



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS
CURSO DE GRADUAÇÃO EM FÍSICA

ANTONIO MAURICIO ROCHA ALENCAR JÚNIOR

DINÂMICA DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

FORTALEZA

2021

ANTONIO MAURICIO ROCHA ALENCAR JÚNIOR

DINÂMICA DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Física do Centro de Ciências da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do grau de bacharel em Física.

Orientador: Prof. Dr. Saulo Davi Soares e Reis

FORTALEZA

2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca Universitária
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

R571d Rocha Alencar Júnior, Antonio Mauricio.

Dinâmica de modelos epidemiológicos / Antonio Mauricio Rocha Alencar Júnior. – 2021.
52 f.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências,
Curso de Física, Fortaleza, 2021.

Orientação: Prof. Dr. Saulo Davi Soares e Reis.

1. Modelos Epidemiológicos. 2. Modelo SEIIRS. 3. Modelo SEVIIRS. 4. número de reprodução básico.
5. número de reprodução efetivo. I. Título.

CDD 530

ANTONIO MAURICIO ROCHA ALENCAR JÚNIOR

DINÂMICA DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Física do Centro de Ciências da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do grau de bacharel em Física.

Aprovada em: 27 de Agosto de 2021

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Saulo Davi Soares e Reis (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Erneson Alves de Oliveira
Universidade de Fortaleza (UNIFOR)

Prof. Dr. Ascânio Dias Araújo
Universidade Federal do Ceará (UFC)

À minha família, por sua capacidade de acreditar em mim e investir em mim. Mãe, seu cuidado e dedicação foi que deram, em alguns momentos, a esperança para seguir. Pai, sua presença significou segurança e certeza de que não estou sozinho nessa caminhada.

AGRADECIMENTOS

Gostaria primariamente de agradecer a minha família por todo suporte que tive durante os longos anos de formação. Que em incontáveis momentos me ajudaram com tudo que eu precisava e em diversos momentos foram totalmente compreensíveis e colaborativos com minhas necessidades.

Gostaria também de agradecer aos diversos bares entorno do campus do Pici e do Benfica, que serviram de escape e de ponto de encontro com os amigos e colegas do curso.

Aos meus fieis escudeiros da confraria: Barbara, Mateus, Rute, Adriel, Laura e Thiago, que me ajudaram e me fizeram rir até mesmo em momentos de dificuldades. E, mesmo com parte do grupo segundo por caminhos diferentes, ainda nos mantemos juntos.

Ao meu amigo Lucas Miranda, que me arrastou para o mundo dos bares e me mostrou todo o universo de possibilidades que a universidade tem. E pelas incontáveis conversas sobre os assuntos mais banais e interessantes, e por ter suportado as piadas mais infames.

Aos diversos professores que me mostraram de forma cativante (alguns nem tanto) o universo de possibilidades e curiosidades que a física nos mostra, me fazendo seguir por esse caminho tão longo e árduo. Com um certo apreço destacado aos professores Raimundo, Carmona, Andrey, Milton, Ramos, William Paschoal e Renivaldo.

Ao meu orientador Saulo, que mesmo com um pedido tão repentino para me orientar, aceitou e me ajudou de todas as formas possíveis, me mostrando essa tão interessante área do conhecimento. Além de ter me ajudado e aconselhado em diversos momentos de minha graduação.

Aos amigos que seguiram comigo durante toda graduação: Igor, Germano e Brehmer, que viramos algumas noites estudando no desespero. Ao Cássio, pelo diversos momentos falando asneiras e esperando ele descer do laboratório para ir ao RU. E a Thais por compartilhar de desesperos parecidos.

Ao meu companheiro computador, que me permitiu estudar com tanto afinco quando necessário e me permitiu também desopilar no League of Legends e Valorant, fora permitir assistir meus animes e streamers na twitch.

RESUMO

Com o objetivo de estudar a mortalidade em Londres, em meados do século XVII, o cientista e demografo John Graunt por meio de regra de três e proporções obtidas comparando anos nas “contagens de mortalidade” foi capaz de realizar diversas estimativas acerca da cidade de Londres, na Inglaterra, dentre as quais estavam as estimativas das taxas de natalidade e morte de homens e mulheres, além do aumento da propagação de certas doenças e dos fatores de risco das mesmas, ainda no século XVII. Um século depois o físico e matemático Holandês Daniel Bernoulli propôs um estudo epidemiológico matemático, onde levava em conta indivíduos infectados e suscetíveis. Desse interesse por tentar entender os fatores que levam a propagação de uma doença, surgiu a epidemiologia, ramo da medicina que estuda os diferentes fatores que intervêm na difusão e propagação de doenças. Diversos modelos matemáticos foram desenvolvidos, buscando explicar as diferentes possibilidades acerca da propagação de uma doença. Nesse trabalho estudaremos modelos compartimentais importantes para a modelagem numérica da pandemia de COVID-19. Em especial, proporemos um modelo com a inclusão de um compartimento de indivíduos vacinados, SEVIIRS, e o efeito da vacinação na contenção de uma doença. Além disso, no nosso modelo foi acrescentado a possibilidade de reinfeção pelo patógeno, que não foi considerado no modelo SEII, além do efeito da vacinação sobre a dinâmica da doença.

Palavras-chave: Modelos Epidemiológicos; Modelo SEIIRS; Modelo SEVIIRS; número de reprodução básico; número de reprodução efetivo.

ABSTRACT

In order to study mortality in London, in a revelation of the 17th century, scientist and demographer John Graunt through a rule of three and elaborate proportions comparing years in the “mortality counts” was able to make several availabilities about the city of London, England, among the factors that were mentioned in the birth and death rates of men and women, in addition to the increase in the spread of certain diseases and risk factors for diseases, even in the 17th century Dutch Daniel Bernoulli proposed an epidemiological study from this interest in trying to understand the factors that lead to the spread of a disease, epidemiology emerged, a branch of medicine that studies the different factors that intervene in diffusion and Several mathematical models were developed, seeking to explain as different possibilities of the spread of a disease. In this work we will study important compartmental models for numerical modeling of the COVID-19 pandemic. In particular, we will propose a model with the inclusion of a vaccinated district, SEVIIRS, and the effect of vaccination on the containment of a disease. Furthermore, in our model, the possibility of reinfection by the pathogen was added, which was not considered in the SEII model, in addition to the effect of vaccination on the dynamics of the disease.

Keywords: Epidemiological Models; SEIIRS model; SEVIIRS model; basic reproduction number; effective reproduction number.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – No gráfico (a) temos $\beta=1$ e no gráfico (b) temos $\beta = 2$, ambos com $x_0 = i_0 = 0,01$	17
Figura 2 – Diagrama do modelo SI.	17
Figura 3 – Solução numérica do modelo SIR.	19
Figura 4 – Diagrama do modelo SIR.	20
Figura 5 – No gráfico (a) temos $\gamma = 1$ e $\beta = 2$, (b) temos $\gamma = 0,5$ e $\beta = 2,5$, (c) temos $\gamma = 0,1$ e $\beta = 3$	22
Figura 6 – No gráfico (a) temos $\delta=0,05$, (b) $\delta = 0,1$, (c) $\delta=0,2$ e (d) $\delta=0,3$	24
Figura 7 – Diagrama do modelo SIRS.	25
Figura 8 – Diagrama do modelo SEIIRS.	28
Figura 9 – Diagrama do modelo SEVIIRS.	33
Figura 10 – Valores dos compartimentos de infectados documentados (x^d), infectados não-documentados (x^u) e infectados totais ($x^d + x^u$). Podemos ver que a forma predominante da curva é oriunda dos infectados não-documentados.	37
Figura 11 – Valores dos compartimentos de expostos (e), infectados totais ($x^d + x^u$). O máximo dos expostos ocorre antes do máximo dos infectados totais, além do pico ocorrer num valor maior, ou seja, uma parcela maior da população atinge esse valor.	37
Figura 12 – Curvas para todos os compartimentos do modelo SEIIRS.	38
Figura 13 – Número de reprodução efetivo ao longo do tempo, para o modelo SEIIRS.	38
Figura 14 – Curva dos infectados documentados para diferentes taxas de vacinação.	40
Figura 15 – Curva dos infectados não-documentados para diferentes taxas de vacinação.	41
Figura 16 – Curva dos infectados totais para diferentes taxas de vacinação.	41
Figura 17 – número de reprodução efetivo para o modelo SEVIIRS, fixados $\theta=1/180$ e $\sigma=0.059$	42
Figura 18 – Diagramas de fase para $\sigma = [0,01, 0,056]$	43
Figura 19 – Diagramas de fase para $\sigma = [0,061, 0,107]$	43
Figura 20 – Diagramas de fase para $\sigma = [0,113, 0,159]$	44
Figura 21 – Diagramas de fase para $\sigma = [0,164, 0,210]$	44
Figura 22 – Número total de infectados para os modelos SEIIRS e SEVIIRS.	46

Figura 23 – Comparação entre as curvas do número de reprodução efetivo dos modelos
SEIIRS e SEVIIRS. 47

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Taxa de eficiência das Vacinas da COVID 19, para casos leves com indivíduos abaixo de 65 anos.	40
Tabela 2 – Valores dos coeficientes angulares a_{σ} , para os diferentes valores de σ utilizados.	45

SUMÁRIO

1	MODELOS COMPARTIMENTAIS EM EPIDEMIOLOGIA	12
1.1	Estudos epidemiológicos	12
<i>1.1.1</i>	<i>Relevância</i>	<i>12</i>
<i>1.1.2</i>	<i>Modelagem matemática</i>	<i>12</i>
<i>1.1.3</i>	<i>R_0 e R_t - Número de reprodução básico e efetivo</i>	<i>12</i>
1.2	Modelo SI	15
<i>1.2.1</i>	<i>Cálculo do R_0 para o modelo SI</i>	<i>17</i>
1.3	Modelo SIR	18
<i>1.3.1</i>	<i>Cálculo do R_0 para o modelo SIR</i>	<i>20</i>
1.4	Modelo SIS	21
<i>1.4.1</i>	<i>Cálculo do R_0 para o modelo SIS</i>	<i>22</i>
1.5	Modelo SIRS	23
<i>1.5.1</i>	<i>Cálculo do R_0 para o modelo SIRS</i>	<i>25</i>
2	MODELOS COMPARTIMENTAIS COM DOIS COMPARTIMENTOS DE INFECTADOS	27
2.1	Modelo SEIIRS	27
<i>2.1.1</i>	<i>Cálculo do R_0 para o modelo SEIIRS</i>	<i>28</i>
2.2	Modelo SEVIIRS	31
<i>2.2.1</i>	<i>Cálculo do R_0 para o modelo SEVIIRS</i>	<i>33</i>
3	ANÁLISE DAS SOLUÇÕES NUMÉRICAS DOS MODELOS SEIIRS E SEVIIRS	36
3.1	Solução numérica para o modelo SEIIRS	36
3.2	Solução numérica para o modelo SEVIIRS	39
<i>3.2.1</i>	<i>Influência dos parâmetros σ, θ e ϕ acerca do valor de R_0 no modelo SEVIIRS</i>	<i>42</i>
<i>3.2.2</i>	<i>Comparação entre os modelos SEVIIRS e SEIIRS: efeito da vacinação na dinâmica da doença</i>	<i>46</i>
4	CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS	48
	REFERÊNCIAS	49
	APÊNDICES	51
	APÊNDICE A – MÉTODO DE RUNGE-KUTTA DE QUARTA ORDEM	51

1 MODELOS COMPARTIMENTAIS EM EPIDEMIOLOGIA

1.1 Estudos epidemiológicos

1.1.1 Relevância

Ao longo da história da humanidade, diversas doenças surgiram. Dentre as quais, estão o conjunto de doenças infecciosas — isto é, doenças capazes de serem transmitidas entre diversos indivíduos da mesma espécie ou de espécies distintas. Quando uma doença infecciosa se espalha por uma grande região geográfica ela recebe o nome de pandemia (GRENBERG *et al.*, 2005). A peste bubônica que assolou a Europa e a Ásia em meados do século XIV, a gripe espanhola que atingiu proporções globais no início do século XX e atualmente a COVID-19 são exemplos de pandemias.

1.1.2 Modelagem matemática

Em 1662, o cientista e demógrafo John Graunt em seu trabalho intitulado *Natural and Political Observations Made Upon the Bills of Mortality* (em português: Observações naturais e políticas feitas sobre as contas de mortalidade), compilou e analisou dados de mortalidade da cidade de Londres, esse dados eram obtidos por meio das “Contagens de Mortalidade”. As “Contagens de Mortalidade” eram documentos que ofereciam informações sobre nascimentos, mortes e causas das mortes nas paróquias de Londres. Já em 1770, o físico e matemático holandês Daniel Bernoulli propôs um estudo epidemiológico, onde levava em conta indivíduos infectados e suscetíveis, hoje conhecido como modelo SI (suscetível-infectado). Nesse modelo os indivíduos que estão infectados podem transmitir o patógeno para outros que são suscetíveis, não levando em consideração possibilidade de cura ou morte. Esse modelo pode explicar, de forma simplificada, doenças crônicas, e.g. o HIV. Desde então, diversos outros modelos epidemiológicos surgiram, almejando explicar os casos mais diversos possíveis. Nesse primeiro capítulo serão estudados quatro modelos compartimentais epidemiológicos: SI, SIR, SIS e SIRS.

1.1.3 R_0 e R_t - Número de reprodução básico e efetivo

Um parâmetro importante na epidemiologia é o número de reprodução básico, comumente representado na literatura pelo símbolo R_0 . Seu valor representa o número médio de pessoas suscetíveis que serão infectadas por um indivíduo infectado com a doença, antes que

esse indivíduo doente se recupere, tendo seu valor calculado no início da propagação da doença. Esse número é bastante importante para o estudo da dinâmica dos sistemas que representam o modelo epidemiológico, tendo em vista que ele determina pontos críticos do mesmo. Pela definição do R_0 é possível observar que caso $R_0 > 1$, cada indivíduo infectado, infecta numa taxa maior do que a população pode se recuperar, fazendo com que a propagação da doença persista. Caso $R_0 = 1$ a epidemia persistirá com um número de infectados constantes, isto é, se tornará uma endemia. Finalmente, se $R_0 < 1$ a doença será controlada. Temos para o sarampo $R_0 = 12-18$ (GUERRA *et al.*, 2017), para o MERS $R_0 = 0.47$ (0.29–0.80) (KUCHARSKI; ALTHAUS, 2015) e para o gripe (cepas sazonais) $R_0 = 1.3$ (1.2–1.4) (FRASER *et al.*, 2009). Ressalta-se que o valor de R_0 é uma constante característica da doença.

