UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS EXATAS
DEPARTAMENTO DE MATEMÁTICA
CURSO DE MATEMÁTICA INDUSTRIAL

CURSO MODELAGEM MATEMÁTICA NA QUARENTENA
Módulo 3: Modelo Epidemiológico com Vacinação

Nome: Fillipe Rafael Bianek Pierin **GRR:** 20204093
Curso: Matemática Industrial

1 Introdução

Relatório do módulo 3 do curso Modelagem Matemática na Quarentena. Neste módulo se estuda uma variação do modelo SIR (Kermack e McKendrick, 1927) considerando que um subgrupo da população que é vacinada.

Nas análises e implementações do modelo usa-se a programação Python versão 3.8.3. no Google Colab. Os códigos das implementações e análises podem ser obtidos no GitHub, `https://github.com/fillipepierin/Curso_Modelagem_na_Quarentena`.

2 Modelo SIR com Vacinação

Como visto no módulo 2, no modelo SIR desenvolvido por Kermack e McKendrick, caracteriza a propagação de uma doença numa população. Neste modelo a população era dividida em três subgrupos: suscetíveis (S), infectados (I) e removidos (R). Mas, neste módulo se considera um quarto subgrupo, que é o grupo em que os indivíduos são vacinados (V), que adquire imunidade temporária. Este modelo é conhecido por SIR com vacinação, ou apenas por SIRV. A modelagem neste caso é dada por

$$\frac{dS}{dT} = \underbrace{(1-p)\mu N}_{\text{nascidos não-vacinados}} - \underbrace{\beta SI}_{\text{infecções}} - \underbrace{\mu S}_{\text{mortes}} + \underbrace{\omega V}_{\text{perda de imunidade}} \tag{1}$$

$$\frac{dI}{dT} = \underbrace{\beta SI}_{\text{infecções}} - \underbrace{\gamma I}_{\text{recuperações}} - \underbrace{\mu I}_{\text{mortes}} \tag{2}$$

$$\frac{dR}{dT} = \underbrace{\gamma I}_{\text{recuperações}} - \underbrace{\mu R}_{\text{mortes}} \tag{3}$$

$$\frac{dV}{dT} = \underbrace{p\mu N}_{\text{nascidos vacinados}} - \underbrace{\mu V}_{\text{mortes}} - \underbrace{\omega V}_{\text{perda de imunidade}} \tag{4}$$

onde

- p: fração de indivíduos infectados;
- μ: taxa de morte por unidade de tempo (positiva);
- β: taxa de contágio (positiva);
- γ: taxa per capita da passagem da subpopulação de infectados para resistentes;
- ω: taxa per capita de indivíduos infectados que retorna a população de suscetíveis;
- N é o total da população.

Em uma população, uma doença infecciosa com R_0 dado, se espalha se a fração de suscetíceis for maior que $\frac{1}{R_0}$. E a vacina pode ser usada para reduzir a proporção de suscetíveisa baixo de $\frac{1}{R_0}$, isto para erradir a doença [1]. R_0 é a taxa de reprodutividade basal, que o número casos secundário causado por um primeiro caso, e R_{0_p} é a taxa de reprodutividade basal sob vacionação. Tem-se a seguinte relação entre R_0 e R_{0_p}.

$$R_{0_p} = (1-p) \cdot R_0,$$

sendo p a proporção da população vacinada.

3 Exercícios

Neste capítulo resolvem-se os exercícios propostos nos arquivos do professor responsável pelo módulo. Para tal contextualiza-se o problema de forma teórica e prática (com programação).

3.1 Parte 1

Exercício (i) *Reescreva o modelo descrito em (1-4) de modo que descreva uma situação hipotética na qual indivíduos que ganharam imunidade por vacinação fiquem permanentemente imunes à doença.*

Para que os indivíduos da população ganhem imunidade permanente à doença, precisa-se que os indivíduos não tenham perda de imunidade. Desta forma, a taxa per capita de indivíduos infectados que retornam a população de suscetíveis deve ser nula, ou seja, $\omega = 0$. Logo, reescrevendo o modelo descrito em (1-4) se obtém o seguinte PVI

$$\frac{dS}{dT} = (1-p)\mu N - \beta SI - \mu S \tag{5}$$
$$\frac{dI}{dT} = \beta SI - \gamma I - \mu I \tag{6}$$
$$\frac{dR}{dT} = \gamma I - \mu R \tag{7}$$
$$\frac{dV}{dT} = p\mu N - \mu V \tag{8}$$

Exercício (ii) *Mostre que no modelo descrito em (1-4) a população total de indivíduos não se altera ao longo do tempo.*

Para verificar que o modelo descrito em (1-4) a população total de indivíduos não se altera ao longo do tempo, basta mostrar que $\frac{dS}{dT} + \frac{dI}{dT} + \frac{dR}{dT} + \frac{dV}{dT} = 0$, isto é, que a soma das quatro EDOS do PVI (1-4) seja nula.

