

Análise da Dinâmica de um Modelo Epidemiológico para a Mutaç o do V rus da COVID-19

Kaleb de J. S. Souza ¹, Jos  Paulo C. dos Santos ², Franco B. Rocha ³

Departamento de Matem tica, Universidade Federal de Alfenas, Alfenas, MG

A modelagem matem tica cumpre um papel crucial para o entendimento da propaga o de doen as em uma popula o, sendo essencial para o estudo de epidemias e formula o de estrat gias de controle, como a desencadeada pelo v rus da COVID-19 [3]. Segundo [2], ao modelar esse cen rio, a popula o se divide em classes distintas, destacando tr s delas: os suscet veis (S), saud veis e propensos   doen a; os infectados (I), atualmente doentes; os recuperados (R), imunes   reinfecc o. Essa estrutura, conhecida como modelo SIR, fornece uma base s lida para compreender a din mica epidemiol gica, sendo fundamental para an lises mais avan adas. Entretanto, durante a pandemia da COVID-19, estudos mostraram que, durante o transcorrer do surto, muta es do v rus da COVID-19 ocasionaram novas ondas de casos [1], o que n o pode ser descrito pelo modelo SIR cl ssico [2].

Com o objetivo de estudar os efeitos da muta o do v rus da COVID-19, nesse trabalho vamos propor um novo modelo que incorpora a muta o do v rus original para uma nova variante em um determinado momento da epidemia, para isso vamos considerar uma adapta o do modelo SIR em que teremos: S_1 suscet veis ao v rus original, S_2 a parte da popula o que se recuperou do v rus original mas   suscet vel   nova variante, I_1 os infectados ao v rus original, I_2 os infectados a muta o do v rus original, β_1 a taxa de transmiss o do v rus original, β_2 a taxa de transmiss o da nova variante, $m(\cdot)$   um tipo de fun o ativa o que descreve a muta o do v rus em algum momento do tempo ($0 \leq m(t) \leq 1$ para todo $t \geq 0$), p   a porcentagem de v rus que sofreram muta o gerando uma nova variante, q   a probabilidade de uma pessoa recuperada do v rus original ser suscet vel a muta o do v rus (neste caso $1 - q$   a probabilidade da pessoa ser totalmente imune a reinfecc o pelo v rus original e pela variante), γ taxa de recupera o, μ taxa de natalidade que nesse caso ser  considerada igual a taxa de mortalidade natural. Por simplicidade, neste modelo n o vamos analisar a taxa de mortalidade como consequ ncia da infec o pelo v rus. Dessa forma temos o modelo

$$\begin{cases} S_1'(t) &= \mu N - \beta_1 S_1(t) I_1(t) - \mu S_1(t), \\ S_2'(t) &= -\beta_2 m(t) S_2(t) I_2(t) + \gamma q I_1(t) - \mu S_2(t), \\ I_1'(t) &= \beta_1 S_1(t) I_1(t) - \gamma I_1(t) - m(t) p I_1(t) - \mu I_1(t), \\ I_2'(t) &= m(t) [p I_1(t) + \beta_2 S_2(t) I_2(t) - \gamma I_2(t)] - \mu I_2(t), \\ R'(t) &= \gamma m(t) I_2(t) + (1 - q) \gamma I_1(t) - \mu R(t). \end{cases} \quad (1)$$

Nesse contexto investigamos que o conjunto $\Omega = \{(S_1, S_2, I_1, I_2, R) \in \mathbb{R}_+^5 : 0 \leq S_1(t) + S_2(t) +$

¹kaleb.souza@sou.unifal-mg.edu.br

²jose.santos@unifal-mg.edu.br

³franco.rocha@unifal-mg.edu.br

$I_1(t) + I_2(t) + R(t) \leq N$, é positivamente invariante. Como consequência, nenhuma das classes de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados assume valores negativos em algum momento.