Para o cálculo do número de reprodução básico de forma generalizada, podemos usar a abordagem da matriz de próxima geração (ALLEN; DRIESSCHE, 2008). Tendo $X(t) = (x_0, x_1, x_2, \dots, x_n)^T$ como sendo os n compartimentos da população no instante de tempo t . Esses compartimentos podem ser de um indivíduos suscetíveis, infectados, recuperados, etc. Façamos

$$\frac{d}{dt}X(t) = G(X(t)), \quad (1.1)$$

com $G : R_+^n \rightarrow R_+^n$ e $G \in C^1(R_+^n)$ para $R_+^n = \{Y(y_1, y_2, \dots, y_n) | y_j \geq 0, j = 1, 2, \dots, n\}$, onde y_j representa as taxas de variação do compartimento j . Separando $X(t)$ em dois conjuntos distintos, sendo um deles de indivíduos infectados e outro de indivíduos não-infectados com o primeiro conjunto, o conjunto dos infectados, sendo contido nos primeiros m estados (com $m < n$) e os não infectados com o restante ($n - m$), teremos

$$X(t) = \begin{cases} X_1(t) = (x_1, x_2, \dots, x_m)^T, \\ X_2(t) = (x_{m+1}, x_{m+2}, \dots, x_n)^T, \end{cases} \quad (1.2)$$

com $X_1(t)$ representando o conjunto de indivíduos infectados e $X_2(t)$ não-infectados. Tendo a Eq. (1.2), podemos reescrever a Eq. (1.1) na forma

$$\left(\frac{d}{dt}X_1(t) \frac{d}{dt}X_2(t) \right) = \left(G_1(X(t)) G_2(X(t)) \right). \quad (1.3)$$

Para resolver a Eq. (1.3), assumimos que existe um único ponto de equilíbrio livre de doenças, DFE (do inglês Disease-free equilibrium) onde $X_1(t^*) = 0$ e $X_2(t^*) > 0$. Aqui 0 representa a matriz nula, temos que os elementos de $X_2(t^*)$ têm que ser maior do que 0. Vale observar que esse ponto de extremo ocorre no vetor $X_1(t^*)$, que possui os resultados dos indivíduos infectados. Nesse mesmo ponto, temos que o vetor $X_2(t^*)$, que possui os

resultados dos indivíduos não-infectados, como sendo maior do que zero. É assumido também que linearizando o sistema discreto dado pela Eq. (1.1) por meio do DFE é obtido (ALLEN; DRIESSCHE, 2008)

$$\frac{d}{dt}Y(t) = JY(t), \quad (1.4)$$

com J sendo o jacobiano das variáveis G com as variáveis de Y , sendo, uma matriz quadrada de dimensão n , tendo a forma

$$J = \begin{pmatrix} F + T & O \\ A & C \end{pmatrix}, \quad (1.5)$$

sendo $F + T$ submatrizes irredutíveis quadradas e positivas de dimensão m , onde a matriz irredutível significa que não existe um reordenamento que faça PAP^{-1} com diagonais sendo matrizes quadradas, enquanto ela ser positiva significa que todos os elementos da matrizes são maiores do que 0. O é a matriz nula de mesma dimensão de F e T . F e T são obtidas diferenciando com relação aos estados de G_0 . Uma forma de obtê-las é com auxílio das matrizes \mathcal{F} e \mathcal{T} , tendo a relação $G_1(X(t)) = \mathcal{F} + \mathcal{T}$. \mathcal{F} representa as novas infecções, enquanto \mathcal{T} representa a transferência dos indivíduos entre os compartimentos, isto é, a mudança de um indivíduo de um estado para outro. Com \mathcal{F} e \mathcal{T} podemos calcular F e T por meio da relação

$$F = \frac{d\mathcal{F}_i(X(t^*))}{dx_j} \text{ e } T = -\frac{d\mathcal{T}_i(X(t^*))}{dx_j}, \quad (1.6)$$

onde x_j representa os j -ésimos estados de X_1 e \mathcal{F}_i os i -ésimos estados de \mathcal{F} que são obtidos pelos estados infectados $X_1(t)$. Isto nos diz que F e T serão uma matrizes quadrada de dimensão igual ao número de estados de $X_2(t)$. Tendo o número de reprodução básico dada por (DRIESSCHE; WATMOUGH, 2002)

$$R_0 = \rho(FT^{-1}), \quad (1.7)$$

onde $X_1(t^*)$ é um ponto de equilíbrio livre de doenças, isto é, um ponto de extremo do sistema expresso na Eq. (1.1), T^{-1} representa a matriz inversa de T e $\rho(A)$ representa o raio espectral da matriz A , definido como sendo

$$\rho(A) \equiv \max_{(i=1, \dots, n)} |\lambda_i(A)|, \quad (1.8)$$

com $\lambda_i(A)$ sendo os autovalores de A . Podemos também calcular R_0 a partir de um modelo determinístico. Nessa abordagem é considerado uma função chamada de "função de sobrevivência", sendo expressa pela letra F . Tendo $F(a)$ como sendo a probabilidade de um indivíduo

recentemente infectado permanecer infectado por um tempo a . Essa probabilidade é conhecida como probabilidade de sobrevivência. Definindo também $b(a)$ como sendo o número médio de novas infecções que um indivíduo infectado produzirá num tempo a . R_0 será dado por (HEFFERNAN *et al.*, 2005)

$$R_0 = \int_0^{\infty} b(a)F(a)da. \quad (1.9)$$

A função $F(a)$ pode ser determinada por meio de argumentos lógicos acerca do problema em questão, atentando a sua definição expressa acima, da mesma forma que $b(a)$ também deve satisfazer sua definição.

Finalmente, para o estudo da doença ao longo do tempo, é mais útil observarmos o número de reprodução efetivo é expresso por R_t . Seu valor pode ser calculado de acordo com a expressão abaixo

$$R_t = R_0 \frac{S(t)}{N} = R_0 s(t), \quad (1.10)$$

com $S(t)$ representando o compartimento de indivíduos suscetíveis (DAS, 2020). Devido ao fato do seu valor variar ao longo do tempo, é possível observar a eficácia das estratégias que as instituições de saúde optam por implementar para controlar a proliferação de uma doença.

1.2 Modelo SI

Biologicamente, o que acontece no corpo de um hospedeiro de um vírus ou bactéria nociva ao corpo é bastante complicado de ser descrito matematicamente. Contudo, é possível simplificar o processo de propagação desses patógenos em alguns poucos estágios da doença. Tais estágios são algumas vezes chamado de compartimentos, e os modelos matemáticos que incorporam tais compartimentos são chamados de modelos compartimentais (NEWMAN, 2010). O modelo SI (Suscetível-Infectado) é um desses diversos modelos compartimentais, onde leva-se em conta indivíduos infectados podendo entrar em contato com indivíduos suscetíveis à infecção pela doença.

A dinâmica desse sistema, permite apenas a transição do estado suscetível, que não possui a doença, mas pode contraí-la para o estado infectado, que possui a doença e pode propagá-la, sendo necessário modelos mais complexos para os casos onde considera-se fatores como recuperação dos indivíduos infectados, mortes, vacinação, etc.

Para expressar os modelos matemáticos, iremos definir algumas funções, sendo elas $X(t)$ para expressar o número de indivíduos infectados e $S(t)$ o número de indivíduos suscetíveis

num dado instante de tempo t . Devido a natureza aleatória da propagação de uma doença, os valores de $X(t)$ e $S(t)$ não podem ser definidos unicamente. Portanto, usaremos $X(t)$ e $S(t)$ como sendo a média ou valor esperado dos indivíduos infectados e suscetíveis, respectivamente (NEWMAN, 2010). Dado β como sendo uma constante que representa o contato médio de um indivíduo infectado com o outro suscetível, n como sendo o número total da população, teremos

$$\frac{dX}{dt} = \beta \frac{SX}{n}, \quad (1.11)$$

omiti o tempo para simplificar notação ($S(t) = S$, $X(t) = X$). Conforme o número de indivíduos infectados cresce, o número de suscetíveis decresce, logo

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SX}{n}. \quad (1.12)$$

Tomando a mudança de variável

$$s = \frac{S}{n}, \quad x = \frac{X}{n}, \quad (1.13)$$

com as variáveis da Eq. (1.13) representando a fração de indivíduos suscetíveis e infectados, respectivamente. Com isso, nós obtemos o sistema de equações diferenciais ordinárias

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\beta sx, \\ \frac{dx}{dt} = \beta sx, \end{cases} \quad (1.14)$$

sujeito ao vínculo $S + X = n$, ou, respectivamente $s + x = 1$. Nesse modelo não se considera o número de óbitos, portanto, o número total de indivíduos é igual a soma dos suscetíveis com os infectados. Resolvendo as EDOs (Equações diferenciais ordinárias) sujeitas ao vínculo, obtemos

$$x(t) = \frac{x_0 e^{\beta t}}{1 - x_0(1 - e^{\beta t})}, \quad (1.15)$$

sendo $x_0 = x(t = t_0)$, tomando $t_0 = 0$. x_0 representa a fração de indivíduos inicialmente infectados. No gráfico expresso na Fig. 1, podemos ver a forma da função apresentada na Eq. (1.15), para $x_0 = 0,01$ (1%) e alguns valores de β .

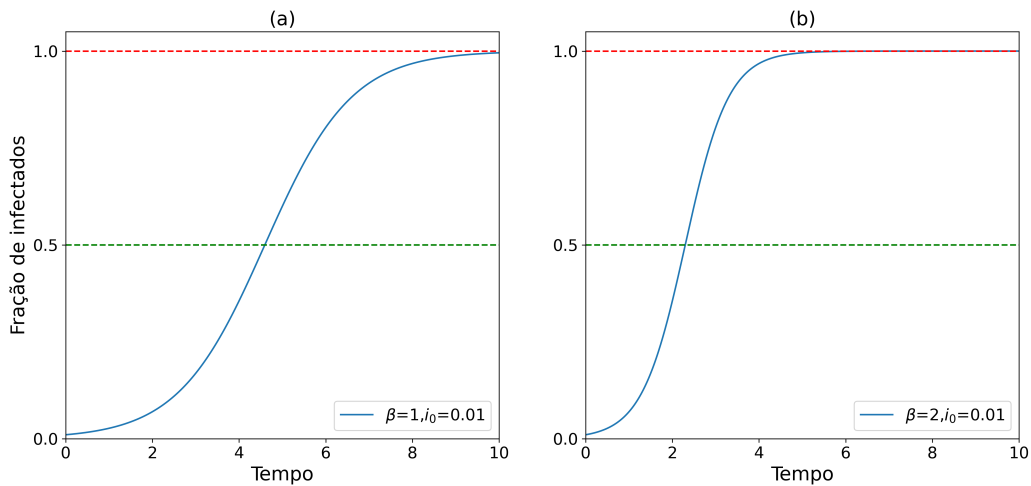


Figura 1 – No gráfico (a) temos $\beta=1$ e no gráfico (b) temos $\beta = 2$, ambos com $x_0 = i_0 = 0,01$.
Fonte: autor.

Podemos observar pela Fig. 1 que aumentando o valor de β , número médio de contato de infectado com um suscetível, a curva tende a 1 mais rapidamente. Isto é, a população é totalmente infectada mais rapidamente.

1.2.1 Cálculo do R_0 para o modelo SI

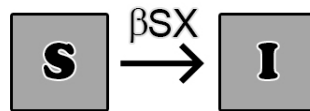


Figura 2 – Diagrama do modelo SI.

Fonte: autor.

Como nesse modelo não é admitido a possibilidade de recuperação do indivíduo, o cálculo de R_0 não é possível, pois a própria definição de R_0 , como pode ser visto na subseção (1.1.3) necessita dessa possibilidade. O significado do diagrama acima será o mesmo para todos as futuras representações. A letra dentro do quadrado representa o compartimento, enquanto as setas com os termos representam as taxas de transferências entre os compartimentos. A seta saindo do compartimento S e entrando no compartimento I com uma taxa βSX , terá sinal positivo no compartimento de entrada I e negativo no compartimento de saída S . Caso essa taxa não possua entrada, apenas saída, ela será representada por uma seta saindo do estado de origem

de forma a apontar para um espaço sem compartimentos. A leitura desse diagrama facilitará bastante a montagem das matrizes \mathcal{F} e \mathcal{T} .

1.3 Modelo SIR

Para tornar o modelo um pouco mais realista, podemos acrescentar mais um compartimento ao sistema, sendo esse compartimento o de indivíduos recuperados, resultando no modelo SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado). Teremos dois estágios: no primeiro estágio o indivíduo suscetível entra em contato com infectado, tornando-se também infectado, no segundo estágio ele se recupera com uma taxa média de γ . As equações matemáticas para esse modelo são dadas abaixo (NEWMAN, 2010)

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\beta xs, \\ \frac{dx}{dt} = \beta sx - \gamma x, \\ \frac{dr}{dt} = \gamma x, \end{cases} \quad (1.16)$$

reescrevendo o sistema acima da seguinte forma

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = f(x, s), \\ \frac{dx}{dt} = g(x, s), \\ \frac{dr}{dt} = p(x), \end{cases} \quad (1.17)$$

onde

$$\begin{cases} f(x, s) = -\beta xs, \\ g(x, s) = \beta sx - \gamma x, \\ p(x) = \gamma x. \end{cases} \quad (1.18)$$

O sistema da Eq. (1.16) possui solução analítica fechada (HARKO *et al.*, 2014), contudo, aqui resolvemos o modelo por meio de métodos numéricos. Dentre os diversos métodos numéricos, foi feito o uso do método de Runge-Kutta de quarta ordem (RK4) (WITTENBURG, 2013). A discretização dada pelo método RK4 é expressa abaixo

$$\begin{cases} x_{i+1} = x_i + \frac{h}{2}(l_0 + 2l_1 + 2l_2 + l_3), \\ s_{i+1} = s_i + \frac{h}{2}(k_0 + 2k_1 + 2k_2 + k_3), \\ r_{i+1} = r_i + \frac{h}{2}(m_0 + 2m_1 + 2m_2 + m_3), \end{cases} \quad (1.19)$$

onde os parâmetros $l_0, l_1, l_2, l_3, k_0, k_1, k_2, k_3, m_0, m_1, m_2$ e m_3 podem ser calculados como expresso no Apêndice A, h é o passo, que podemos definir como sendo

$$h = \frac{t_f - t_i}{N}, \quad (1.20)$$

sendo N o número de pontos utilizado. Com as expressões da Eq. (1.19) e o algoritmo do RK4 com $h = 0,001$ dado pela expressão da Eq. (1.20), obtemos a solução expressa na Fig. 3, tendo r_0, s_0, x_0 como sendo $r(t = 0) = 0, s(t = 0) = 0,99, x(t = 0) = 0,01$ respectivamente, além de $\beta = 1$ e γ como sendo o conjunto de valores $\{0,4, 0,5, 0,7, 0,9\}$, para que possamos examinar os mais diversos casos.

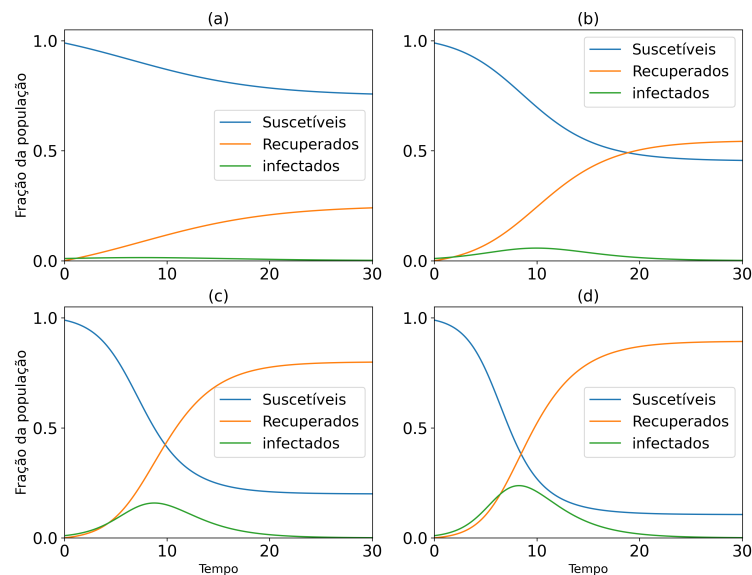


Figura 3 – Solução numérica do modelo SIR.

