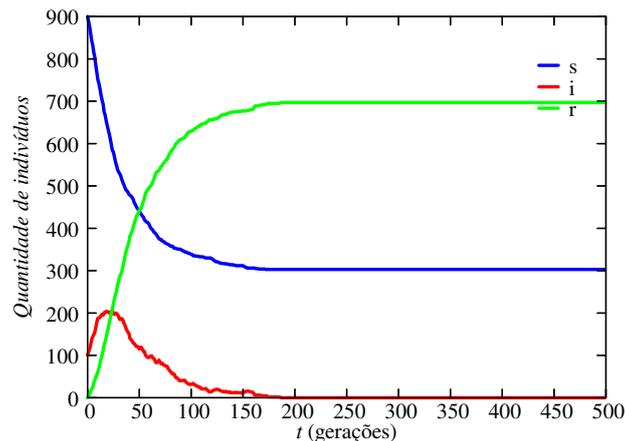


Figura 4.14: Solução estocástica do modelo SIR com $R_0 = 1$, $seed=1733555424$

Nessa simulação, a diferença entre a solução determinística e estocástica foi elevada. Ao contrário da determinística que a quantidade de infectados decai, nessa houve um aumento, com um pico de 211 indivíduos em $t = 19$. O que pode ser caracterizado como uma epidemia, mesmo com $R_0 = 1$. O fenômeno observado ocorre devido a dependência a fator espacial que o MMC possui.

Para um novo indivíduo ser infectado, calcula-se a probabilidade dele contrair a doença caso esteja próximo de um indivíduo infectado, essa proximidade é definida por uma distância \mathbf{R} escolhida no início da simulação. O quão próximo um indivíduo S tem que estar de um I para contrair a doença é um dos fatores que compõe β , dependendo da escolha do valor de \mathbf{R} , β acaba sendo alterado, isso pode não impactar muito para certos resultados com $R_0 < 1$ e $R_0 > 1$, mas para $R_0 = 1$, em que β tem que ser igual a γ , acaba causando uma distorção considerável.

Visto isso alterou-se \mathbf{R} para 0,015, valor que apresentou maior compatibilidade com o caso determinístico. A Figura 4.15 apresenta os resultados obtidos.

Embora a curva de I apresente um pequeno crescimento no início, isso se deve a uma oscilação decorrente do comportamento aleatório do MMC. Essa solução, em um geral, segue o padrão da determinística.

A Figura 4.16 demonstra a distribuição dos indivíduos em um espaço 1×1 . Cada ponto representa um indivíduo, sendo que: S = azuis, I = vermelhos, e R = verdes. Cada imagem representa um tempo diferente, o qual é indicado na legenda.

