

Total de Infectados em um Sistema SIRD com Subpopulações

Matheus C. Santos¹

DMPA/UFRGS, Porto Alegre, RS

Alison M. V. D. L. Melo²

Colegiado de Administração/Univasf, Petrolina, PE

Modelos epidemiológicos com subpopulações são úteis quando diferentes partes da população reagem de maneira diferente à evolução da doença, seja por diferentes taxas de infecção, recuperação e mortalidade. Essas diferenças podem vir de fatores como sexo dos indivíduos, idade ou acesso a diferentes sistemas de saúde. Por exemplo, em um trabalho recente, a disseminação de COVID-19 é analisada em subpopulações geograficamente distintas que interagem livremente mas que estão sujeitas à diferentes sistemas de saúde [2].

O número total de infectados para modelos epidemiológicos com múltiplas subpopulações foi tratado no famoso trabalho de Andreasen para o sistema SIR, que considera o número de indivíduos vivos como constante ao longo do tempo, e onde o autor analisa o número final de suscetíveis como solução de um sistema de equações implícitas [1]. Neste trabalho, obtemos o número final de suscetíveis como o ponto fixo de um sistema de equações para um modelo SIRD com subpopulações, como já feito para o modelo SEIRD clássico em [2]. Aqui, cada indivíduo infectado pode evoluir para um estado de recuperado e não mais suscetível à doença ou para morte, mas a principal diferença dos trabalhos citados é que estamos considerando que a força de infecção é proporcional aos quocientes $I_i(t)/N_i(t)$ onde $I_i(t)$ é o número de infectados na subpopulação i no instante t e $N_i(t)$ é o número de indivíduos ativos (vivos) na população i , ao contrário do sistema SIRD clássico onde a força de infecção é proporcional a $I_i(t)/N_i(0)$.

O sistema de equações para o modelo SIRD com duas subpopulações tratado é o seguinte:

$$\begin{cases} S'_1 = - \left(\beta_{11} \frac{I_1}{N_1} + \beta_{12} \frac{I_2}{N_2} \right) S_1 & , & S'_2 = - \left(\beta_{21} \frac{I_1}{N_1} + \beta_{22} \frac{I_2}{N_2} \right) S_2 \\ I'_1 = \left(\beta_{11} \frac{I_1}{N_1} + \beta_{12} \frac{I_2}{N_2} \right) S_1 - (\gamma_1 + \mu_1) I_1 & , & I'_2 = \left(\beta_{21} \frac{I_1}{N_1} + \beta_{22} \frac{I_2}{N_2} \right) S_2 - (\gamma_2 + \mu_2) I_2 \\ R'_1 = \gamma_1 I_1 & , & R'_2 = \gamma_2 I_2 \\ D'_1 = \mu_1 I_1 & , & D'_2 = \mu_2 I_2 \end{cases} \quad (1)$$

com condições iniciais $S_i(0) = S_{i0}$, $I_i(0) = I_{i0}$, $R_i(0) = R_{i0}$, $D_i(0) = D_{i0} \in \mathbb{R}_+$ e onde $N_i(t) = S_i(t) + I_i(t) + R_i(t)$ são os indivíduos ativos (vivos) na subpopulação i no instante t , para $i = 1, 2$. Os parâmetros $\beta_{i,j}$, α_i , γ_i , μ_i são não negativos.

Seja $N_i^{\text{total}} = N_i(t) + D_i(t)$ o valor constante do total de indivíduos vivos ou mortos em cada subpopulação.

Os resultados a seguir são puramente teóricos. Aplicações em situações e dados reais ainda estão em andamento.

As hipóteses sobre os parâmetros do sistema são as seguintes:

¹matheus.santos@ufrgs.br

²alison.melo@univasf.edu.br

H1) As matrizes \mathcal{B} e \mathcal{M} são positivas, onde $\mathcal{B} = \begin{pmatrix} \beta_{11} & \beta_{12} \\ \beta_{21} & \beta_{22} \end{pmatrix}$ e $\mathcal{M} = \begin{pmatrix} \mu_1 & 0 \\ 0 & \mu_2 \end{pmatrix}$.