Fonte: autor

No gráfico expresso na Fig. 3(a) temos $\gamma=0,9$, 3(b) $\gamma = 0,7$, 3(c) $\gamma=0,5$ e 3(d) $\gamma=0,4$. Podemos ver que no caso de γ muito próximo do valor de β , a curva de infectados é extremamente baixa. Conforme γ decresce, a curva dos infectados torna-se menos achatada, ganhando uma forma parecida com uma curva de sino, tendo um máximo. Quanto menor γ , com β fixo, maior o valor do máximo.

1.3.1 Cálculo do R_0 para o modelo SIR

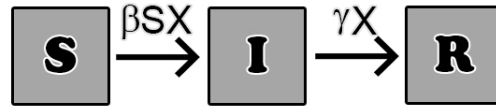


Figura 4 – Diagrama do modelo SIR.

Fonte: autor.

Para o calcular o R_0 para esse modelo, usaremos a abordagem determinística, através da função de sobrevivência $F(a)$, tendo a relação entre R_0 e essa função dada pela equação Eq. (1.9).

Primeiramente é necessário encontrar a expressão para $F(a)$ e $b(a)$. Para isso analisaremos o modelo SIR. Tendo γ como sendo a taxa de recuperação (ou morte), a probabilidade de um indivíduo se recuperar em qualquer intervalo de tempo δa é $\gamma\delta a$, e, como o indivíduo pode somente se recuperar ou não se recuperar ($p_{recuperar} + p_{nao-recuperar} = 1$), temos a probabilidade dele não se recuperar dada por $p_{nao-recuperar} = (1 - \gamma\delta a)$. Logo, a probabilidade dele se manter infectado após um tempo total a é dada por

$$\lim_{\delta a \rightarrow 0} (1 - \gamma\delta a)^{a/\delta a} = e^{-\gamma a}, \quad (1.21)$$

tendo a probabilidade $p(a)da$ do indivíduo permanecer infectado pelo tempo a e então se recuperar no intervalo a e $a + \delta a$ como sendo γda vezes a expressão de cima, portanto

$$p(a)da = \gamma e^{-\gamma a} da. \quad (1.22)$$

A probabilidade expressa em Eq. (1.22) representa nossa função de sobrevivência $F(a)da$

$$p(a)da = F(a)da = \gamma e^{-\gamma a} da, \quad (1.23)$$

restando agora encontrar a expressão para $b(a)$. Sendo β o contato médio de um indivíduo infectado com outros não-infectados, caso esse indivíduo permaneça em contato com outro suscetível por um tempo a , teremos o número médio de contato dado por

$$b(a) = \beta a. \quad (1.24)$$

Usando a Eq. (1.23) e a Eq. (1.24) na Eq. (1.9), obtemos a expressão

$$R_0 = \int_0^\infty \beta \gamma a e^{-\gamma a} da = \beta \gamma \int_0^\infty a e^{-\gamma a} da,$$

resolvendo a integral acima por meio de integração por partes, obtemos

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}. \quad (1.25)$$

Vemos por meio da Eq. (1.25) que a condição para $R_0 \leq 1$ é que $\beta \leq \gamma$, isso nos diz que se o contato médio dos indivíduos infectados for menor ou igual do que a taxa de recuperação, a propagação da doença será controlada.

1.4 Modelo SIS

No modelo SIS (Suscetível-Infectado-Suscetível) levamos em consideração a possibilidade de reinfecção. Ou seja, no caso de recuperação do indivíduo, ele não adquire imunidade. O modelo matemático que é expresso por

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = \gamma x - \beta s x, \\ \frac{dx}{dt} = \beta s x - \gamma x, \end{cases} \quad (1.26)$$

com o vínculo

$$s + x = 1. \quad (1.27)$$

Isolando s em (1.27) e usando na segunda equação de (1.26), nós obtemos a equação diferencial

$$\frac{dx}{dt} = (\beta - \gamma - \beta x)x. \quad (1.28)$$

E essa EDO tem a forma de uma função logística, tendo solução

$$x(t) = x_0 \frac{(\beta - \gamma)e^{(\beta - \gamma)t}}{\beta - \gamma - \beta x_0 [1 - e^{(\beta - \gamma)t}]}. \quad (1.29)$$

Na Fig. 5, apresentamos a solução da Eq. (1.25), com $x_0 = 0,01$ e variados valores de γ e β . Podemos observar pelos gráficos expressos na Fig. 5 que quando β aumenta e γ diminui, uma fração maior da população é infectada, com um ritmo muito mais rápido, requer menos tempo para atingir o máximo.

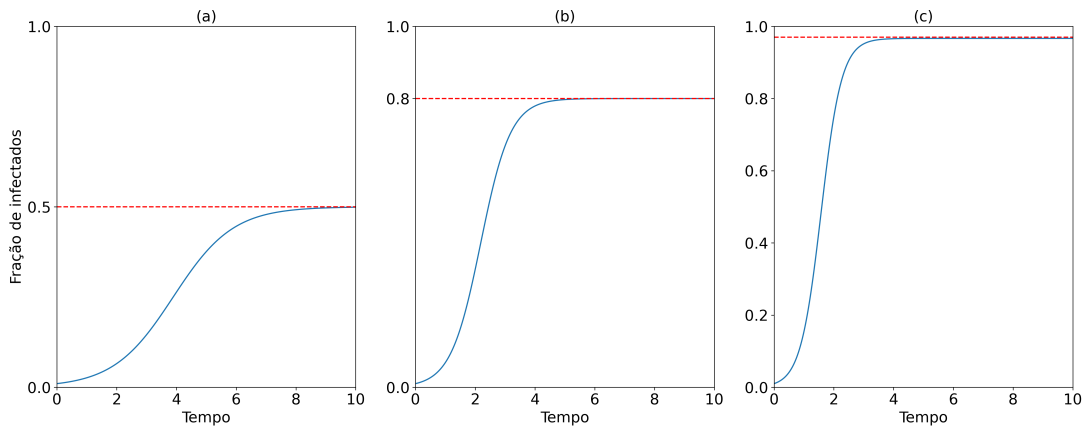


Figura 5 – No gráfico (a) temos $\gamma = 1$ e $\beta = 2$, (b) temos $\gamma = 0,5$ e $\beta = 2,5$, (c) temos $\gamma = 0,1$ e $\beta = 3$.

Fonte: autor.

1.4.1 Cálculo do R_0 para o modelo SIS

Para o cálculo do R_0 para o modelo SIS, voltaremos a usar a abordagem com as matrizes \mathcal{F} e \mathcal{T} . Com o sistema de equações diferenciais do modelo expresso na Eq. (1.22). Teremos $G(X(t))$ e $X(t)$ dados por

$$X(t) = \begin{cases} X_1(t) = (x)^T, \\ X_2(t) = (s)^T, \end{cases} \quad (1.30)$$

e

$$G(t) = \begin{cases} G_1(t) = \beta sx - \gamma x, \\ G_2(t) = \gamma x - \beta sx. \end{cases} \quad (1.31)$$

As matrizes \mathcal{F} e \mathcal{T} serão dadas por

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} 0 \\ \beta sx \end{pmatrix} \text{ e } \mathcal{T} = \begin{pmatrix} \gamma x - \beta sx \\ -\gamma x \end{pmatrix}, \quad (1.32)$$

procuramos um ponto que faça $X_1(t^*) = 0$ e $X_2(t^*) > 0$, pela Eq. (1.26). Esse mesmo ponto deve solucionar a parte homogênea do sistema da Eq. (1.27) isto é

$$G(t) = \begin{cases} 0 = \beta s^* x^* - \gamma x^*, \\ 0 = \gamma x^* - \beta s^* x^*, \end{cases} \quad (1.33)$$

vemos que o sistema da Eq. (1.31) é válido para qualquer valor de s^* , tendo $x^*=0$. Impondo que s^* é uma constante qualquer maior do que 0 ($s^* = s_0 > 0$) teremos o ponto de equilíbrio livre de

doenças $p^* = (x^*, s^*) = (0, s_0)$. Como temos apenas um compartimento de infectados x , teremos a dimensão de F e T como sendo um escalar. Usando a relação da Eq. (1.6) podemos calcular F e T

$$F = \frac{d\mathcal{F}_2}{dx} \text{ e } T = -\frac{d\mathcal{T}_2}{dx}, \quad (1.34)$$

a derivada de \mathcal{T} e \mathcal{F} ocorre somente no segundo termo dos vetores, pois somente o segundo termo dos vetores correspondem ao compartimento de infectados, diferenciando-os teremos

$$F = \beta s \text{ e } T = \gamma. \quad (1.35)$$

Atuando a condição DFE $p^* = (0, s_0)$ nas matrizes F e T , teremos,

$$F(p^*) = \beta s_0 \text{ e } T(p^*) = \gamma. \quad (1.36)$$

Como T é um escalar, o seu inverso é dado simplesmente por $1/\gamma$, teremos FT^{-1} dado por

$$FT^{-1} = \frac{\beta s_0}{\gamma}, \quad (1.37)$$

como a única condição sobre s_0 que faz com que o ponto $p^* = (0, s_0)$ seja um DFE é que ele seja maior do que 0, podemos fazê-lo igual a 1 sem perder de generalidade. Tendo a relação entre a Eq. (1.37) e R_0 dada pela Eq. (1.7), concluímos que

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}. \quad (1.38)$$

1.5 Modelo SIRS

No modelo SIRS (Suscetível-Infectado-Recuperado-Suscetível), assim como no modelo SIS, é incorporado a possibilidade de reinfecção. Nele, o indivíduo infectado pode se recuperar e ganhar imunidade, contudo, essa imunidade é apenas temporária. Devido ao acréscimo dessa possibilidade de recuperação, é acrescentado um novo parâmetro para representar a taxa média da perda de imunidade dos indivíduos, simbolizado pela letra grega δ . Assim, o modelo matemático é expresso por

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = \delta r - \beta sx, \\ \frac{dx}{dt} = \beta sx - \gamma x, \\ \frac{dr}{dt} = \gamma x - \delta r. \end{cases} \quad (1.39)$$

O sistema de equações diferenciais acima não possui solução analítica fechada. Devido a isso, é necessário resolvê-la numericamente, será utilizado o mesmo método do caso do modelo SIR, o método RK4. Reescrevendo a Eq. (1.39)

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = h(x, s, r), \\ \frac{dx}{dt} = g(x, s), \\ \frac{dr}{dt} = f(x, s), \end{cases} \quad (1.40)$$

fazendo uso do método RK4, tomando $h = 0,001$ e $(x_0, s_0, r_0) = (0,01, 0,99, 0)$, $\gamma = 0,4$, $\beta = 1$ e δ como sendo o conjunto de valores $\{0,05, 0,3, 0,2, 0,1\}$, obtemos

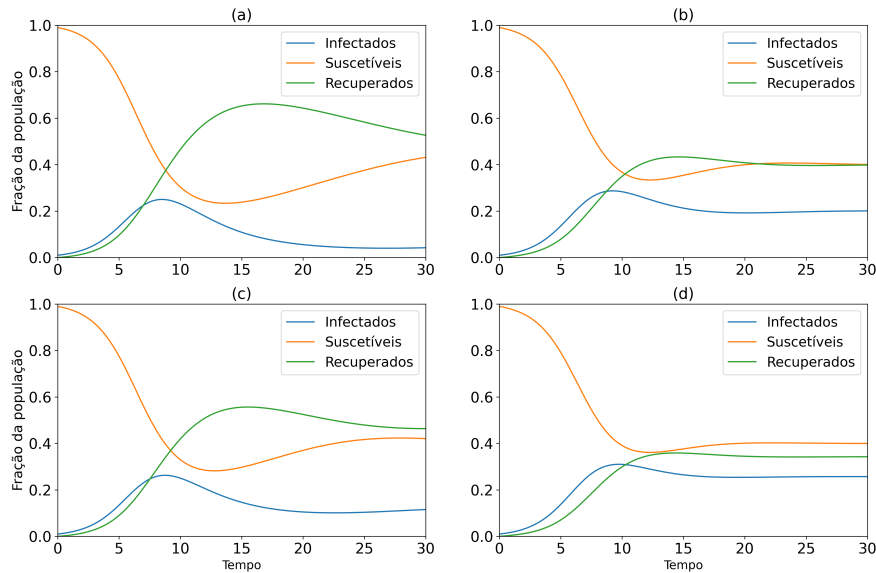


Figura 6 – No gráfico (a) temos $\delta=0,05$, (b) $\delta = 0,1$, (c) $\delta=0,2$ e (d) $\delta=0,3$.

Fonte: autor.

Na Fig. 6(a), nós temos um resultado bastante similar ao caso SIR, como era esperado, pois tomando δ muito pequeno, encontramos um comportamento parecido ao modelo SIR. Conforme δ cresce o número de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados tendem a convergir mais rapidamente para um valor constante.

1.5.1 Cálculo do R_0 para o modelo SIRS

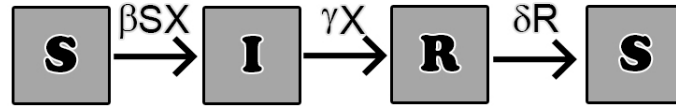


Figura 7 – Diagrama do modelo SIRS.

Fonte: autor.

Nesse modelo, assim como no modelo SIS, teremos apenas um compartimento para os indivíduos infectados, como pode ser visto no diagrama apresentado na Fig. 7. Nós teremos $G(X(t))$ e $X(t)$ dados por

$$X(t) = \begin{cases} X_1(t) = (x)^T, \\ X_2(t) = (s, r)^T \end{cases} \quad (1.41)$$

e

$$G(t) = \begin{cases} G_1(t) = \beta sx - \gamma x, \\ G_2(t) = \begin{pmatrix} \delta r - \beta sx \\ \gamma x - \delta r \end{pmatrix} \end{cases} \quad (1.42)$$

As matrizes de \mathcal{F} e \mathcal{T} serão, portanto,

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta sx \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ e } \mathcal{T} = \begin{pmatrix} -\gamma x \\ \delta r - \beta sx \\ \gamma x - \delta r \end{pmatrix} \quad (1.43)$$

Procuramos um ponto que faça $X_1(t^*) = 0$ e $X_2(t^*) > 0$, esse ponto deve também solucionar a parte homogênea do sistema da Eq. (1.42) isto é

$$G(t) = \begin{cases} \delta r^* - \beta s^* x^* = 0, \\ \gamma x^* - \delta r^* = 0, \\ \beta s^* x^* - \gamma x^* = 0, \end{cases} \quad (1.44)$$

essa condição sobre a Eq. (1.44) impõe $r^* = 0$ e $s^* = s_0 > 0$, logo, o DFE existe somente se $l^* = (x^*, s^*, r^*) = (0, s_0, 0)$, com $s_0 > 0$. Assim como no caso do modelo SIS, há apenas um

único compartimento para os infectados, implica que F e T será um escalar. Fazendo uso da Eq. (1.6), tendo termo das matrizes \mathcal{F} e \mathcal{T} responsável pelos infectados como sendo \mathcal{F}_1 e \mathcal{T}_1 , teremos as matrizes de fertilidade e transmissão, F e T respectivamente, dadas por

$$F = \frac{d\mathcal{F}_1}{dx} \text{ e } T = -\frac{d\mathcal{T}_1}{dx}, \quad (1.45)$$

com a Eq. (1.43), podemos calcular F e T , tendo a relação Eq. (1.46). Atuando a condição de DFE nesse F e T , obtemos

$$F = \beta s_0 \text{ e } T = \gamma. \quad (1.46)$$

Com argumento similar ao usado no modelo SIS, podemos tomar $s_0 = 1$ e usar a Eq. (1.7) para calcular R_0 , tendo F e T

$$R_0 = \rho(FT^{-1}) = \frac{\beta}{\gamma}. \quad (1.47)$$

2 MODELOS COMPARTIMENTAIS COM DOIS COMPARTIMENTOS DE INFECTADOS

2.1 Modelo SEIIRS

Esse modelo é baseado no modelo SEII (LI *et al.*, 2020). No modelo SEIIRS levamos em consideração a possibilidade de reinfeção, isto é, os indivíduos contraem a infecção, adquirem imunidade temporária e podem contrair novamente a doença. É acrescentado um novo compartimento, os expostos. Assim, o estado exposto corresponde a indivíduos infectados, contudo, numa fase em que não podem transmitir o patógeno. Enquanto o estado de infectado é separado em dois estados distintos, sendo um deles os casos de infectados documentados e o outro de infectados não-documentados (LI *et al.*, 2020). O estado de indivíduos infectados documentados (representados pelo símbolo I^d) representa os indivíduos que foram catalogados como portadores do patógeno infeccioso, enquanto os indivíduos infectados não-documentados (representados pelo símbolo I^u) representam os indivíduos da população infectados, mas não catalogados. Esses indivíduos infectados, mas não-catalogados, podem ocorrer devido a falta ou defasagem nas testagens.