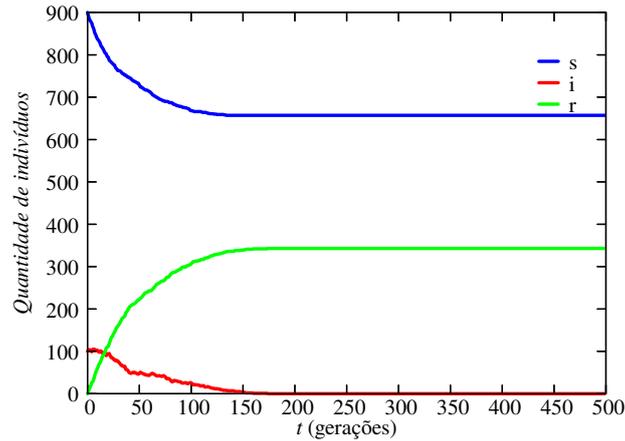


Figura 4.15: Solução estocástica do modelo SIR com $R_0 = 1$, $seed=1733557251$

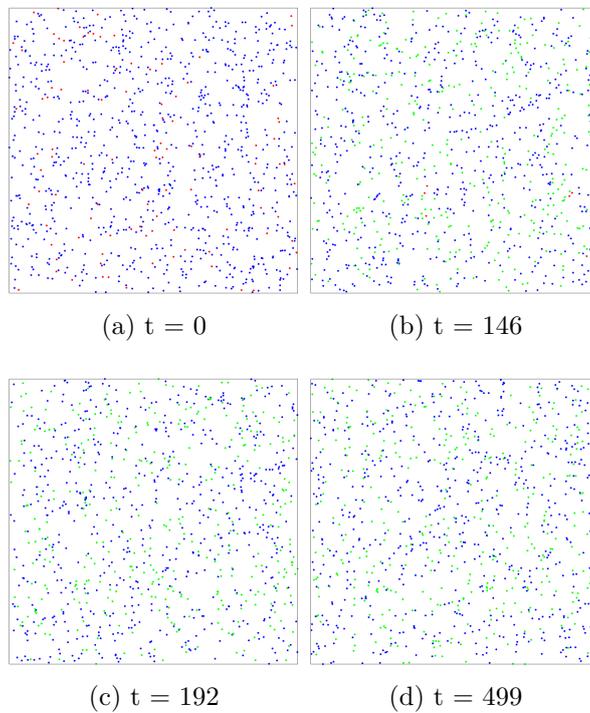


Figura 4.16: Nesta sequência, cada imagem indica a posição de cada indivíduo em tempos diferentes

As imagens da Figura 4.16 vão de acordo com o gráfico 4.15. Em 4.16a 90% dos indivíduos são S e os outros 10% são I . Em 4.16b a quantidade de indivíduos suscetíveis para de decair, estabilizando-se em 617 indivíduos. Em 4.16c todos os indivíduos infectados foram recuperados. E Em 4.13d 100% da população está recuperada.

4.3.4 Imunidade de Rebanho

A Figura 4.17 mostra a solução estocástica do modelo SIR para $R_0 = 5$ e considerando uma população com 80% de indivíduos imunes a doença. Os parâmetros usados foram mesmos da simulação anterior exceto que nesta: $\beta = 0,05$, $\gamma = 0,01$, $R_{t=0} = 800$, $S_0 = I_0 = 100$.

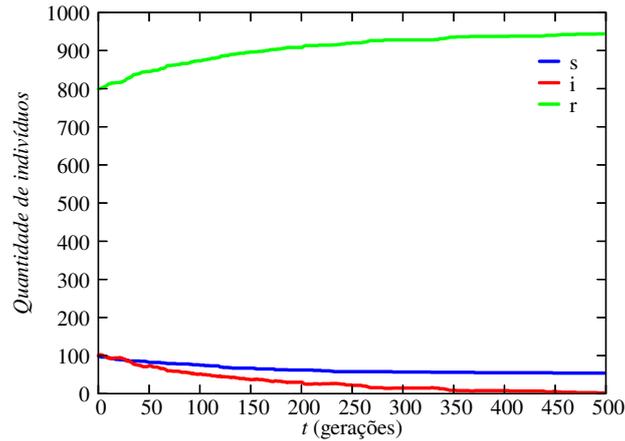


Figura 4.17: Solução estocástica do modelo SIR com $R_0 = 5$, $seed=1733558687$

Assim como na solução estocástica, por mais que $R_0 > 1$, e que quase 50% dos suscetíveis se infectaram, não houve uma epidemia, a imunidade de rebanho impediu que a doença se alastrasse desenfreadamente.

A Figura 4.18 mostra a distribuição dos indivíduos em um espaço 1×1 . Cada ponto representa um indivíduo, sendo que: S = azuis, I = vermelhos, e R = verdes. Cada imagem representa um tempo diferente, o qual é indicado na legenda.