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dT} + \frac{dI}{dT} + \frac{dR}{dT} + \frac{dV}{dT} &= (\mu N - \cancel{p\mu N} - \cancel{\beta SI} - \mu S + \omega V) + (\cancel{\beta SI} - \gamma I - \mu I) + \\
&+ (\gamma I - \mu R) + (\cancel{p\mu N} - \mu V - \omega V) \\
&= \mu N - \mu S + \cancel{\omega V} - \cancel{\gamma I} - \mu I + \cancel{\gamma I} - \mu R - \mu V - \cancel{\omega V} \\
&= \mu N - \mu S - \mu I - \mu R - \mu V \\
&= \mu N - \mu(S + I + R + V) \\
&= \mu N - \mu N \\
&= 0.
\end{aligned}$$

Portanto, o total da população de indivíduos não se altera ao longo do tempo.

3.2 Parte 2

Agora, apresenta-se o método de adimensionalização, aplicado ao modelo SIRV. Na tabela (1) apresenta-se a dimensão das variáveis do PVI (5-8), que considera imunização permanente. Como N é constante, essa variável será considerado como coeficiente de adimensionalização.

Variável	Dimensão	Coeficiente	Dimensão
T	τ	p	1
S	ϱ	μ	$1/\tau$
I	ϱ	β	$1/(\varrho\cdot\tau)$
R	ϱ	γ	$1/\tau$
V	ϱ	N	ϱ

Tabela 1: Dimensão das variáveis e coeficientes do modelo (5-8).

Neste passo, se obtém as equações diferenciais similares do PVI (5-8), mas com coeficientes e variáveis adimensionais. Para obter essas equações diferenciais apresenta-se as novas variáveis $t := \mu\cdot T$, $s := S/N$, $i := I/N$, $r := R/N$ e $v := V/N$.
Usando a regra da cadeia tem-se que

$$\frac{dS}{dT} = \frac{dS}{dt}\frac{dt}{dT} = \frac{d(s\cdot N)}{dt}\cdot\frac{d(\mu\cdot T)}{dT} = \mu N\cdot\frac{ds}{dt} \tag{k1}$$

$$\frac{dI}{dT} = \frac{dI}{dt}\frac{dt}{dT} = \frac{d(i\cdot N)}{dt}\cdot\frac{d(\mu\cdot T)}{dT} = \mu N\cdot\frac{di}{dt} \tag{k2}$$

$$\frac{dR}{dT} = \frac{dR}{dt}\frac{dt}{dT} = \frac{d(r\cdot N)}{dt}\cdot\frac{d(\mu\cdot T)}{dT} = \mu N\cdot\frac{dr}{dt} \tag{k3}$$

$$\frac{dV}{dT} = \frac{dV}{dt}\frac{dt}{dT} = \frac{d(v\cdot N)}{dt}\cdot\frac{d(\mu\cdot T)}{dT} = \mu N\cdot\frac{dv}{dt} \tag{k4}$$

Então, multiplicando a equação (5) por $\frac{1}{\mu N}$ resulta em

$$\frac{dS}{dT}\cdot\frac{1}{\mu N} = (1-p) - \beta SI\frac{1}{\mu N} - \frac{S}{N}. \tag{k5}$$

Substituindo (k1), (k5) e as variáveis s e i na equação (5) encontra-se

$$\begin{aligned} &\frac{ds}{dt} = (1-p) - \beta(Ns)\cdot(Ni)\cdot\frac{1}{\mu N} - \frac{sN}{N} \\ \Rightarrow &\frac{ds}{dt} = (1-p) - \beta\cdot(si)\cdot\frac{N}{\mu} - s \\ \Rightarrow &s' = (1-p) - b\cdot(si) - s, \end{aligned}$$

onde $b = \frac{\beta N}{\mu}$. Pode-se substituir b por $\frac{\beta N}{\mu}$, pois b é adimensional, ou seja,

$$\frac{(1/(\varrho\cdot\tau))\cdot(\varrho)}{1/\tau} = \frac{1/\tau}{1/\tau} = 1.$$