O método para resolver esse modelo é o mesmo utilizado para resolver o modelo SIRS (1.5), o método de Runge-Kutta de quarta ordem (RK4). Tendo a forma como o algoritmo é montado, é necessário apenas os valores iniciais para cada compartimento, fora o valor dos parâmetros. Esse modelo é descrito pelo sistema de equações diferenciais expressa abaixo

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI^d}{N} - \frac{\mu \beta SI^u}{N} + \delta R, \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI^d}{N} + \frac{\mu \beta SI^u}{N} - \frac{E}{Z}, \\ \frac{dI^d}{dt} = \alpha \frac{E}{Z} - \frac{I^d}{D}, \\ \frac{dI^u}{dt} = (1 - \alpha) \frac{E}{Z} - \frac{I^u}{D}, \\ \frac{dR}{dt} = \frac{I^d}{D} + \frac{I^u}{D} - \delta R, \end{cases} \quad (2.1)$$

onde S , E , I^d , I^u , R e N representam o número de indivíduos suscetíveis, expostos, infectados documentados, infectados não-documentados, recuperados e a população total, respectivamente. Quanto aos parâmetros, temos β representando o contato médio dos indivíduos infectados documentados; μ é contato médio dos indivíduos não-documentados; α a taxa de reporte, que representa a fração de infectados documentados; Z é o período médio de latência, que representa o período de tempo que transcorre desde a infecção até que a pessoa torne-se infectada, sendo

capaz de transmitir a doença. Tendo a taxa média de incubação dada por $\Gamma = 1/Z$; D a duração média da infecção, com $\gamma = 1/D$ representando a taxa de recuperação; δ representando a taxa média de perda de imunidade dos indivíduos recuperados. Podemos realizar a mudança nas variáveis, como foi realizado nos modelos anteriores, fazendo

$$\left\{ \begin{array}{l} I^u = X^u \quad \text{faremos} \quad x^u = \frac{X^u}{N}, \\ I^d = X^d \quad \text{faremos} \quad x^d = \frac{X^d}{N}, \\ s = \frac{S}{N}, \\ r = \frac{R}{N}, \\ e = \frac{E}{N}. \end{array} \right. \quad (2.2)$$

Em nosso estudo N será considerado como constante, isso faz com que nosso sistema da Eq. (2.1) possa ser reescrito como sendo

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{ds}{dt} = -\beta s x^d - \mu \beta s x^u + \delta r, \\ \frac{de}{dt} = \beta s x^d + \mu \beta s x^u - \frac{e}{Z}, \\ \frac{dx^d}{dt} = \alpha \frac{e}{Z} - \frac{x^d}{D}, \\ \frac{dx^u}{dt} = (1 - \alpha) \frac{e}{Z} - \frac{x^u}{D}, \\ \frac{dr}{dt} = \frac{x^d}{D} + \frac{x^u}{D} - \delta r, \end{array} \right. \quad (2.3)$$

onde as variáveis x^u , x^d , s , r e e representam uma parcela da população infectada não-documentada, infectada documentada, suscetível, recuperado e exposto, sujeitas ao vínculo

$$s + e + x^d + x^u + r = 1. \quad (2.4)$$

2.1.1 Cálculo do R_0 para o modelo SEIIRS

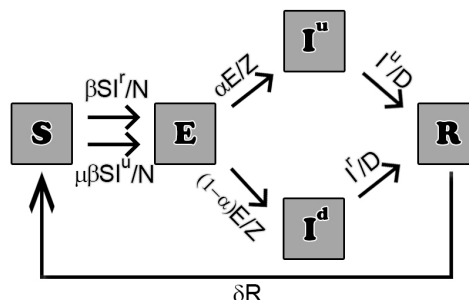


Figura 8 – Diagrama do modelo SEIIRS.

Fonte: autor.

Dentre todos os modelos discutidos até este momento, o modelo SEIIRS é o mais complexo, como pode ser visto em seu diagrama apresentado na Fig. 9. Para escrevermos o vetor \mathcal{F} devemos analisar apenas as taxas de entrada no estado E , pois nesse modelo, ele quem representará os novos infectados. Teremos que as matrizes $G(X(t))$ e $X(t)$ para esse modelo serão dadas por

$$X(t) = \begin{cases} X_1(t) = (e, x^d, x^u)^T, \\ X_2(t) = (s, r)^T, \end{cases} \quad (2.5)$$

e

$$G(X(t)) = \begin{cases} G_1(t) = \begin{pmatrix} \beta s x^d + \mu \beta s x^u - \frac{e}{Z} \\ \alpha \frac{e}{Z} - \frac{x^d}{D} \\ (1 - \alpha) \frac{e}{Z} - \frac{x^u}{D} \end{pmatrix}, \\ G_2(t) = \begin{pmatrix} -\beta s x^d - \mu \beta s x^u + \delta r \\ \frac{x^d}{D} + \frac{x^u}{D} - \delta r \end{pmatrix}. \end{cases} \quad (2.6)$$

Pela própria definição do estado E , temos que os termos para novas infecções serão os termos de entrada no estado E , dando portanto

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta s x^d + \mu \beta s x^u \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ e } \mathcal{T} = \begin{pmatrix} -\frac{e}{Z} \\ \alpha \frac{e}{Z} - \frac{x^d}{D} \\ (1 - \alpha) \frac{e}{Z} - \frac{x^u}{D} \\ -\beta s x^d - \mu \beta s x^u + \delta r \\ \frac{x^d}{D} + \frac{x^u}{D} - \delta r \end{pmatrix}, \quad (2.7)$$

onde os termos de $\mathcal{F}_j, \mathcal{T}_j$, com $j=1,2,3,4,5$, correspondem respectivamente aos estados E, I^d, I^u, S e R . Procuramos um ponto que faça $X_1(t^*) = 0$ e $X_2(t^*) > 0$, esse ponto deve também solucionar a parte homogênea do sistema da Eq. (2.3) isto é

$$\begin{cases} 0 = -\beta s^* x^{*d} - \mu \beta s^* x^{*u} + \delta r^*, \\ 0 = \beta s^* x^{*d} + \mu \beta s^* x^{*u} - \frac{e^*}{Z}, \\ 0 = \alpha \frac{e^*}{Z} - \frac{x^{*d}}{D}, \\ 0 = (1 - \alpha) \frac{e^*}{Z} - \frac{x^{*u}}{D}, \\ 0 = \frac{x^{*d}}{D} + \frac{x^{*u}}{D} - \delta r^*, \end{cases} \quad (2.8)$$

onde o conjunto de pontos $P = (e^*, x^{*d}, x^{*u}, s^*, r^*)$ representam pontos livres de doença do sistema. Pela própria definição do DFE que procuramos, $X_0 = (e^*, x^{*d}, x^{*u}) = (0, 0, 0)$, e impondo essa condição sobre a Eq. (2.8), obtemos que $r^* = 0$ e $s^* = s_0$, com s_0 constante. Para o DFE seja válido temos ainda que $s_0 > 0$. Obtemos assim o DFE $P = (e^*, x^{*d}, x^{*u}, s^*, r^*) = (0, 0, 0, s_0, 0)$, com $s_0 > 0$. As matrizes de fertilidade e transmissão, F e T respectivamente, serão quadradas de dimensão 3×3 , pois há três estados relacionados a infecção, tendo os termos dados pela Eq. (1.6), dando-nos assim

$$F(e, x^d, x^u, s, r) = \begin{pmatrix} 0 & \beta s & \mu \beta s \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad (2.9)$$

e

$$T(e, x^d, x^u, s, r) = \begin{pmatrix} \frac{1}{Z} & 0 & 0 \\ -\frac{\alpha}{Z} & \frac{1}{D} & 0 \\ -\frac{1-\alpha}{Z} & 0 & \frac{1}{D} \end{pmatrix}. \quad (2.10)$$

Atuando no DFE, $P = (0, 0, 0, s_0, 0)$, teremos

$$F(P) = \begin{pmatrix} 0 & \beta s_0 & \mu \beta s_0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \quad (2.11)$$

e

$$T(P) = \begin{pmatrix} \frac{1}{Z} & 0 & 0 \\ -\frac{\alpha}{Z} & \frac{1}{D} & 0 \\ -\frac{1-\alpha}{Z} & 0 & \frac{1}{D} \end{pmatrix}. \quad (2.12)$$

Precisamos então calcular o inverso da matriz $T(P)$, para isso, podemos utilizar o método de Gauss-Jordan (BOLDRINI, 1986)

$$T^{-1}(P) = \begin{pmatrix} Z & 0 & 0 \\ \alpha D & D & 0 \\ D(1-\alpha) & 0 & D \end{pmatrix}. \quad (2.13)$$

Realizando o produto FT^{-1} , obtemos

$$F(P)T^{-1}(P) = FT^{-1} = \begin{pmatrix} \alpha \beta D s_0 + (1-\alpha) D \mu \beta s_0 & \beta D s_0 & \beta \mu D s_0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}. \quad (2.14)$$

Precisamos calcular os autovalores da matriz acima, para que possamos calcular seu raio espectral. Os autovalores são obtidos resolvendo o determinante

$$\begin{vmatrix} \alpha\beta Ds_0 + (1-\alpha)D\mu\beta s_0 - \lambda & \beta Ds_0 & \beta\mu Ds_0 \\ 0 & -\lambda & 0 \\ 0 & 0 & -\lambda \end{vmatrix} = 0, \quad (2.15)$$

sendo λ o autovalor. O determinante nos dará a equação característica

$$\lambda^2 (\alpha\beta Ds_0 + (1-\alpha)D\mu\beta s_0 - \lambda) = 0, \quad (2.16)$$

tendo como conjunto solução duas raízes reais identicamente nulas e uma raiz real não-nula

$$\lambda = \{0, 0, \alpha\beta Ds_0 + (1-\alpha)\mu\beta s_0\}.$$

Como a única restrição sobre valores de s_0 é que esses pontos sejam maiores do que 0, podemos fazê-los igual a 1, obtendo assim

$$\lambda = \{0, 0, \alpha\beta D + (1-\alpha)D\mu\beta\}, \quad (2.17)$$

tendo R_0 dado pela Eq. (1.7), com a Eq. (2.17) obtemos R_0 para esse modelo

$$R_0 = \rho(FT^{-1}) = \max(\lambda) = \alpha\beta D + (1-\alpha)D\mu\beta. \quad (2.18)$$

2.2 Modelo SEVIIRS

Nesse modelo também é considerado o efeito da vacinação sobre a dinâmica da doença. O modelo desenvolvido foi baseado no modelo expresso na seção (2.1). O efeito da vacinação foi baseado no modelo SIRV discutida em (YANG *et al.*, 2010). O modelo matemático é expresso por

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI^d}{N} - \frac{\mu\beta SI^u}{N} + \delta R - \phi S + \theta V, \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI^d}{N} + \frac{\mu\beta SI^u}{N} - \frac{E}{Z}, \\ \frac{dI^d}{dt} = \alpha \frac{E}{Z} - \frac{I^d}{D} + \sigma\beta \frac{VI^d}{N}, \\ \frac{dI^u}{dt} = (1-\alpha) \frac{E}{Z} - \frac{I^u}{D} + \sigma\mu\beta \frac{VI^u}{N}, \\ \frac{dR}{dt} = \frac{I^d}{D} + \frac{I^u}{D} - \delta R, \\ \frac{dV}{dt} = -\sigma\mu\beta \frac{VI^u}{N} - \sigma\beta \frac{VI^d}{N} + \phi S - \theta V. \end{cases} \quad (2.19)$$

Com V_i representando o compartimento dos indivíduos vacinados. Vamos realizar a mudança de dimensionalidade similar ao feito no sistema da Eq. (2.1), tomando as novas variáveis

$$\left\{ \begin{array}{l} I^u = X^u \quad \text{faremos} \quad x^u = \frac{X^u}{N}, \\ I^d = X^d \quad \text{faremos} \quad x^d = \frac{X^d}{N}, \\ s = \frac{S}{N}, \\ r = \frac{R}{N}, \\ e = \frac{E}{N}, \\ v = \frac{V}{N}, \end{array} \right. \quad (2.20)$$

onde $N = I^u + I^d + S + E + V$. Realizando essas mudanças de variáveis, teremos portanto

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{ds}{dt} = -\beta s x^d - \mu \beta s x^u + \delta r - \phi s + \theta v, \\ \frac{de}{dt} = \beta s x^d + \mu \beta s x^u - \frac{e}{Z}, \\ \frac{dx^d}{dt} = \alpha \frac{e}{Z} - \frac{x^d}{D} + (\sigma \beta) v x^d, \\ \frac{dx^u}{dt} = (1 - \alpha) \frac{e}{Z} - \frac{x^u}{D} + (\sigma \mu \beta) v x^u, \\ \frac{dr}{dt} = \frac{x^d}{D} + \frac{x^u}{D} - \delta r, \\ \frac{dv}{dt} = -(\sigma \mu \beta) v x^u - (\sigma \beta) v x^d + \phi s - \theta v, \end{array} \right. \quad (2.21)$$

com $s + e + x^d + x^u + r + v = 1$. Nesse modelo é considerado que a vacinação induz uma proteção parcial, com os indivíduos ainda podendo ser infectados, mesmo estando vacinados, contudo, com uma taxa de infecção $\sigma \beta$ menor do que os dos indivíduos suscetíveis, para os indivíduos infectados catalogados (I^d) e $\sigma \mu \beta$ menor para os indivíduos infectados não catalogados (I^u). Com $1 - \sigma$, $\sigma \in [0, 1]$, representando a eficácia da vacina: quando $\sigma = 0$, a taxa de contágio das pessoas vacinadas infectadas é zero, fazendo a vacina 100% eficiente. Quando $\sigma = 1$, a taxa de contágio de pessoas vacinadas é igual à taxa de contágio das pessoas não vacinadas, fazendo a vacina totalmente ineficaz. θ representa o declínio do efeito da vacina, com $1/\theta$ representando o tempo médio da proteção induzida pela vacina e ϕ representando a taxa média de vacinação dos indivíduos suscetíveis vacinados (YANG *et al.*, 2010).

2.2.1 Cálculo do R_0 para o modelo SEVIIRS

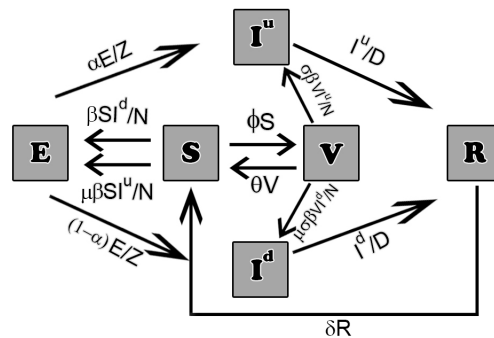


Figura 9 – Diagrama do modelo SEVIIRS.