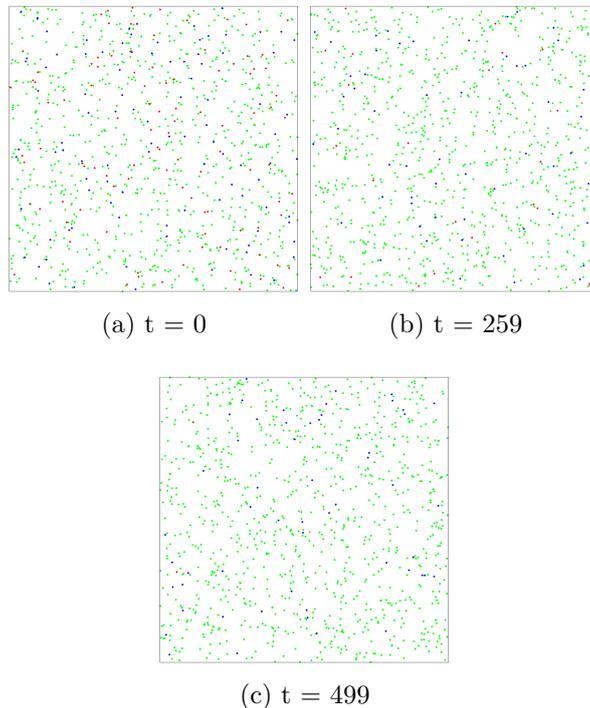


Figura 4.18: Nesta sequência, cada imagem indica a posição de cada indivíduo em tempos diferentes

As imagens da Figura 4.18 vão de acordo com o gráfico 4.17. Em 4.18a 80% dos indivíduos são R e os outros 20% são igualmente S e I . Em 4.18b a quantidade de indivíduos suscetíveis esta estabilizando-se em 58 indivíduos, enquanto I decai e R cresce. E em 4.18c restam apenas 2 indivíduos infectados, e a quantidade de suscetíveis estabilizou-se

em 54.

4.4 Comparação entre Soluções Determinísticas e Estocásticas

Dado o caráter aleatório da simulação de Monte Carlo, em casos extremos, como a população total sendo pequena, 10 indivíduos por exemplo, a tendência do gráfico pode se alterar. Os gráficos das Figuras 4.19 e 4.20 demonstram isso. Adotou-se $N = 10$, $S_0 = 9$ e $I_0 = 1$, os demais parâmetros não foram alterados.

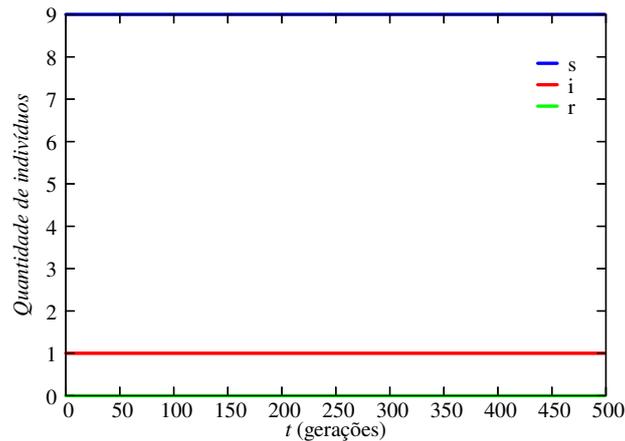


Figura 4.19: Solução estocástica do modelo SIR com $R_0 = 5$, $N = 10$, $seed = 1737468065$

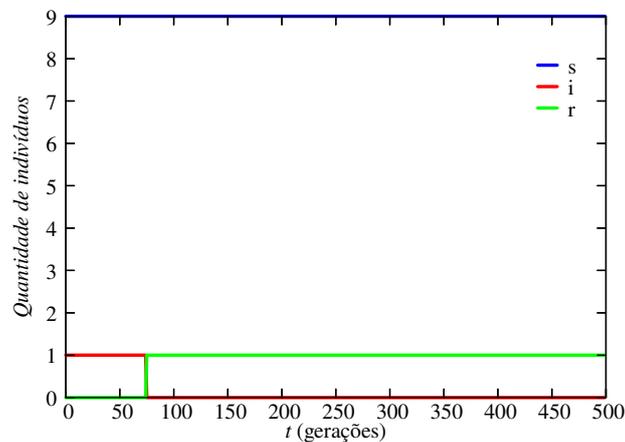


Figura 4.20: Solução estocástica do modelo SIR com $R_0 = 5$, $N = 10$, $seed = 1737468343$