Exercício (i) *Utilizando um raciocínio similar ao que foi efetuado acima, obtenha a equação diferencial adimensional da densidade de indivíduos infectados (10) a partir da equação original (6).*

Substituindo (k2) e as variáveis s e i na equação (6) obtem-se

$$\mu N \cdot \frac{di}{dt} = \beta(Ns) \cdot (Ni) - \gamma \cdot (iN) - \mu \cdot (iN). \tag{k6}$$

Logo, multiplicando (k6) por $\frac{1}{\mu N}$ se atinge a

$$\begin{aligned} \frac{di}{dt} &= \frac{\beta N}{\mu} \cdot (si) - \frac{\gamma}{\mu} \cdot i - i \\ \Rightarrow i' &= b \cdot (si) - c \cdot i - i, \end{aligned}$$

onde $c = \frac{\gamma}{\mu}$. Também pode-se $\frac{\gamma}{\mu}$ por c, porque c é adimensional, isto é,

$$\frac{1/\tau}{1/\tau} = 1.$$

Neste momento, encontra-se as outras equações adimensionais que faltam. Substituindo (k3) e as variáveis i e r na equação (7) encontra-se

$$\mu N \cdot \frac{dr}{dt} = \gamma \cdot (iN) - \mu \cdot (rN) \tag{k7}$$

Desta forma, multiplicando (k7) por $\frac{1}{\mu N}$ se atinge a

$$\begin{aligned} \frac{dr}{dt} &= \frac{\gamma}{\mu} \cdot (i) - r \\ \Rightarrow r' &= c \cdot i - r. \end{aligned}$$

Substituindo (k4) e a variável v na equação (8) se atinge a

$$\mu N \cdot \frac{dv}{dt} = p \cdot \mu N - \mu \cdot (vN) \tag{k8}$$

Desta forma, multiplicando (k8) por $\frac{1}{\mu N}$ se atinge a

$$\begin{aligned} \frac{dv}{dt} &= p - v \\ \Rightarrow v' &= p - v. \end{aligned}$$

Assim, se chega ao seguinte PVI

$$s' = (1 - p) - b \cdot (si) - s \tag{9}$$

$$i' = b \cdot (si) - c \cdot i - i \tag{10}$$

$$r' = c \cdot i - r \tag{11}$$

$$v' = p - v \tag{12}$$

Exercício (ii) *Verifique que $v(t) = p + (v_0 - p) \cdot e^{-t}$ é solução da equação adimensional de indivíduos vacinados (12), onde V_0 é a quantidade inicial de indivíduos vacinados adimensionalizada. Considerando que a vacinação foi introduzida bem no início do estudo, mostre que a solução dimensional correspondente para V é $V(T) = Np \cdot (1 - e^{-\mu \cdot T})$, e conclua que essa população de indivíduos vacinados tende a se estabilizar quando $t -> \infty$. Qual é o valor limite?*

Primeiramente, encontra-se a solução de V a partir da EDO (12), a partir do método do fator integrante.
Ajustando a equação (12):

$$\frac{dv}{dt} + v - p = 0 \tag{13}$$

Calculando o fator integrante:

$$\theta(t) = e^{\int p(t)dt} = e^{\int 1dt} = e^{t+c_1} = e^t,$$

considerando $c_1 = 0$.
Multiplicando (13) pelo fator integrante ($\theta(t)$):

$$e^t \cdot \frac{dv}{dt} + e^t \cdot v - e^t \cdot p = 0$$

Pela regra da cadeia tem-se

$$e^t \cdot v' = e^t \cdot p.$$

Integrando em ambos os lados:

$$\begin{aligned} e^t \cdot v &= \int e^t \cdot p \ \ dt \\ \Rightarrow e^t \cdot v &= p \cdot (e^t + c_2) \\ \Rightarrow e^t \cdot v &= p \cdot e^t + c_3, \ \ c_3 = p \cdot c_2. \end{aligned} \tag{h1}$$

Usando a condição inicial $v(0) = v_0$ obtem-se

$$\begin{aligned} e^0 \cdot v(0) &= p \cdot e^0 + c_3 \\ \Rightarrow v_0 &= p + c_3 \\ \Rightarrow c_3 &= v_0 - p. \end{aligned}$$

