

## Resenha

---

### Artigo

Nepomuceno, E. G., Takahashi, R. H. C., e Aguirre, L. A. (2016). Individual based-model (IBM): An alternative framework for epidemiological compartment models. *Revista Brasileira de Biometria*, 34(1):133–162.

### Comentários

Um sistema complexo é composto por um conjunto de partes conectadas por alguma forma de relação entre elas. Assim, uma epidemia é considerada um caso típico de sistema complexo, pois epidemia é a alteração de uma ou mais características em um número significativo de indivíduos de uma população. Dessa maneira, a epidemiologia matemática é uma ferramenta utilizada para modelar e desenvolver estratégias de controle para um sistema epidemiológico. Para representar modelos epidemiológicos os modelos compartimentais são de grande valia, pois possibilitam descrever a epidemia como um sistema de equações diferenciais, como o modelo SIR (Suscetível – Infectado - Recuperado). O modelo SIR não consiste em uma abordagem real de um sistema complexo, pois considera a distribuição de indivíduos espacial e temporalmente homogênea. Uma forma mais realista utilizada na representação de modelos epidemiológicos é o Modelo Baseado em Indivíduos (IBM), considerando a população heterogênea, onde os indivíduos possuem características distintas, podendo modificar o processo de propagação de uma epidemia ao longo do tempo, tornando o sistema mais realista. Em particular, serão apresentados três experimentos para o cálculo da probabilidade de erradicação da doença. O primeiro experimento mostra um cenário onde a população não é constante e cresce com o tempo, assim em um determinado momento do processo é acrescentado um número de indivíduos a população, considerando ainda que uma parcela significativa desses indivíduos estejam infectados. A simulação é realizada para analisar o comportamento do modelo diante de uma perturbação externa, sendo essencial não alterar os parâmetros do sistema. Assim, os resultados apresentam flutuações estocásticas, mas, em média, o número de indivíduos infectados chega a um valor endêmico, o que é esperado para esta simulação. O segundo experimento compara o modelo compartimental SIR em relação ao IBM. Quando um grande número de simulações é realizado, espera-se que o resultado convirja para o resultado esperado do modelo SIR, considerando a população constante. O resultado mostra que os modelos SIR e IBM tem efeitos semelhantes. Finalmente o terceiro experimento utiliza o IBM e a probabilidade de erradicação, onde a simulação ocorre com a possibilidade de analisar o processo de erradicação de uma doença infecciosa. O contexto consiste em verificar a erradicação após o sistema ter alcançado o equilíbrio endêmico, avaliar a influência do tamanho da população na erradicação da doença e também analisar a média de tempo da erradicação. As simulações mostram como diferentes tamanhos de populações podem apresentar probabilidades diferentes de erradicação. Assim, o modelo IBM indicou um resultado interessante: quando uma população é separada em pequenas sub-populações, a probabilidade de erradicação aumenta. Em termos de aplicação, as simulações em um quadro IBM pode ser útil para avaliar os métodos de controle da doença e políticas que não puderam ser avaliadas por modelos de equações diferenciais tradicionais, particularmente no que diz respeito aos efeitos estocásticos associados à dimensão das populações finitas.

Autor: Denise Fonseca Resende, 28/08/2016.