Ambas as simulações utilizaram os mesmos parâmetros, com exceção da *seed*. Observa-se, no entanto, que os gráficos gerados não apresentam a mesma tendência entre si, tampouco a tendência exibida no gráfico da Figura 4.9, no qual, além da *seed*, o número total de indivíduos também foi diferente. No caso 4.19, o único indivíduo infectado não recuperou-se, nem infectou outros indivíduos durante a simulação. No caso 4.20, o indivíduo infectado recuperou-se durante a simulação, porém não conseguiu infectar nenhum outro. Em ambos os casos adotou-se $R_0 > 1$, o que, em teoria, deveria causar uma epidemia. Contudo isso não ocorreu, devido a população ser suficientemente pequena.

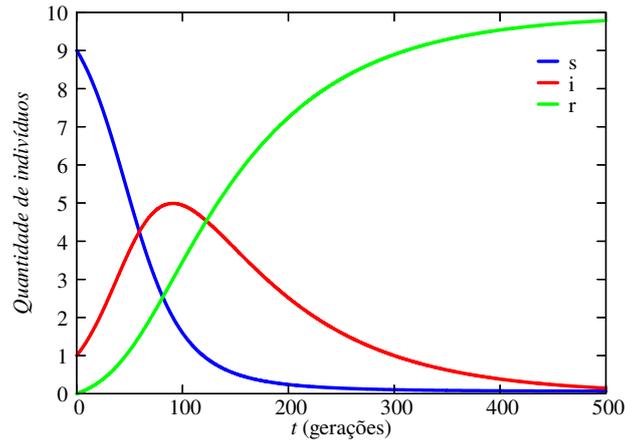


Figura 4.21: Solução do modelo SIR com $R_0 = 0,2$

O gráfico da Figura 4.21 corresponde à solução determinística para uma população de 10 indivíduos, com os demais parâmetros sendo os mesmos utilizados na solução estocástica. Nota-se que a tendência desse gráfico foi a mesma do 4.4, mesmo com a população sendo menor, o que evidencia a diferença de tais métodos para casos mais extremos.

Para fins de comparação com os métodos de Runge-Kutta, o tempo de execução do MMC varia muito. As simulações com $N = 10$ o tempo de execução foi na ordem de 10^{-1} segundos, com $N = 1000$ o tempo foi na ordem de segundos, e com $N = 100000$ o tempo foi na ordem de minutos.

É importante destacar que a solução obtida pelo método de Runge-Kutta foi comparada àquela do método de Monte Carlo *off-lattice* devido ao uso de ambos neste trabalho. No entanto, tal comparação apresenta limitações, pois o fator espacial intrínseco ao *off-lattice* torna os métodos essencialmente distintos. Para que a comparação seja mais equilibrada, seria necessário incorporar um fator espacial ao método de Runge-Kutta ou remover esse aspecto do Monte Carlo. Ainda que a comparação não seja completamente justa, ela permite observar e analisar as diferenças entre os dois métodos.

Considerações Finais

Neste trabalho, foi demonstrada a versatilidade das equações diferenciais, capazes de descrever os mais diversos sistemas. Tais equações podem, ou não, ter soluções analíticas, mas todas podem ser resolvidas numericamente, seja de forma determinística, seja estocástica.

O foco deste estudo foi encontrar as soluções numéricas das equações diferenciais do modelo SIR, tanto deterministicamente, utilizando os métodos de Euler, Runge-Kutta de 2ª ordem, Runge-Kutta de 4ª ordem e Runge-Kutta-Fehlberg, quanto estocasticamente, pelo método de Monte Carlo *off-lattice*.

Os resultados obtidos, tanto estocásticos quanto determinísticos, corroboraram com a teoria: ocorreram epidemias quando $R_0 > 1$, equilíbrio endêmico quando $R_0 = 1$ e eliminação da doença quando $R_0 < 1$. Nos cenários envolvendo imunidade de rebanho, os cálculos e as simulações também confirmaram a teoria, com a doença não se alastrando e sendo eliminada quando uma fração $Q\%$ da população era imunizada.