H2) $\beta_{ij} \geq \mu_j$, para todo $i, j \in \{1, 2\}$.

Note que as funções S_i, R_i e D_i são monótonas. E como são limitadas por 0 e N_i^{total} , segue que convergem quando $t \rightarrow \infty$, e sejam S_i^∞, R_i^∞ e D_i^∞ , respectivamente esses limites, para cada $i = 1, 2$. Assim, pela definição de N_i^{total} , a função I_i também converge quando $t \rightarrow \infty$ para um valor I_i^∞ . Esses valores limites são o estágio final do modelo epidemiológico.

Lema 0.1. *O estágio final do modelo (1), satisfaz:*

$$\begin{aligned} i) \quad I_i^\infty &= 0 & iii) \quad R_i^\infty &= \frac{\gamma_i}{\gamma_i + \mu_i} (N_i^{\text{total}} - S_i^\infty - R_{i0} - D_{i0}) + R_{i0} \\ ii) \quad S_i^\infty &= N_i^{\text{total}} - R_i^\infty - D_i^\infty & iv) \quad D_i^\infty &= \frac{\mu_i}{\gamma_i + \mu_i} (N_i^{\text{total}} - S_i^\infty - R_{i0} - D_{i0}) + D_{i0} \end{aligned}$$

Note que I_i^∞ não é o número total de infectados. Denotando por CI_i o número total de infectados pela epidemia na subpopulação i , podemos calculá-lo a partir do número final de suscetíveis simplesmente fazendo $CI_i = N_i(0) - S_i^\infty$. Portanto, basta determinar S_i^∞ .

Pode-se mostrar que a função $\mathcal{F}(t) = (F_1(t), F_2(t))$ definida por

$$F_i(t) := \frac{S_i(t)}{N_1(t)^{\frac{\beta_{i1}}{\mu_1}} N_2(t)^{\frac{\beta_{i2}}{\mu_2}}} \quad i = 1, 2, \quad (2)$$

é constante ao longo das soluções de (1). Assim, definindo as quantidades

$$\epsilon_j = \frac{\mu_j}{\gamma_j + \mu_j}, \quad e \quad Z_j = (1 - \epsilon_j)N_j(0) + \epsilon_j R_{j0}, \quad \text{para } j = 1, 2,$$

seja $T : \mathbb{R}_+^2 \rightarrow \mathbb{R}_+^2$, $T(x, y) = (T_1(x, y), T_2(x, y))$ onde

$$T_1(x, y) = F_1(0)(\epsilon_1 x + Z_1)^{\frac{\beta_{11}}{\mu_1}} (\epsilon_2 y + Z_2)^{\frac{\beta_{12}}{\mu_2}}, \quad (3)$$

$$T_2(x, y) = F_2(0)(\epsilon_1 x + Z_1)^{\frac{\beta_{21}}{\mu_1}} (\epsilon_2 y + Z_2)^{\frac{\beta_{22}}{\mu_2}}, \quad (4)$$

Assim, temos o principal resultado desse trabalho:

Teorema 0.1. *Sejam $S_{10}, S_{20}, I_{10} + I_{20} > 0$. Assumindo as hipóteses **H1** e **H2**, o valor final $S^\infty = (S_1^\infty, S_2^\infty)$ satisfaz:*

- i) S^∞ é ponto fixo da aplicação T ;*
- ii) S^∞ satisfaz $0 \neq S^\infty = \lim_{n \rightarrow \infty} T^n(0)$.*

Referências

- [1] V. Andreasen. “The final size of an epidemic and its relation to the basic reproduction number”. Em: **Bull. Math. Biol.** 73.10 (2011), pp. 2305–2321. ISSN: 0092-8240.
- [2] A. M. V. D. L. Melo e M. C. Santos. “Final size and partial distance estimate for a two-group SEIRD model”. Em: **Journal of Mathematical Biology** 86.4 (2023), Paper No. 56, 32. ISSN: 0303-6812. DOI: 10.1007/s00285-023-01892-x.