Fonte: autor.

Esse é o primeiro modelo discutido nesse trabalho que apresenta o compartimento de vacinados, é levado em consideração a vacinação apenas de indivíduos suscetíveis. Assim, o efeito desse novo compartimento afetará apenas a matriz \mathcal{F} , pois, como discutido no modelo SEIIRSV, os termos correspondentes a matriz \mathcal{F} são apenas os termos de entrada do estado E. Deste modo teremos as matrizes $G(X(t))$ e $X(t)$ para esse modelo dadas por

$$X(t) = \begin{cases} X_1(t) = (e, x^d, x^u)^T, \\ X_2(t) = (s, r, v)^T, \end{cases} \quad (2.22)$$

e

$$G(X(t)) = \begin{cases} G_1(t) = \begin{pmatrix} \beta s x^d + \mu \beta s x^u - \frac{e}{Z} \\ \alpha \frac{e}{Z} - \frac{x^d}{D} + \sigma \beta v x^d \\ (1 - \alpha) \frac{e}{Z} - \frac{x^u}{D} + \sigma \mu \beta v x^u \end{pmatrix}, \\ G_2(t) = \begin{pmatrix} -\beta s x^d - \mu \beta s x^u + \delta r - \phi s + \theta v \\ \frac{x^d}{D} + \frac{x^u}{D} - \delta r \\ -(\sigma \mu \beta) v x^u - (\sigma \beta) v x^d + \phi s - \theta v \end{pmatrix}. \end{cases} \quad (2.23)$$

Nós teremos portanto, as matrizes \mathcal{F} e \mathcal{T} para o modelo SEVIIRS dado por

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta s x^d + \mu \beta s x^u \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ -(\sigma \mu \beta) v x^u - (\sigma \beta) v x^d \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad \mathcal{T} = \begin{pmatrix} -\frac{e}{Z} \\ \alpha \frac{e}{Z} - \frac{x^d}{D} + (\sigma \beta) v x^d \\ (1 - \alpha) \frac{e}{Z} - \frac{x^u}{D} + (\sigma \mu \beta) v x^u \\ -\beta s x^d - \mu \beta s x^u + \delta r - \phi s + \theta v \\ \frac{x^d}{D} + \frac{x^u}{D} - \delta r \\ \phi s - \theta v \end{pmatrix}, \quad (2.24)$$

onde os termos de $\mathcal{F}_j, \mathcal{T}_j$, com $j=1,2,3,4,5,6$ correspondem respectivamente aos estados E, I^d, I^u, S, R e V . Procuramos um ponto que faça $X_0(t^*) = 0$ e $X_2(t^*) > 0$, esse ponto deve também solucionar a parte homogênea do sistema da Eq. (2.21), isto é

$$\begin{cases} 0 = -\beta s^* x^{*d} - \mu \beta s^* x^{*u} + \delta r^* - \phi s^* + \theta v^*, \\ 0 = \beta s^* x^{*d} + \mu \beta s^* x^{*u} - \frac{e^*}{Z}, \\ 0 = \alpha \frac{e^*}{Z} - \frac{x^{*d}}{D} + (\sigma \beta) v^* x^{*d}, \\ 0 = (1 - \alpha) \frac{e^*}{Z} - \frac{x^{*u}}{D} + \sigma \mu \beta v^* x^{*u}, \\ 0 = \frac{x^{*d}}{D} + \frac{x^{*u}}{D} - \delta r^* \\ 0 = -(\sigma \mu \beta) v^* x^{*u} - (\sigma \beta) v^* x^{*d} + \phi s^* - \theta v^* \end{cases}, \quad (2.25)$$

onde o ponto $B = (e^*, x^{*d}, x^{*u}, s^*, r^*, v^*)$ representam os pontos livres de doença do sistema. Pela definição de DFE, queremos $X_1(t^*) = (e^*, x^{*d}, x^{*u}) = (0, 0, 0)$. Essa condição impõe sobre Eq. (2.25) que $r^* = 0$, $s^* = \frac{\theta}{\phi} v^*$ e $v^* = v_0$, onde v_0 é uma constante qualquer maior do que zero. Isso nos dá que o DFE para nosso sistema é dado por $B = (0, 0, 0, \frac{\theta}{\phi} v_0, 0, v_0)$, com $v_0 > 0$. Podemos calcular as matrizes de fertilidade e transmissão a partir da Eq. (1.6), o que resulta em

$$F(e, x^d, x^u, s, r, v) = \begin{pmatrix} 0 & \beta s & \mu \beta s \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad (2.26)$$

e

$$T(e, x^d, x^u, s, r, v) = \begin{pmatrix} \frac{1}{Z} & 0 & 0 \\ -\frac{\alpha}{Z} & \frac{1}{D} - (\sigma \beta) v & 0 \\ -\frac{(1-\alpha)}{Z} & 0 & \frac{1}{D} - (\sigma \mu \beta) v \end{pmatrix}. \quad (2.27)$$

Atuando a condição de DFE, B , nas matrizes Eq. (2.26) e Eq. (2.27), obtemos

$$F(e^*, x^{*d}, x^{*u}, s^*, r^*, v^*) = F(B) = \begin{pmatrix} 0 & \beta \frac{\theta}{\phi} v_0 & \mu \beta \frac{\theta}{\phi} v_0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad (2.28)$$

e

$$T(e^*, x^{*d}, x^{*u}, s^*, r^*, v^*) = T(B) = \begin{pmatrix} \frac{1}{Z} & 0 & 0 \\ -\frac{\alpha}{Z} & \frac{1}{D} - (\sigma \beta) v_0 & 0 \\ -\frac{(1-\alpha)}{Z} & 0 & \frac{1}{D} - (\sigma \mu \beta) v_0 \end{pmatrix}. \quad (2.29)$$

Podemos calcular a inversa de T através do método de Gauss-Jordan(BOLDRINI, 1986), nos dando

$$T^{-1}(B) = \begin{pmatrix} Z & 0 & 0 \\ \frac{\alpha D}{(1-D\sigma\beta v_0)} & \frac{D}{1-D\sigma\beta v_0} & 0 \\ \frac{(1-\alpha)D}{(1-D\sigma\mu\beta v_0)} & 0 & \frac{D}{1-D\sigma\mu\beta v_0} \end{pmatrix}. \quad (2.30)$$

Pelo produto de $F(B)$ por $T^{-1}(B)$, teremos

$$FT^{-1} = \begin{pmatrix} D\beta \frac{\theta}{\phi} v_0 \left[\frac{\mu(1-\alpha)}{1-D\sigma\beta\mu v_0} + \frac{\alpha}{1-D\sigma\beta v_0} \right] & \frac{D\beta\theta v_0}{\phi(1-D\sigma\beta v_0)} & \frac{D\beta\mu\theta v_0}{\phi(1-D\sigma\mu\beta v_0)} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad (2.31)$$

onde $FT^{-1} = F(B)T(B)^{-1}$. Os autovalores da Eq. (2.31) são encontrados resolvendo

$$\det(FT^{-1} - \lambda I) = \begin{vmatrix} D\beta \frac{\theta}{\phi} v_0 \left[\frac{\mu(1-\alpha)}{1-D\sigma\beta\mu v_0} + \frac{\alpha}{1-D\sigma\beta v_0} \right] - \lambda & \frac{D\beta\theta v_0}{\phi(1-D\sigma\beta v_0)} & \frac{D\beta\mu\theta v_0}{\phi(1-D\sigma\mu\beta v_0)} \\ 0 & -\lambda & 0 \\ 0 & 0 & -\lambda \end{vmatrix} = 0, \quad (2.32)$$

com I sendo a matriz identidade 3×3 . O determinante acima nos dá a equação característica para FT^{-1} dada por:

$$\lambda^2 \left(D\beta \frac{\theta}{\phi} v_0 \left[\frac{\mu(1-\alpha)}{1-D\sigma\beta\mu v_0} + \frac{\alpha}{1-D\sigma\beta v_0} \right] - \lambda \right) = 0,$$

que resulta no seguinte conjunto solução

$$\lambda = \left(0, 0, D\beta \frac{\theta}{\phi} v_i^* \left[\frac{\mu(1-\alpha)}{1-D\sigma\beta\mu v_i^*} + \frac{\alpha}{1-D\sigma\beta v_i^*} \right] \right). \quad (2.33)$$

A única restrição sobre v_0 é que ele seja maior do que zero, podemos portanto, toma-lo igual a 1 sem perder a generalidade. Calculando o raio espectral da Eq. (2.33), tendo ciência da relação entre R_0 e o raio espectral dado pela Eq. (1.7), teremos

$$R_0 = \rho(FT^{-1}) = D\beta \frac{\theta}{\phi} \left[\frac{\mu(1-\alpha)}{1-D\sigma\beta\mu} + \frac{\alpha}{1-D\sigma\beta} \right], \quad (2.34)$$

após as devidas manipulações algébricas, teremos

$$R_0 = D\beta \frac{\theta}{\phi} \left[\frac{\alpha(1-\mu) + \mu(1-D\sigma\beta)}{(1-D\sigma\beta)(1-D\sigma\mu\beta)} \right]. \quad (2.35)$$

3 ANÁLISE DAS SOLUÇÕES NUMÉRICAS DOS MODELOS SEIIRS E SEVIIRS

3.1 Solução numérica para o modelo SEIIRS

Para solucionarmos o sistema de equações diferenciais que expressam o modelo SEIIRS, apresentado na Eq. (2.3), iremos inicialmente reescrever o sistema de equações diferenciais na forma

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\beta s x^d - \mu \beta s x^u + \delta r = f(s, x^u, x^d, e, r), \\ \frac{de}{dt} = \beta s x^d + \mu \beta s x^u - \frac{e}{Z} = g(s, x^u, x^d, e, r), \\ \frac{dx^d}{dt} = \alpha \frac{e}{Z} - \frac{x^d}{D} = b(s, x^u, x^d, e, r), \\ \frac{dx^u}{dt} = (1 - \alpha) \frac{e}{Z} - \frac{x^u}{D} = j(s, x^u, x^d, e, r), \\ \frac{dr}{dt} = \frac{x^d}{D} + \frac{x^u}{D} - \delta r = q(s, x^u, x^d, e, r). \end{cases} \quad (3.1)$$

Usando o método de RK4, teremos

$$\begin{cases} s_{i+1} = s_i + \frac{h}{2}(k_0 + 2k_1 + 2k_2 + k_3), \\ e_{i+1} = e_i + \frac{h}{2}(l_0 + 2l_1 + 2l_2 + l_3), \\ x_{i+1}^d = x_i^d + \frac{h}{2}(m_0 + 2m_1 + 2m_2 + m_3), \\ x_{i+1}^u = x_i^u + \frac{h}{2}(n_0 + 2n_1 + 2n_2 + n_3), \\ r_{i+1} = r_i + \frac{h}{2}(q_0 + 2q_1 + 2q_2 + q_3). \end{cases} \quad (3.2)$$

O cálculo para os coeficientes (k_0, k_1, k_2, k_3) dependem da função f atuando no ponto $P=(s, x^u, x^d, e, r)$, assim como todos os demais coeficientes do método RK4, como pode ser visto no Apêndice A. Tomarei como ponto inicial $P_0 = (s_0, x_0^u, x_0^d, e_0, r_0) = (0,99, 0,01, 0, 0, 0)$. Do conjunto de parâmetros existente no modelo $\Theta = (\beta, \mu, Z, \alpha, D, \delta)$, todos eles serão fixados, utilizando valores já calculados em (LI *et al.*, 2020) para os casos da epidemia da COVID 19, com o valor de δ sendo dado por (SEYEDALINAGHI *et al.*, 2020), ciente que $\delta = 1/P$, onde P representa o período até a perda da imunidade. Portanto, os valores desses parâmetros serão $\Theta = (1, 12, 0,55, 3, 69, 0, 14, 3,47, 0,025)$. Utilizando esses parâmetros, no ponto inicial P_0 e $h = 0,001$, o método RK4 nos dará a solução numérica para o número de infectados, como apresentado na Fig. 11.

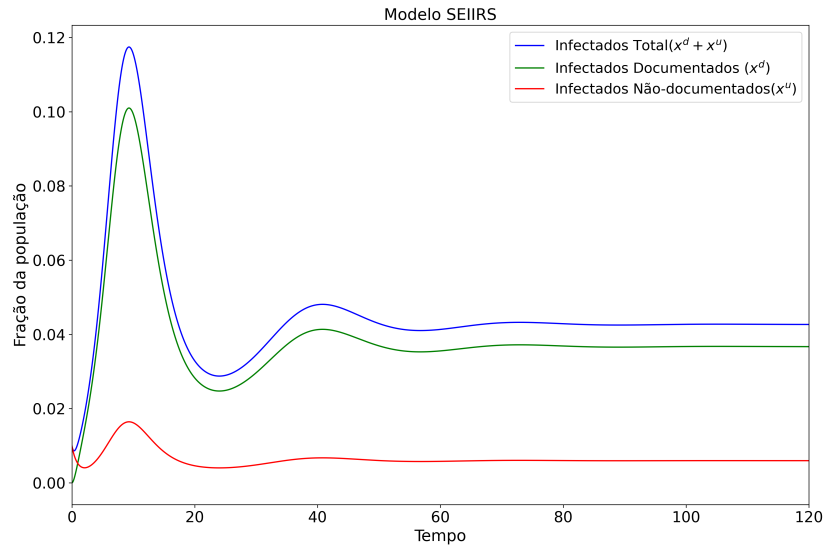


Figura 10 – Valores dos compartimentos de infectados documentados (x^d), infectados não-documentados (x^u) e infectados totais ($x^d + x^u$). Podemos ver que a forma predominante da curva é oriunda dos infectados não-documentados.

Fonte: autor.

Como os indivíduos expostos também são considerados infectados, num período ainda latente, apresentado na Fig. 11 estão as curvas para expostos e infectados totais.

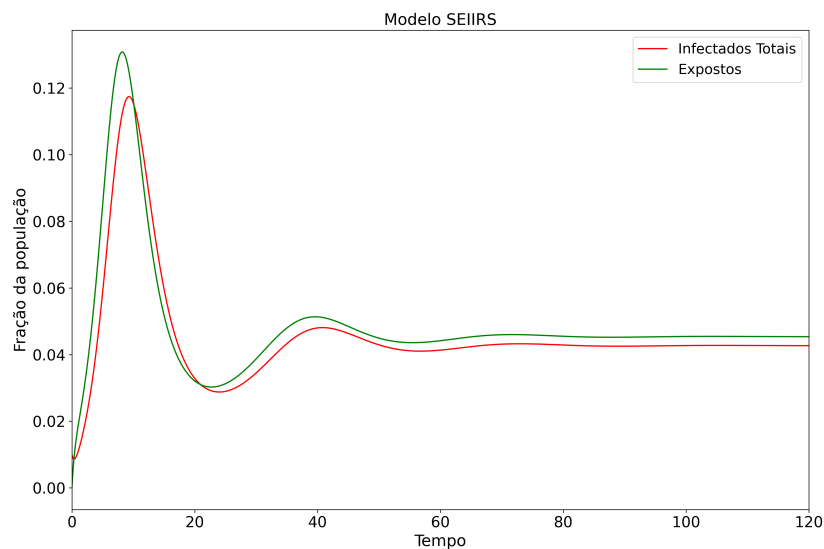


Figura 11 – Valores dos compartimentos de expostos (e), infectados totais ($x^d + x^u$). O máximo dos expostos ocorre antes do máximo dos infectados totais, além do pico ocorrer num valor maior, ou seja, uma parcela maior da população atinge esse valor.