Observou-se também a diferença entre a solução determinística e estocástica, para o caso de uma população pequena, em que a solução estocástica apresentou resultados menos consistentes, porém tal inconsistência é um ponto positivo, pois ao se tratar de um caso extremo como esse, diferentes desfechos podem ocorrer em cenários reais, o que foi contemplado nas simulações estocásticas, porém não na determinística. Ressalta-se que essas limitações nas soluções determinísticas podem ser mitigadas mediante adaptações apropriadas nas equações.

Além disso, foi possível identificar as diferenças, vantagens e desvantagens de cada método determinístico. Os métodos de ordem mais elevada apresentaram maior precisão, mas à custa de maior demanda computacional. No entanto, constatou-se que essa maior demanda pôde ser mitigada pelo aumento do tamanho do passo h , que, nos métodos de ordem mais elevada, impacta menos a precisão em comparação com os de menor ordem, reduzindo consideravelmente o tempo de processamento.

No caso estocástico, especialmente para $R_0 = 1$, foi observada a dependência do parâmetro β em relação à distância mínima entre um indivíduo infectado e um suscetível para que não ocorra infecção. Essa dependência resultou na ocorrência de uma epidemia mesmo quando R_0 era, teoricamente, igual a 1.

Entre as possíveis perspectivas para trabalhos futuros estão: a resolução de modelos mais complexos, como o SAIR ou SEIR, e, no caso específico do modelo estocástico, a consideração de diferentes comportamentos populacionais, como o distanciamento de infectados, a simulação de diferentes grupos, entre outros.

Referências Bibliográficas

- [1] A. V. Farias, “Um estudo da modelagem epidemiológica sir usando conceitos de derivadas de ordem inteira e fracionária,” *Monografia, UFRG*, 2017.
- [2] S. H. Strogatz, “Excesso de mortalidade associado à pandemia de covid-19 foi de 14,9 milhões em 2020 e 2021,” *Organização Pan-Americana da Saúde*, 2022.
- [3] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, “A contribution to the mathematical theory of epidemics,” *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, vol. 115, no. 772, pp. 700–721, 1927.
- [4] S. H. Strogatz, “Guest column: Loves me, loves me not (do the math),” *The New York Times*, 2009.
- [5] G. F. Simmons and S. G. Krantz, *Equações diferenciais: teoria, técnica e prática*. McGraw Hill, 2008.
- [6] W. Shen, *An Introduction To Numerical Computation*. World Scientific Publishing Company, 2015.
- [7] D. P. Kroese, T. Brereton, T. Taimre, and Z. I. Botev, “Why the monte carlo method is so important today,” *Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics*, vol. 6, no. 6, pp. 386–392, 2014.
- [8] A. L. F. Lucchi, “Soluções numéricas de equações diferenciais,” trabalho de conclusão de curso, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2018.
- [9] J. Stewart, *Cálculo*. Cengage Learning, 2011.
- [10] R. A. L. Silva *et al.*, “Equações diferenciais ordinárias: métodos de soluções e aplicações,” Dissertação de Especialização, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2016.
- [11] M. Tenenbaum and H. Pollard, *Ordinary Differential Equations*. Harper & Row, 1963.
- [12] K. M. Owolabi, “Mathematical modelling and analysis of love dynamics: A fractional approach,” *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, vol. 525, pp. 849–865, 2019.
- [13] S. H. Strogatz, “Love affairs and differential equations,” *Mathematics Magazine*, vol. 61, no. 1, pp. 35–35, 1988.
- [14] S. Rinaldi, “Love dynamics: The case of linear couples,” *Applied Mathematics and Computation*, vol. 95, no. 2-3, pp. 181–192, 1998.