Substituindo em (h1):

$$
\begin{aligned}
e^t \cdot v &= p \cdot e^t + (v_0 - p) \\
\Rightarrow v(t) &= p + e^{-t} \cdot (v_0 - p). \qquad \text{(h2)}
\end{aligned}
$$

Neste passo, mostra-se que a equação (h2) é solução da EDO (12).

$$
\begin{aligned}
v' = \frac{dv(t)}{dt} &= \frac{dp}{dt} + \frac{d(e^{-t}v_0)}{d} - \frac{d(e^{-t}p)}{dt} \\
&= 0 - e^{-t} \cdot v_0 + e^{-t} \cdot 0 + e^{-t} \cdot p + e^{-t} \cdot 0 \\
&= -e^{-t} \cdot v_0 + e^{-t} \cdot p \\
&= e^{-t} \cdot (-v_0 + \cdot p) \\
&= -e^{-t} \cdot (v_0 - \cdot p) + p - p \\
&= -(e^{-t} \cdot (v_0 - \cdot p) + p) + p \\
&= p - v.
\end{aligned}
$$

Logo, a equação (h2) é solução da equação adimensional de indivíduos vacinados (12).
Agora, considerando que a vacinação foi introduzida no início do estudo, mostra-se que a solução adimensional correspondente para V é $V(T) = Np \cdot (1 - e^{-\mu \cdot T})$.
Sabe-se que $v := V/N$, e como a população foi vacinada no início do estudo tem-se que $V(0) = V_0 = 0$. Desta forma, encontra-se que $v_0 = v(0) = \frac{V(0)}{N} = \frac{V_0}{N} = 0$. Então,

$$
\begin{aligned}
V(T) &= N \cdot v(t) \\
&= N \cdot (p + e^{-t} \cdot (v_0 - p)) \\
&= N \cdot p + N \cdot e^{-t} \cdot (v_0 - p) \\
&= N \cdot p + N \cdot e^{-t} \cdot v_0 - N \cdot p \cdot e^{-t} \\
&= N \cdot p \cdot (1 - e^{-\mu \cdot T}) + N \cdot e^{-\mu \cdot T} \cdot v_0, \;\; pois \;\; t := \mu \cdot T \\
&= N \cdot p \cdot (1 - e^{-\mu \cdot T}), \;\; pois \;\; v_0 = 0.
\end{aligned}
$$

Logo,

$$
V(T) = N \cdot p \cdot (1 - e^{-\mu \cdot T}). \qquad (14)
$$

Portanto, a equação (14) é solução de V.
Por último, analisa-se que a população de vacinados se estabiliza quando $t- > \infty$.

Isto é,

$$\begin{aligned}
\lim_{T\to\infty} V(T) &= \lim_{T\to\infty} N \cdot p \cdot (1 - e^{-\mu \cdot T}) \\
&= \lim_{T\to\infty} N \cdot p - \lim_{T\to\infty} N \cdot p \cdot e^{-\mu \cdot T} \\
&= N \cdot p - N \cdot p \cdot \lim_{T\to\infty} e^{-\mu \cdot T} \\
&= N \cdot p - N \cdot p \cdot 0 \\
&= N \cdot p
\end{aligned}$$

Assim, o valor do limite é $N \cdot p$, ou seja, a população de vacinados se estabiliza em $N \cdot p$.

3.3 Parte 3

Exercício (i) *Para que uma doença permaneça numa população a quantidade de indivíduos suscetíveis deve permanecer alta. Se ela ficar menor que um determinado valor, a quantidade de indivíduos infectados começa a declinar, e a doença fica controlada. Observe a equação (10), e imponha que não haja decrescimento da população i para determinar o valor crítico de s para o declínio de i.*

Impondo que não há crescimento da população, ou seja, que a população estabilize, tem-se $i = K$, em que K é constante. Desta forma, usando a equação (10) obtém-se

$$\begin{aligned}
& i' = b \cdot si - c \cdot i - i \\
\Rightarrow\ & K' = b \cdot sK - c \cdot K - K \\
\Rightarrow\ & (b \cdot s - c - 1) \cdot K = 0 \\
\Rightarrow\ & b \cdot s - c - 1 = 0, \quad K \neq 0 \\
\Rightarrow\ & b \cdot s = c + 1 \\
\Rightarrow\ & s = \frac{c+1}{b}
\end{aligned}$$

Portanto, o declínio de i ocorre quando o valor de s é $\frac{c+1}{b}$.