Fonte: autor.

Enquanto as curvas para todos os compartimentos do modelo está apresentado na

Fig. 12.

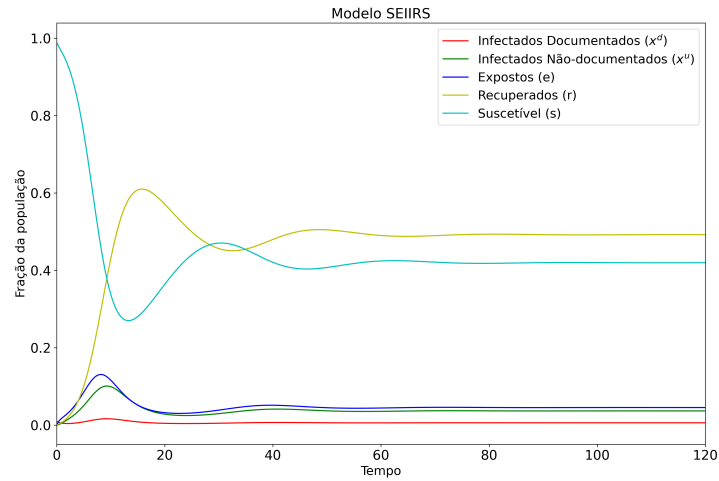


Figura 12 – Curvas para todos os compartimentos do modelo SEIIRS.

Fonte: autor.

Para os parâmetros utilizados, nós teremos R_0 para esse modelo calculado a partir da Eq. (2.18) como sendo

$$R_0 = \alpha\beta D + (1 - \alpha)D\mu\beta = 2,38. \quad (3.3)$$

O número de reprodução efetivo ao longo do tempo é apresentado na Fig. 13.

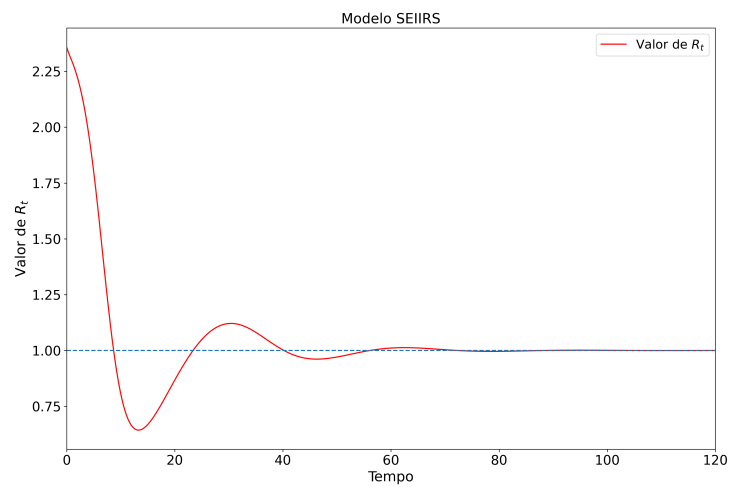


Figura 13 – Número de reprodução efetivo ao longo do tempo, para o modelo SEIIRS.

Fonte: autor.

Podemos notar pela Fig. 13 que ao longo do tempo, o valor do número de reprodução efetivo começa a oscilar entorno de 1, até que tende a convergir para ele. Esse comportamento mostra que a doença tende a um estado endêmico, isto é, a doença se tornará recorrente, mas não há um aumento significativo no número de casos. Esse comportamento também pode ser observado na Fig. 12, onde o número de infectados totais tende a convergir para um valor fixo, mantendo-se constantes.

3.2 Solução numérica para o modelo SEVIIRS

De forma análoga ao que foi feito na seção anterior, o sistema será reescrito, relacionando a cada equação uma função

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{ds}{dt} = -\beta s x^d - \mu \beta s x^u + \delta r - \phi s + \theta v = F(\beta, \mu, \delta, \phi, \theta, s, x^d, x^u, r, v), \\ \frac{de}{dt} = \beta s x^d + \mu \beta s x^u - \frac{e}{Z} = G(\beta, \mu, Z, s, x^d, x^u, e), \\ \frac{dx^d}{dt} = \alpha \frac{e}{Z} - \frac{x^d}{D} + \sigma \beta v x^d = B(\alpha, \sigma, Z, D, x^d, e, v), \\ \frac{dx^u}{dt} = (1 - \alpha) \frac{e}{Z} - \frac{x^u}{D} + \sigma \mu \beta v x^u = J(\alpha, Z, D, \sigma, \mu, x^u, e, v), \\ \frac{dr}{dt} = \frac{x^d}{D} + \frac{x^u}{D} - \delta r = Q(D, \delta, x^d, x^u, r) \\ \frac{dv}{dt} = -\sigma \mu \beta v x^u - \sigma \beta v x^d + \phi s - \theta v = (\beta, \mu, \phi, \theta, \sigma, s, x^d, x^u, v). \end{array} \right. \quad (3.4)$$

Usando o método de RK4, teremos

$$\left\{ \begin{array}{l} s_{i+1} = s_i + \frac{h}{2}(K_0 + 2K_1 + 2K_2 + K_3), \\ e_{i+1} = e_i + \frac{h}{2}(L_0 + 2L_1 + 2L_2 + L_3), \\ x_{i+1}^d = x_i^d + \frac{h}{2}(M_0 + 2M_1 + 2M_2 + M_3), \\ x_{i+1}^u = x_i^u + \frac{h}{2}(N_0 + 2N_1 + 2N_2 + N_3), \\ r_{i+1} = r_i + \frac{h}{2}(P_0 + 2P_1 + 2P_2 + P_3), \\ v_{i+1} = v_i + \frac{h}{2}(C_0 + 2C_1 + 2C_2 + C_3), \end{array} \right. \quad (3.5)$$

com os coeficientes do método RK4 sendo calculados de forma análoga ao exposto no Apêndice A. Tomarei o mesmo ponto inicial usado na seção anterior, P_0 , com $v_0 = 0$ e parte dos parâmetros do modelo iguais $\Theta_1 = (\beta, \mu, \delta, Z, \alpha, D) = (1, 12, 0,55, 0,025, 3,69, 0,14, 3,47)$. Contudo, para esse modelo, há o acréscimo de mais três parâmetros, sendo eles $\Theta_2 = (\sigma, \phi, \theta)$. O σ está relacionado com a eficiência da vacina, enquanto ϕ é a taxa de vacinação e θ representa o declínio do efeito da vacina, com $1/\theta$ representando o tempo médio da proteção induzida pela

vacina. Abaixo há uma tabela com a eficiência das diversas vacinas para COVID-19, montado a partir dos dados expressos em (KATELLA, 2021).

Vacina	σ
Pfizer-BioNTech	0.05
Moderna	0.059
Novavax	0.100
Oxford-AstraZeneca	0.240
Johnson & Johnson	0.280

Tabela 1 – Taxa de eficiência das Vacinas da COVID 19, para casos leves com indivíduos abaixo de 65 anos.

Lembrando que pela definição, quando $\sigma = 0$, a vacina tem eficiência máxima, e quando $\sigma = 1$ é totalmente ineficiente. No caso da Pfizer-BioNTech, por exemplo, nós temos uma eficiência de 95% (0,95), que nós dá um $\sigma = 1 - 0,95 = 0,05$. Quanto ao θ , atualmente têm-se conhecimento acerca do seu valor para a vacina Moderna. Após a segunda aplicação, ela oferece proteção pelo menos por 6 meses (DORIA-ROSE *et al.*, 2021), nos dando $\theta = 0,005$. Fixando o valor de θ e σ para vacina Moderna, tendo seus valores dados por $\theta \approx 0,005=1/180$ e $\sigma = 0,059$, teremos as curvas dos infectados documentados, para diferentes taxas de vacinação apresentado na Fig. 14.

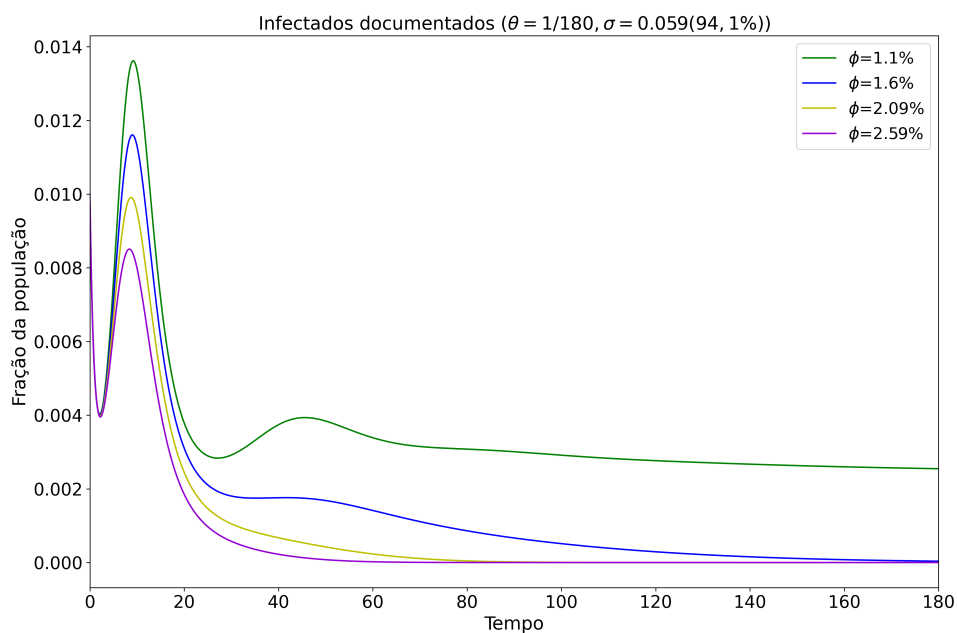


Figura 14 – Curva dos infectados documentados para diferentes taxas de vacinação.

Fonte: autor.

Enquanto as curvas dos infectados não-documentados é apresentada na Fig. 15.

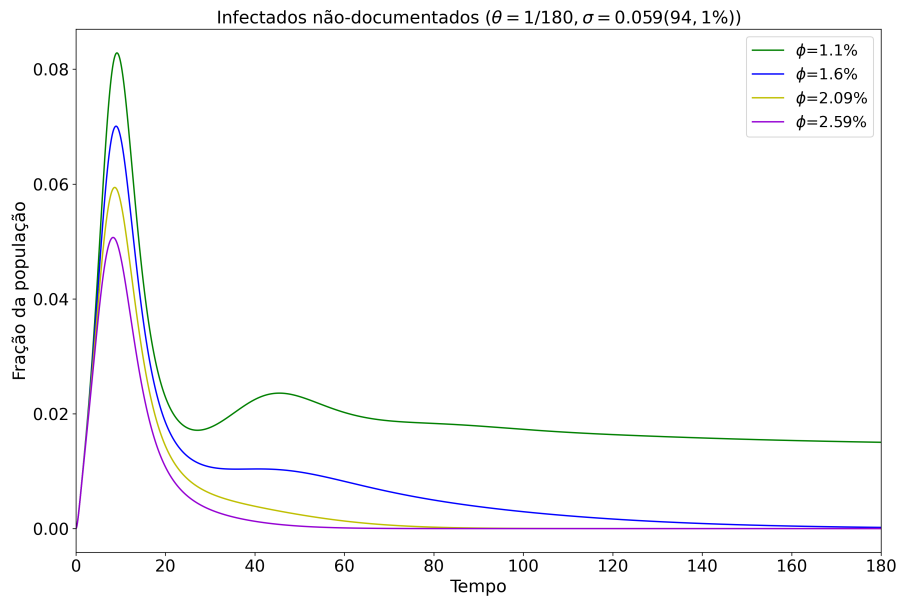


Figura 15 – Curva dos infectados não-documentados para diferentes taxas de vacinação.

Fonte: autor.

Tendo o número de infectados totais como sendo a soma dos infectados documentados com os não-documentados, obtemos a curva dos infectados totais apresentados na Fig. 16.

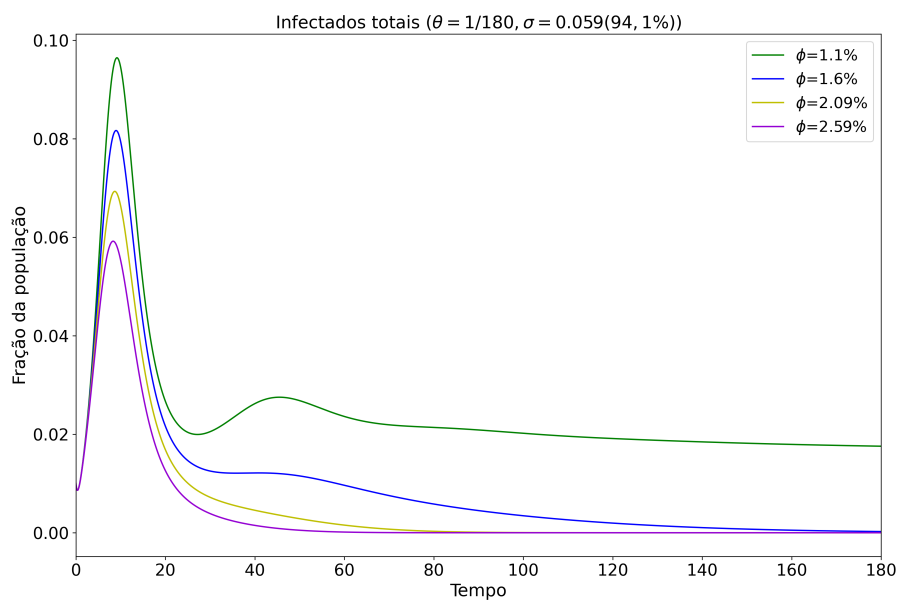


Figura 16 – Curva dos infectados totais para diferentes taxas de vacinação.

Fonte: autor.

Podemos observar pelos três gráficos, que ao aumentar a taxa de vacinação, as curvas tendem a convergir para um valor, e, quanto maior essa taxa de vacinação, menor esse valor de convergência. Além do pico das curvas atingirem valores cada vez menores, conforme aumentamos a taxa de vacinação. Além disso, por meio da observação do número de reprodução efetivo, apresentados na Fig. 17, podemos observar que para pequenas taxas de vacinação, a doença ainda vai manter o caráter endêmico, e, conforme aumentamos essa taxa, a doença perde essa característica.