- [15] M. Ferreira, B. d. Oliveira, and A. Gonçalves, “Uma introdução aos métodos computacionais em física a partir do problema do decaimento radioativo,” *Revista Brasileira de Ensino de Física*, vol. 45, p. e20230347, 2023.
- [16] W. E. Boyce and R. C. DiPrima, *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*. Wiley, 2012.
- [17] F. D. M. Bezerra and M. W. A. Ramos, “Métodos de euler e runge-kutta de 4^a ordem por meio de um applet do geogebra,” dissertação de mestrado, Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, 2017.
- [18] A. Karvat, “Estudo da formação de cluster por meio de simulação de monte carlo,” iniciação científica, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2023.
- [19] D. G. ZILL, *Equações Diferenciais com Aplicações em Modelagem*. Cengage Learning, 2016.
- [20] K. N. F. Valle, “Métodos numéricos de euler e runge-kutta,” monografia, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2012.
- [21] S. Chapra, *Métodos Numéricos Aplicados com MATLAB® para Engenheiros e Cientistas - 3.ed.* Bookman, 2013.
- [22] S. Paul, S. P. Mondal, and P. Bhattacharya, “Numerical solution of lotka volterra prey predator model by using runge–kutta–fehlberg method and laplace adomian decomposition method,” *Alexandria Engineering Journal*, vol. 55, no. 1, pp. 613–617, 2016.
- [23] E. K. Omori, “Resolvendo o modelo de ising em duas dimensões utilizando o método de monte carlo,” trabalho de conclusão de curso, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2016.
- [24] J. F. d. L. DANTAS *et al.*, “Integração por aproximação: simulação via monte carlo.,” Trabalho de Conclusão de Curso, Universidade Federal de Campina Grande, Cuité, 2016. Disponível em: <<http://dspace.sti.ufcg.edu.br:8080/xmlui/handle/riufcg/8094>> Acesso em 06 Nov. 2024.
- [25] E. Roger, “Stan ulam, john von neumann, and the monte carlo method,” *Los Alamos Science*, vol. 15, pp. 131–137, 1987.
- [26] M. Ohriner, “Finding the area under a curve by the monte carlo method,” *The Physics Teacher*, vol. 9, no. 8, pp. 449–450, 1971.
- [27] D. Bazeia, M. Ferreira, and B. e. a. Oliveira, “Environment driven oscillation in an off-lattice may–leonard model,” *Scientific Reports*, vol. 11, 2021.
- [28] M. L. d. Almeida *et al.*, “Modelagem epidemiológica com um modelo sir estocástico utilizando cadeia de markov de tempo contínuo,” dissertação de mestrado, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2020.
- [29] A. M. R. de Barros, “Modelos matemáticos de equações diferenciais ordinárias aplicados à epidemiologia,” *Revista de Ciências Exatas e Tecnologia*, vol. 2, no. 2, pp. 62–67, 2007.

- [30] I. R. de Miranda Silva and J. Rosa, “Modelagem matemática aplicada à sistemas dinâmicos epidemiológicos: O modelo sir,” *Revista Científica Interdisciplinar INTERLOGOS*, vol. 3, no. 1, pp. 33–41, 2018.
- [31] O. Mathematics, “How do mathematicians model infectious disease outbreaks?.” Youtube, 2020. Acessado em: 02 Dez. 2024.
- [32] T. R. Maths, “Oxford mathematician explains sir disease model for covid-19 (coronavirus).” Youtube, 2020. Acessado em: 02 Dez. 2024.
- [33] W. M. PANTALEÃO, “Análise de escala do r_0 em função do tamanho da população com dados da covid-19,” trabalho de conclusão de curso, UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL, Porto Alegre, 2022.
- [34] C. D. Lacerda and H. Chaimovich, “O que é imunidade de rebanho e quais as implicações?,” *Jornal da USP*, 2020.
- [35] A. Karvat. <https://github.com/ak0237/tcc>.
- [36] K. de Souza Kock, E. G. Tavares, J. L. Traebert, and R. Maurici, “Cálculo da taxa de reprodutividade (r_0) através da simplificação do modelo sir aplicado à epidemia de influenza a (h1n1) ocorrida em 2009 no brasil,” *Revista de Epidemiologia e Controle de Infecção*, vol. 7, no. 2, pp. 72–78, 2017.