4 Análise Numérica

Neste capítulo, como realizado nos módulos anteriores, se efetua aproximações numéricas para o modelo SIRV. Essas aproximações são feitas pois a solução desta PVI não é imediata. Para esse finalidade, utiliza-se a função “odeint” do Python [2], cujos códigos para a análise é baseado em [3].

Na figura (1) tem-se a simulação do modelo com perda de imunidade (ωV), PVI (1 - 4). Já na figura (2) tem-se a simulação do modelo sem perda de imunidade ($\omega = 0$), ou seja, com vacina 100% eficaz, PVI (5 - 8), que é apresentado como resultado do exercício (i) da parte 1. Os parâmetros usados nestas simulações são: N = 1.00; β = 1.4280; μ = 0.1000; γ = 0.1428; ω = 2.0150; p = 0.01; S_0 = 0.30; I_0 = 0.03; R_0 = 0.10; V_0 = 0.57.

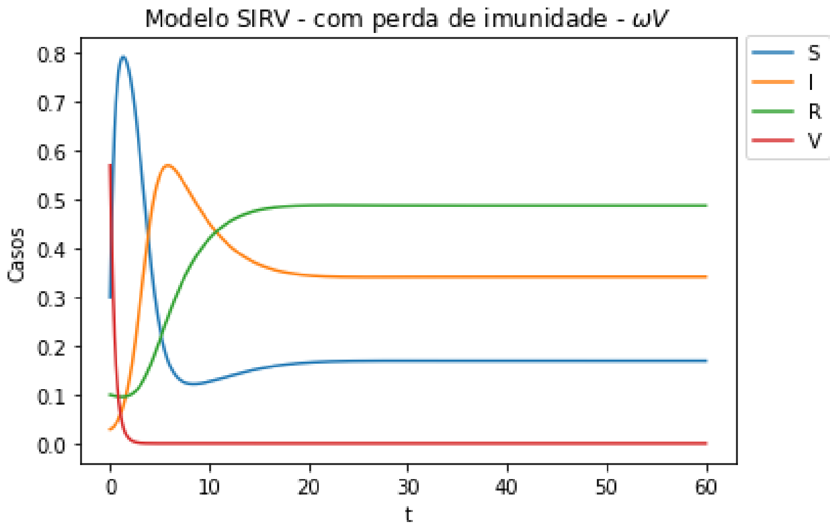

Figura 1: Modelo SIRV com perda de imunidade.

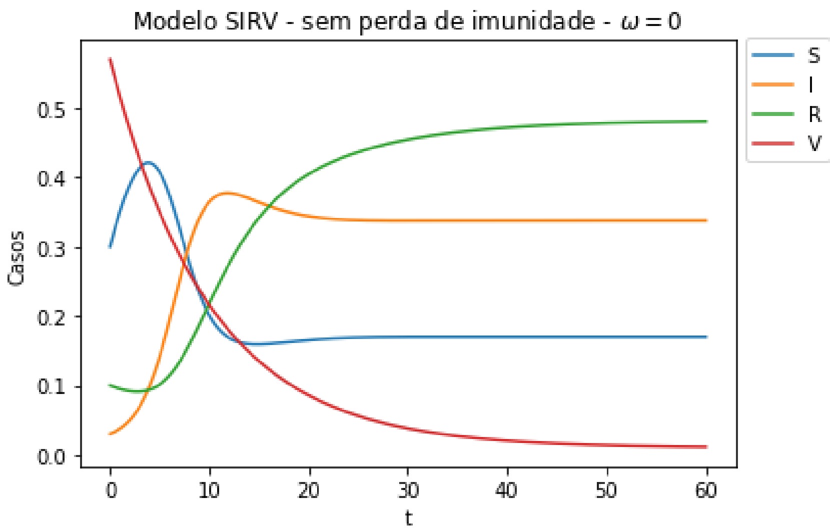

Figura 2: Modelo SIRV sem perda de imunidade.

Neste ponto, apresenta-se na figura (3) o resultado da simulação do modelo SIRV com adimensionalidade, PVI (9 - 12), obtido no exercício (i) parte 2. Os parâmetros usados são: N = 1.00; p = 0.01; $b = (\beta \cdot N)/(\mu)$ = (1.4280 . 1.00) / (0.1000) = 14.28; $c = (\gamma)/(\mu)$ = (0.1428) / (0.1000)= 1.428; S_0 = 0.30; I_0 = 0.03; R_0 = 0.10; V_0 = 0.57. Por último, na figura (4) mostra-se que o declínio da população de infectados (i) se da quando $s = \frac{c+1}{b}$, cuja igualdade foi encontrada no exercício (i) parte 3.