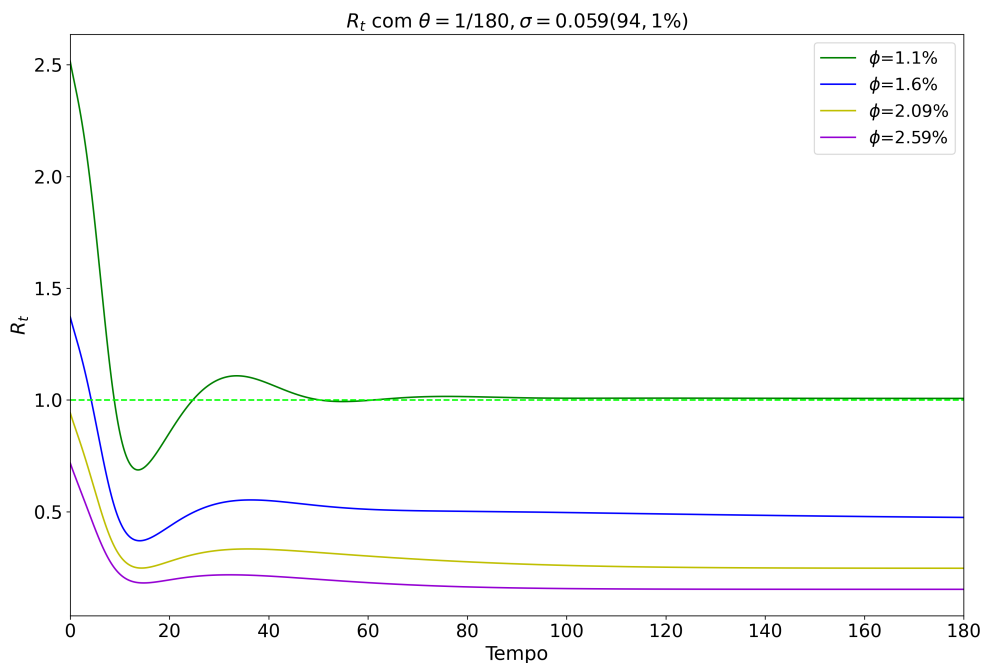


Figura 17 – número de reprodução efetivo para o modelo SEVIIRS, fixados $\theta=1/180$ e $\sigma=0.059$.
Fonte: autor.

3.2.1 Influência dos parâmetros σ, θ e ϕ acerca do valor de R_0 no modelo SEVIIRS

Tendo R_0 como sendo um valor que depende dos parâmetros $\Theta_t = \Theta_1 + \Theta_2$, onde $\Theta_1 = (\beta, \mu, \delta, Z, \alpha, D)$ e $\Theta_2 = (\theta, \phi, \sigma)$. Podemos fixar os parâmetros Θ_1 com os valores que utilizamos anteriormente. Feito isso, os valores de R_0 passam a depender apenas dos parâmetros Θ_2 . Para observar o efeito que a mudança desses parâmetros geram no valor de R_0 , e, conseqüentemente, em toda dinâmica da doença. Foram feitos diagramas de fases onde os parâmetros σ, θ e ϕ usados foram dados nos intervalos: $\theta = [1/30, 1/360]$ (inverso da duração do efeito protetivo da vacina de 1 mês até 12 meses), $\phi = [0,001, 0,06]$ (taxa de vacinação de

0.1% até 6%) e $\sigma = [0,01, 0,21]$ (eficiência da vacina de 99% até 79%). Os diagramas de fase abaixo representam o efeito da variação desses parâmetros no valor de R_0 .

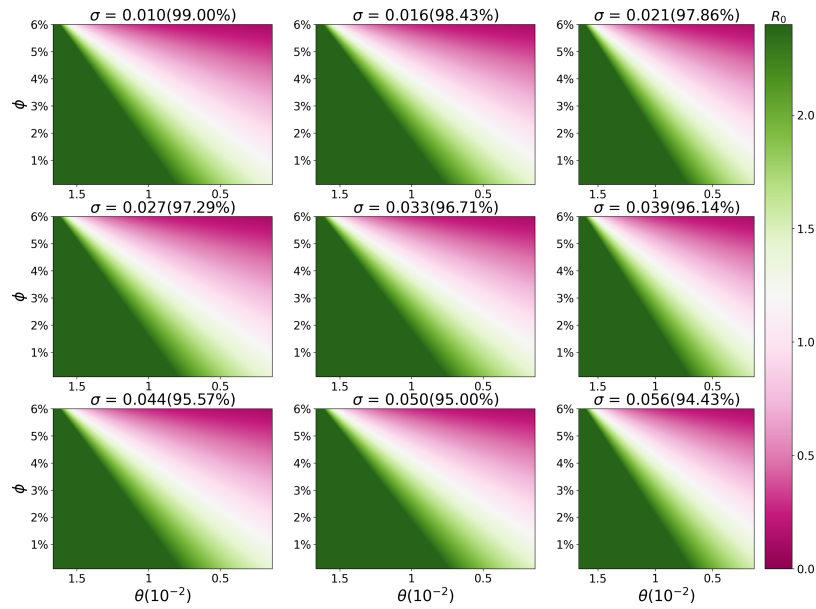


Figura 18 – Diagramas de fase para $\sigma = [0,01, 0,056]$.

Fonte: autor.

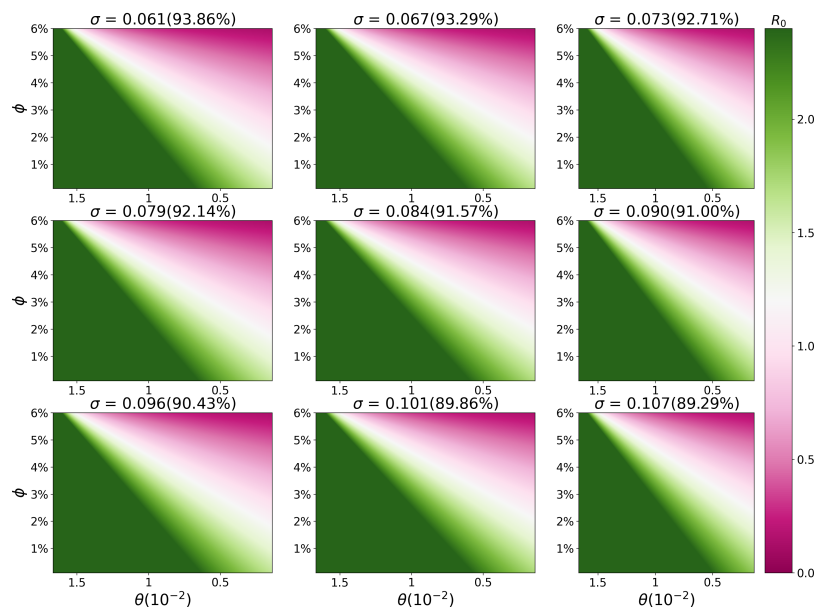


Figura 19 – Diagramas de fase para $\sigma = [0,061, 0,107]$.

Fonte: autor.

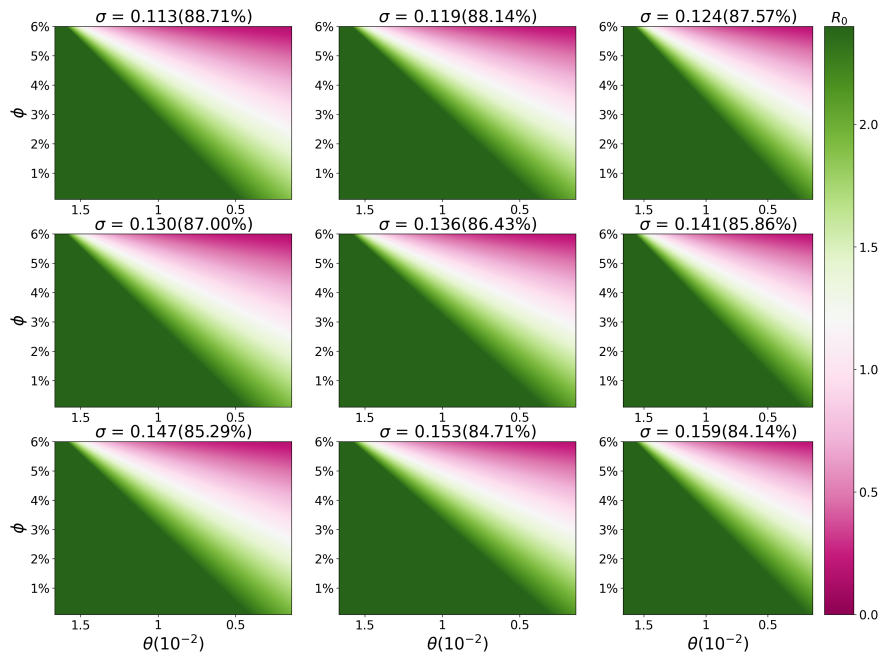


Figura 20 – Diagramas de fase para $\sigma = [0, 113, 0, 159]$.

Fonte: autor.

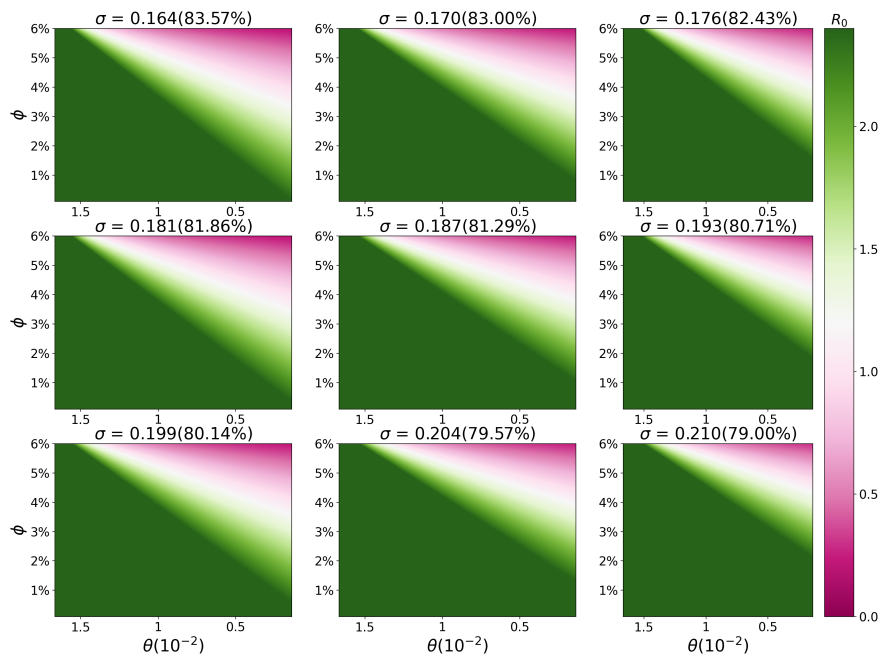


Figura 21 – Diagramas de fase para $\sigma = [0, 164, 0, 210]$.

Fonte: autor.

Um ponto importante nos diagramas de fases apresentados são as regiões que possuem um valor de R_0 menor do que 1. Para essas regiões, nós temos uma fase em que a doença

começa a ser controlada. Portanto, é importante determinar o limiar entre as duas regiões: $R_0 < 1$ e $R_0 > 1$. Isto é, determinar o conjunto de parâmetros (θ, ϕ) que nos dá $R_0 = 1$. Observando a expressão matemática para o R_0 dado por (2.35), podemos escrever

$$\theta = R_0 a_\sigma \phi, \quad (3.6)$$

com a_σ é definido como sendo

$$a_\sigma \equiv \frac{(1 - D\sigma\beta)(1 - D\sigma\mu\beta)}{D\beta(\alpha(1 - \mu) + \mu(1 - D\sigma\beta))}. \quad (3.7)$$

O subscrito σ nessa constante a_σ é devido ao fato das demais constantes serem fixadas, e, para cada diagrama de fases seu valor é determinado unicamente pelo valor de σ . Com R_0 fixado em 1, nós teremos uma relação de linearidade entre θ e ϕ

$$\theta = a_\sigma \phi, \quad (3.8)$$

com o coeficiente angular sendo a_σ . Essa característica é bastante interessante e pode ser observado nos diagramas de fase, tendo as delimitações ocorrendo por retas de coeficiente angular proporcionais. Com as regiões maiores sendo expressas como sendo as regiões onde há um maior conjunto de valores de (θ, ϕ) que resultem no valor de R_0 delas. Para os valores de σ utilizados, nós obtivemos os seguintes coeficientes angulares a_σ .

a_σ	σ	a_σ	σ	a_σ	σ	a_σ	σ
0,409	0,010	0,353	0,061	0,295	0,113	0,231	0,164
0,403	0,016	0,347	0,067	0,288	0,119	0,223	0,170
0,397	0,021	0,341	0,073	0,281	0,124	0,215	0,176
0,391	0,027	0,334	0,079	0,274	0,130	0,206	0,181
0,384	0,033	0,328	0,084	0,267	0,136	0,198	0,187
0,378	0,039	0,321	0,090	0,260	0,141	0,189	0,193
0,372	0,044	0,315	0,096	0,253	0,147	0,179	0,199
0,366	0,050	0,308	0,101	0,246	0,153	0,169	0,204
0,360	0,056	0,302	0,107	0,238	0,159	0,159	0,210

Tabela 2 – Valores dos coeficientes angulares a_σ , para os diferentes valores de σ utilizados.

Podemos perceber que, fixados os demais parâmetros, conforme aumentamos o valor de σ , o valor do coeficiente angular da reta a_σ também aumenta. Isso reflete no fato de que a região acima da reta com esse coeficiente angular é cada vez menor, nos dando uma menor combinação de parâmetros (θ, ϕ) que façam R_0 menor do que 1.

3.2.2 Comparação entre os modelos SEVIIRS e SEIIRS: efeito da vacinação na dinâmica da doença

Tendo o modelo com e sem vacinação, temos a liberdade de comparar os resultados e checar os efeitos da vacinação sobre a dinâmica da doença. Utilizando os mesmos parâmetros $\Theta_1 = (\beta, \mu, \delta, Z, \alpha, D) = (1, 12, 0,55, 0,025, 3,69, 0,14, 3,47)$ para ambos os modelos, com o acréscimo dos parâmetros $\Theta_2 = (\theta, \phi, \sigma)$ necessários para o modelo com vacinação. Faremos a comparação tendo os parâmetros $\theta=0,005$ e $\sigma = 0,059$ da Moderna, com diferentes ϕ . O número de infectados totais para ambos os modelos, como o apresentado na Fig. 22. Enquanto a curva para o número de reprodução efetivo para ambos os modelos é apresentado na Fig. 23.

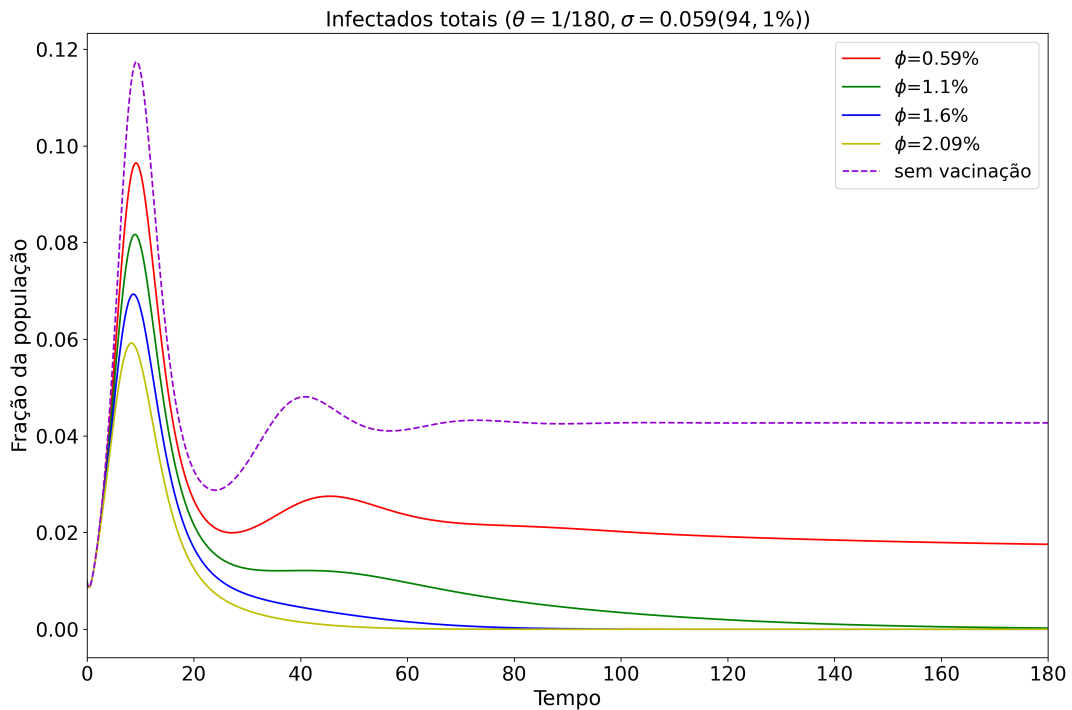


Figura 22 – Número total de infectados para os modelos SEIIRS e SEVIIRS.