Ao explorar as dinâmicas entre as classes de suscetíveis S_1, S_2 , infectados I_1, I_2 e recuperados, considerando expressões para os números básicos de reprodução $R_0^1 = \frac{\beta_1 N}{\gamma + \mu + \hat{m}p}$ e $R_0^2 = \frac{\beta_2 N \hat{m}}{\gamma \hat{m} + \mu}$, em que $\hat{m} = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \int_0^t m(s) ds$. A análise mostra que as classes de infectados $I_1(t)$ e $I_2(t)$ convergem para zero quando t tende a infinito, desde que os limiares $R_0^1 < 1$ e $R_0^2 < 1$. Esses resultados são fundamentais para demonstrar que o modelo é bem posto e que recupera o comportamento biológico do problema.

Realizamos simulações numéricas utilizando o método de Runge-Kutta de quarta ordem para explorar a dinâmica do modelo. Supondo que a função $m(\cdot)$ seja de tal maneira que o vírus começa a sofrer mutação a partir do dia 50, a figura (a) mostra que se 10% dos vírus sofre mutação e se a nova variante for mais contagiosa que o vírus original, temos uma segunda onda maior que a primeira, a figura (b) mostra a dinâmica do modelo (1) e a figura (c) mostra que o modelo (1) se comporta como o modelo SIR clássico quando não temos mutação do vírus. Os parâmetros da simulação foram:

$$\beta_1 = 0,22; \beta_2 = 0,54; q = 1,0; p = 0,1; \mu = 0,01; \gamma = 1/14 \text{ e } m(t) = \begin{cases} 0, & t < 50 \\ \frac{t-50}{50}, & 50 < t < 100. \\ 1, & t > 100 \end{cases}$$

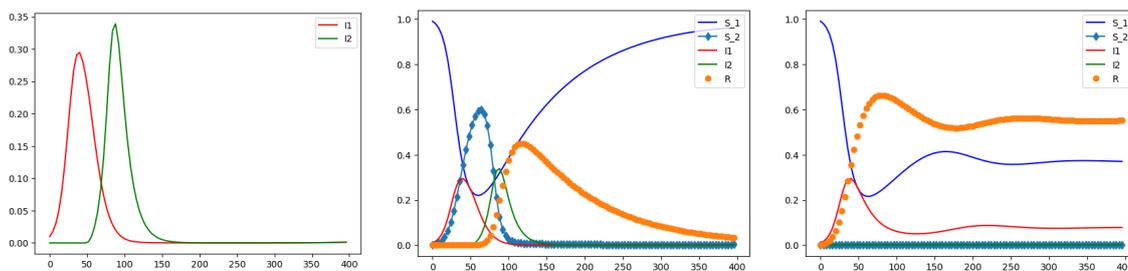


Figura 1: Figura (a) à esquerda, figura (b) ao centro e figura (c) à direita. Fonte: dos autores.

Nossas simulações demonstram que o modelo (1) para a mutação reproduz de forma eficaz o comportamento esperado de uma segunda onda caso a nova variante seja mais contagiosa.

Agradecimentos

Agradecemos à FAPEMIG pelo apoio concedido para a realização do trabalho. Conforme o Edital Nº 13/2023 da PRPPG-UNIFAL-MG.

Referências

- [1] E. C. Moura et al. “Covid-19: evolução temporal e imunização nas três ondas epidemiológicas, Brasil, 2020–2022.” Em: **Revista de Saúde Pública** 56 (2022), pp. 1–11. DOI: doi.org/10.11606/s1518-8787.2022056004907.
- [2] M. M. Lopez-Flores et al. **Equações diferenciais e modelos epidemiológicos**. Rio de Janeiro: Editora IMPA, 2021. ISBN: 978-65-89124-42-9.
- [3] M. Matcheva. **An Introduction to Mathematical Epidemiology**. Vol. 61. Springer New York Heidelberg Dordrecht London, 2015. ISBN: 978-1489976116.