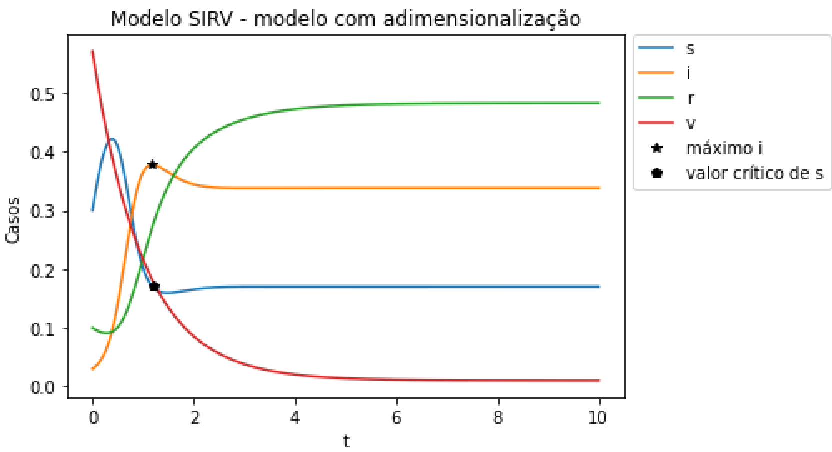

Figura 3: Modelo SIRV com adimensionalização.

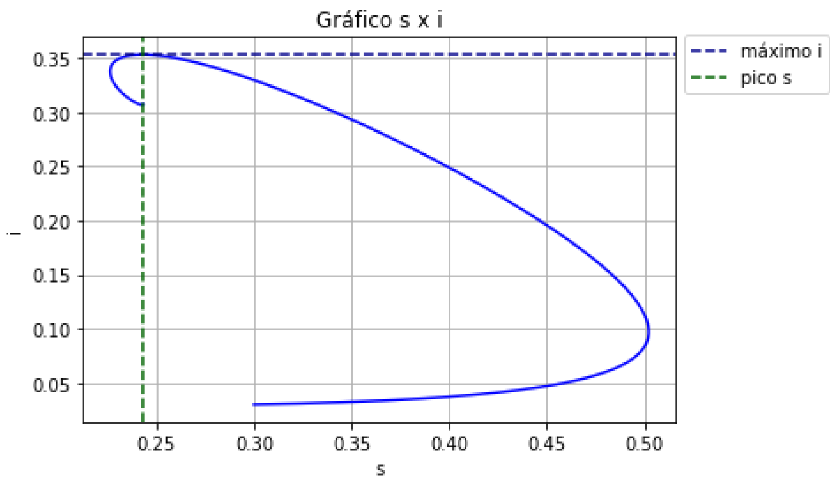

Figura 4: Gráfico S x I do modelo SIRV com adimensionalização.

5 Considerações Finais

Com o estudo realizado do modelo SIRV, pode-se fazer algumas simulações numéricas, mostrando verificando pico da população de sobreviventes s para que o declínio da população de infectados comece. Concluiu-se que a solução da EDO (8) se estabiliza em $N \cdot p$ e a solução da EDO (12) se estabiliza em p, o que se observa nas figuras (1) e (3), respectivamente.
Após as análise e estudos do módulo 3 do curso de modelagem na quarentena, aprendeu-se um variação do modelo SIR considerando população de vacinados, que não era de conhecimento. Pode-se concluir que a vacina faz diferença numa pandemia controlando, mas nem sempre se tem a eficácia 100%. Também neste módulo, conseguiu-se revisar conceitos de equações diferenciais e programação com o uso de Python para fazer as simulações numéricas e os gráficos do capítulo 4.

Referências

[1] Baquero, OS (2017) Dinâmica e controle de doenças infecciosas - Modelos SIR e SIS. http://twixar.me/jPTm. Acessado em: 26.mai.2020.

[2] SciPy (2019) scipy.integrate.odeint. http://twixar.me/pPTm. Acessado em: 26.mai.2020.

[3] Scipython (2018) The SIR epidemic model. http://twixar.me/tPTm. Acessado em: 26.mai.2020.