Fonte: autor.

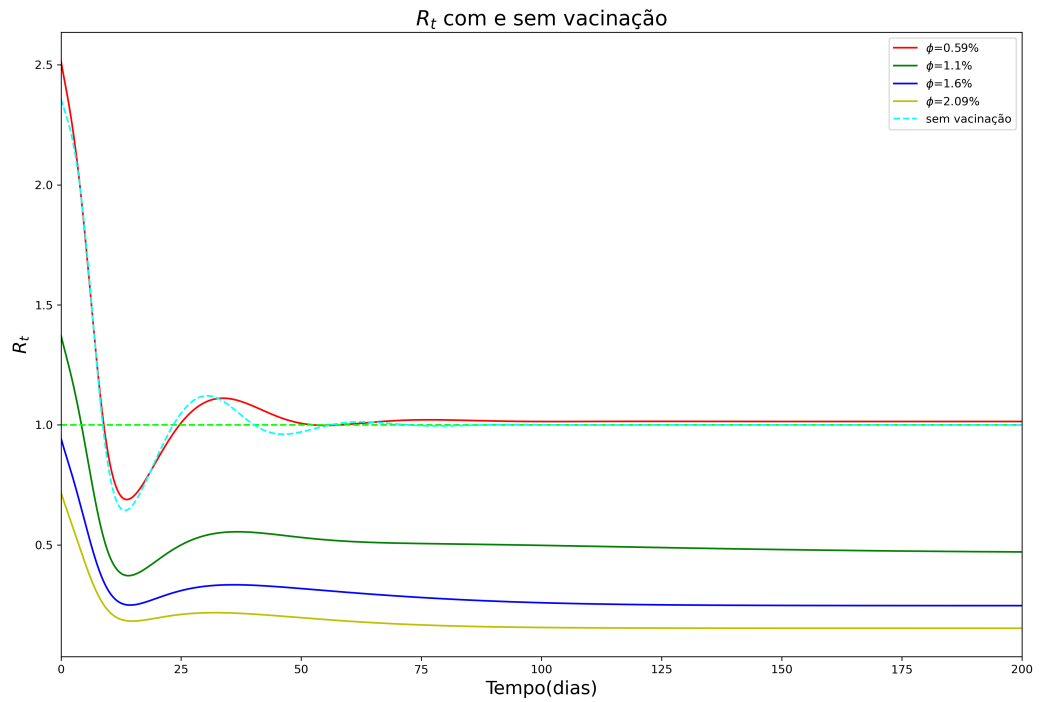


Figura 23 – Comparação entre as curvas do número de reprodução efetivo dos modelos SEIIRS e SEVIIRS.

Fonte: autor

Podemos observar pela Fig. 23 que para pequenas taxas de vacinação a curva do modelo com vacinação tende a aproximar-se da curva sem vacinação. Ao aumentarmos essa taxa, o valor começa a convergir para um valor cada vez menor do que 1.

4 CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS

Por meio desse trabalho pudemos observar como diversos modelos epidemiológicos descrevem a propagação de uma doença, e, conforme adicionamos mais termos nos modelos para torná-los mais realistas, suas soluções tornam-se também mais complexas, requerendo soluções numéricas. Através do estudo dos modelos SEIIRS e SEVIIRS, pudemos perceber o efeito da vacinação sobre a propagação da doença, tendo um caráter retardatário no número de casos de indivíduos infectados. Através de uma análise de uma gama de condições para o caso da vacinação, pudemos observar através do número de reprodução básico as melhores situações para o controle da doença, dados os parâmetros θ , ϕ e σ .

O valor de diversas das constantes utilizadas foram obtidas do trabalho (LI *et al.*, 2020), dos quais foram calculados utilizando dados do início da pandemia de COVID-19 na cidade de Wuhan, epicentro da doença na época. Em trabalhos futuros, será feita uma análise estatística acerca dos dados da pandemia no Brasil, para obter os melhores parâmetros para a pandemia no país. Além do cálculo para R_0 para o modelo SEVIIRS em diversas situações, tendo em vista que a forma atual possui limitações quanto aos valores de σ que ele aceita.

REFERÊNCIAS

- ALLEN, L. J.; DRIESSCHE, P. van den. The basic reproduction number in some discrete-time epidemic models. **Journal of Difference Equations and Applications**, Taylor Francis, v. 14, n. 10-11, p. 1127–1147, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/10236190802332308>.
- BAKER, C.; MANCHESTER; MONEGATO, G.; TURIN; PRYCE, J.; SHRIVENHAM; BERGHE, G. V.; GENT. Numerical analysis 2000. **Journal of Computational and Applied Mathematics**, Elsevier BV, v. 125, n. 1-2, p. xi–xviii, dez. 2000. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/s0377-0427\(00\)00454-4](https://doi.org/10.1016/s0377-0427(00)00454-4).
- BOLDRINI, J. **Algebra linear**. HARBRA, 1986. ISBN 9788529402024. Disponível em: <https://books.google.com.br/books?id=M8CNGwAACAAJ>.
- DAS, A. An approximation-based approach for periodic estimation of effective reproduction number: a tool for decision-making in the context of coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak. **Public Health**, Elsevier BV, v. 185, p. 199–201, ago. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.puhe.2020.06.047>.
- DORIA-ROSE, N.; SUTHAR, M. S.; MAKOWSKI, M.; O'CONNELL, S.; MCDERMOTT, A. B.; FLACH, B.; LEDGERWOOD, J. E.; MASCOLA, J. R.; GRAHAM, B. S.; LIN, B. C.; O'DELL, S.; SCHMIDT, S. D.; WIDGE, A. T.; EDARA, V.-V.; ANDERSON, E. J.; LAI, L.; FLOYD, K.; ROUPHAEL, N. G.; ZARNITSYNA, V.; ROBERTS, P. C.; MAKHENE, M.; BUCHANAN, W.; LUKE, C. J.; BEIGEL, J. H.; JACKSON, L. A.; NEUZIL, K. M.; BENNETT, H.; LEAV, B.; ALBERT, J.; KUNWAR, P. Antibody persistence through 6 months after the second dose of mRNA-1273 vaccine for covid-19. **New England Journal of Medicine**, Massachusetts Medical Society, v. 384, n. 23, p. 2259–2261, jun. 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1056/nejmc2103916>.
- DRIESSCHE, P. van den; WATMOUGH, J. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. **Mathematical Biosciences**, Elsevier BV, v. 180, n. 1-2, p. 29–48, nov. 2002. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/s0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/s0025-5564(02)00108-6).
- FRASER, C.; DONNELLY, C. A.; CAUCHEMEZ, S.; HANAGE, W. P.; KERKHOVE, M. D. V.; HOLLINGSWORTH, T. D.; GRIFFIN, J.; BAGGALEY, R. F.; JENKINS, H. E.; LYONS, E. J.; JOMBART, T.; HINSLEY, W. R.; GRASSLY, N. C.; BALLOUX, F.; GHANI, A. C.; FERGUSON, N. M.; RAMBAUT, A.; PYBUS, O. G.; LOPEZ-GATELL, H.; ALPUCHE-ARANDA, C. M.; CHAPELA, I. B.; ZAVALA, E. P.; GUEVARA, D. M. E.; CHECCHI, F.; GARCIA, E.; HUGONNET, S.; ROTH, C.; . Pandemic potential of a strain of influenza a (h1n1): Early findings. **Science**, American Association for the Advancement of Science, v. 324, n. 5934, p. 1557–1561, 2009. ISSN 0036-8075. Disponível em: <https://science.sciencemag.org/content/324/5934/1557>.
- GRENBERG, R. S.; BURNIER, J.; STEIN, A.; COSTA, M. **Epidemiologia clinica**. 3. ed. [S. l.]: Artmed, 2005.
- GUERRA, F. M.; BOLOTIN, S.; LIM, G.; HEFFERNAN, J.; DEEKS, S. L.; LI, Y.; CROWCROFT, N. S. The basic reproduction number (r_0) of measles: a systematic review. **The Lancet Infectious Diseases**, Elsevier, v. 17, n. 12, p. e420–e428, 2017.

HARKO, T.; LOBO, F. S.; MAK, M. Exact analytical solutions of the susceptible-infected-recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates. **Applied Mathematics and Computation**, Elsevier BV, v. 236, p. 184–194, jun. 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.amc.2014.03.030>.

HEFFERNAN, J.; SMITH, R.; WAHL, L. Perspectives on the basic reproductive ratio. **Journal of The Royal Society Interface**, The Royal Society, v. 2, n. 4, p. 281–293, jun 2005. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1098/rsif.2005.0042>.

KATELLA, K. **Comparing the COVID-19 Vaccines: How Are They Different?** Yale Medicine, 2021. Disponível em: <https://www.yalemedicine.org/news/covid-19-vaccine-comparison>.

KUCHARSKI, A.; ALTHAUS, C. The role of superspreading in middle east respiratory syndrome coronavirus (mers-cov) transmission. **Eurosurveillance**, v. 20, n. 25, jun. 2015.

LI, R.; PEI, S.; CHEN, B.; SONG, Y.; ZHANG, T.; YANG, W.; SHAMAN, J. Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2). **Science**, American Association for the Advancement of Science (AAAS), v. 368, n. 6490, p. 489–493, mar. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1126/science.abb3221>.

NEWMAN, M. E. J. **Networks: an introduction**. Oxford; New York: Oxford University Press, 2010. ISBN 9780199206650 0199206651. Disponível em: http://www.amazon.com/Networks-An-Introduction-Mark-Newman/dp/0199206651/ref=sr_1_5?ie=UTF8&qid=1352896678&sr=8-5&keywords=complex+networks.

SEYEDALINAGHI, S.; OLIAEI, S.; KIANZAD, S.; AFSABI, A. M.; MOHSENIPOUR, M.; BARZEGARY, A.; MIRZAPOUR, P.; BEHNEZHAD, F.; NOORI, T.; MEHRAEEN, E.; DADRAS, O.; VOLTARELLI, F.; SABATIER, J.-M. Reinfection risk of novel coronavirus (CoVID-19): A systematic review of current evidence. **World Journal of Virology**, Baishideng Publishing Group Inc., v. 9, n. 5, p. 79–90, dez. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.5501/wjv.v9.i5.79>.

WITTENBURG, J. **Dynamics of Systems of Rigid Bodies -**. Berlin Heidelberg New York: Springer-Verlag, 2013. ISBN 978-3-322-90942-8.

YANG, W.; SUN, C.; ARINO, J. Global analysis for a general epidemiological model with vaccination and varying population. **Journal of Mathematical Analysis and Applications**, Elsevier BV, v. 372, n. 1, p. 208–223, dez. 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jmaa.2010.07.017>.

APÊNDICE A – MÉTODO DE RUNGE-KUTTA DE QUARTA ORDEM

Os métodos de Runge-Kutta são uma família de métodos iterativos explícitos e implícitos, dentre os quais, está o método de Runge-Kutta de quarta ordem. Para apenas uma EDO da forma

$$\frac{dr(t,x)}{dt} = f(x,t), \quad (\text{A.1})$$

o método RK4 nos diz que

$$r_{i+1} = r_i + \frac{h}{6}(k_0 + 2k_1 + 2k_2 + k_3), \quad (\text{A.2})$$

com os valores de $k_0 + 2k_1 + 2k_2 + k_3$ sendo calculados como sendo

$$\begin{cases} k_0 = f(x_i, t_i), \\ k_1 = f(x_i + \frac{hk_0}{2}, t_i + \frac{h}{2}), \\ k_2 = f(x_i + \frac{hk_1}{2}, t_i + \frac{h}{2}), \\ k_3 = f(x_i + hk_2, t_i + h), \end{cases} \quad (\text{A.3})$$

com h sendo o passo, podendo ser definido como sendo

$$h = \frac{t_f - t_i}{N}, \quad (\text{A.4})$$

sendo N o número de pontos utilizados (BAKER *et al.*, 2000). Caso queiramos resolver um sistema de equações diferenciais ordinárias, como o sistema expresso abaixo

$$\begin{cases} \frac{ds(t,x,r,s)}{dt} = f(t,x,r,s), \\ \frac{dx(t,x,r,s)}{dt} = g(t,x,r,s), \\ \frac{dr(t,x,r,s)}{dt} = p(t,x,r,s), \end{cases} \quad (\text{A.5})$$

nós teremos o algoritmo proveniente do método RK4 dado por

$$\begin{cases} s_{i+1} = s_i + \frac{h}{6}(k_0 + 2k_1 + 2k_2 + k_3), \\ x_{i+1} = x_i + \frac{h}{6}(l_0 + 2l_1 + 2l_2 + l_3), \\ r_{i+1} = r_i + \frac{h}{6}(m_0 + 2m_1 + 2m_2 + m_3), \end{cases} \quad (\text{A.6})$$

tendo os parâmetros $k'_i s, l'_i s$ e $m'_i s$, com $i = 0, 1, 2, 3$, calculados por

$$\left\{ \begin{array}{l} k_0 = f(t_i, x_i, r_i, s_i), \\ l_0 = g(t_i, x_i, r_i, s_i), \\ m_0 = p(t_i, x_i, r_i, s_i), \\ k_1 = f(t_i + \frac{h}{2}, x_i + \frac{hl_0}{2}, r_i + \frac{hm_0}{2}, s_i + \frac{hk_0}{2}), \\ l_1 = g(t_i + \frac{h}{2}, x_i + \frac{hl_0}{2}, r_i + \frac{hm_0}{2}, s_i + \frac{hk_0}{2}), \\ m_1 = p(t_i + \frac{h}{2}, x_i + \frac{hl_0}{2}, r_i + \frac{hm_0}{2}, s_i + \frac{hk_0}{2}), \\ k_2 = f(t_i + \frac{h}{2}, x_i + \frac{hl_1}{2}, r_i + \frac{hm_1}{2}, s_i + \frac{hk_1}{2}), \\ l_2 = g(t_i + \frac{h}{2}, x_i + \frac{hl_1}{2}, r_i + \frac{hm_1}{2}, s_i + \frac{hk_1}{2}), \\ m_2 = p(t_i + \frac{h}{2}, x_i + \frac{hl_1}{2}, r_i + \frac{hm_1}{2}, s_i + \frac{hk_1}{2}), \\ k_3 = f(t_i + h, x_i + hl_2, r_i + hm_2, s_i + hk_2), \\ l_3 = g(t_i + h, x_i + hl_2, r_i + hm_2, s_i + hk_2), \\ m_3 = p(t_i + h, x_i + hl_2, r_i + hm_2, s_i + hk_2). \end{array} \right. \quad (\text{A.7})$$

Vale observar que devido a natureza do sistema de equações diferenciais, onde as equações estão acopladas, existem dependências nos termos k_i dos termos m_i e l_i , com $i \geq 1$.

Dada a condição inicial

$$\left\{ \begin{array}{l} f(t_0, x_0, r_0, s_0) = f_0, \\ g(t_0, x_0, r_0, s_0) = g_0, \\ p(t_0, x_0, r_0, s_0) = p_0, \end{array} \right. \quad (\text{A.8})$$

é possível calcular todos os termos seguintes, por meio de (A.6) com (A.7).