



**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA**  
**“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”**

Faculdade de Ciências e Tecnologia  
Câmpus de Presidente Prudente

# Modelos SIR e SIRS Aplicados à Dinâmica da Covid-19 no Estado do Amapá e Região Metropolitana

Eduardo da Conceição Rosario

Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Analice Costacurta Brandi

Co-orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Simone de Almeida Delphim Leal

Programa: Matemática Aplicada e Computacional

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA**

Faculdade de Ciências e Tecnologia de Presidente Prudente

Programa de Pós-Graduação em Matemática Aplicada e Computacional

# Modelos SIR e SIRS Aplicados à Dinâmica da Covid-19 no Estado do Amapá e Região Metropolitana

Eduardo da Conceição Rosario

Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Analice Costacurta Brandi

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Matemática Aplicada e Computacional da Faculdade de Ciências e Tecnologia da UNESP para obtenção do título de Mestre em Matemática Aplicada e Computacional.

Presidente Prudente, Maio de 2022

R789m Rosario, Eduardo da Conceição  
Modelos SIR e SIRS Aplicados à Dinâmica da Covid-19 no Estado do Amapá e Região Metropolitana / Eduardo da Conceição Rosario. -- Presidente Prudente, 2022  
96 p. : mapas

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências e Tecnologia, Presidente Prudente  
Orientadora: Analice Costacurta Brandi  
Coorientadora: Simone de Almeida Delphim Leal

1. Modelagem Matemática. 2. Modelos Epidemiológicos. 3. Modelo SIR. 4. Modelo SIRS. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências e Tecnologia, Presidente Prudente. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

**TÍTULO DA DISSERTAÇÃO:** Modelos SIR e SIRS aplicados à Dinâmica da Covid-19 no Estado do Amapá e Região Metropolitana

**AUTOR:** EDUARDO DA CONCEIÇÃO ROSARIO

**ORIENTADORA:** ANALICE COSTACURTA BRANDI

**COORIENTADORA:** SIMONE DE ALMEIDA DELPHIM

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em MATEMÁTICA APLICADA E COMPUTACIONAL, pela Comissão Examinadora:

A handwritten signature in blue ink that reads "Analice Costacurta Brandi".

Profa. Dra. ANALICE COSTACURTA BRANDI (Participação Virtual)  
Departamento de Matemática e Computação / Faculdade de Ciências e Tecnologia de Presidente Prudente

Prof. Dr. MESSIAS MENEGUETTE JUNIOR (Participação Virtual)  
Departamento de Matemática e Computação / Faculdade de Ciências e Tecnologia de Presidente Prudente

Prof. Dr. FERNANDO LUIZ PIO DOS SANTOS (Participação Virtual)  
Departamento de Bioestatística Biologia Vegetal Parasitologia e Zootecnia / Instituto de Biociências de Botucatu

Presidente Prudente, 03 de junho de 2022

*Aos meus familiares, amigos e entes queridos que partiram deixando saudade.  
A minha conquista também é de vocês.*

# Agradecimentos

---

Agradeço a Deus por ter me abençoado ao longo de todo o desenvolvimento desse projeto, dando-me forças e saúde nessa jornada.

Aos meus pais, Ivaneide e Angelo, obrigado por todo amor incondicional, apoio e carinho. À minha irmã, Alessandra e Minha vó Brigida Texeira, que sempre estiveram na torcida por minhas conquistas. Vocês foram minha motivação durante essa caminhada!

À minha orientadora e co-orientadora, Professora Dr<sup>a</sup>. Analice Costacurta Brandi e Professora Dr.<sup>a</sup> Simone de Almeida Delphim Leal, respectivamente. E que acreditaram na ideia do projeto conjunto nessa trajetória acadêmica, obrigado pelo empenho, incentivo e por sempre indicar a direção correta que eu devia tomar.

Ao Instituto Federal do Amapá (IFAP), por todo incentivo e motivação para que pudesse conseguir alcançar a qualificação profissional desejada, e que pudesse levar o nome da instituição para outros Estados.

À Isabella e Neylan, amigos que me incentivaram, obrigado pelas contribuições, ajuda, disponibilidade e, também, por fazer esse processo ser um pouco mais descontraído.

Aos meus amigos Rubson Alves, Augsuto Carvalho, Regina Rosa, César Augusto, Matheus Carvalho, Letícia Ludovico, Edson Leal, Guilherme Codo, Luiz Otávio, Paulo Martins, Laura Rondelli, Carlos Alberto, Pedro Emiliano e Lohainne Nathallie pelos conselhos, apoio e torcida.

À minha amada Ingrid Isabelly Barbosa por todo incentivo e força em momentos difíceis, e em memória do meu querido amigo Danilo Silva Miranda, meu avô Vicente Guimarães, minha querida tia Ana Sueli e meu querido padrinho Hamilton da Silva Neto, perdas que tive durante graduação e pós-graduação. Vocês sempre permanecerão comigo!

E a todos que contribuíram, de modo direto ou indireto, para o sucesso deste.

O presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de financiamento 01.

*“Faça as coisas o mais simples que você puder,  
porém não se restrinja às mais simples”.*  
***Albert Einstein***

# Resumo

---

O benefício em estudar os modelos epidemiológicos e sua importância em analisar a maneira que uma doença pode se comportar em um meio, tais como a quantidade de pessoas suscetíveis de uma população a se infectarem com o vírus, ou o número de pessoas que podem vir a óbito durante uma epidemia. Diante disso, a disseminação do vírus da SARS-COV-2 foi investigada no presente trabalho para região metropolitana do Amapá. Foram propostos modelos epidemiológicos do tipos SIR e SIRS, acoplando-se as equações da difusão e advecção, com o objetivo de analisar a propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá. Estudar o modelo SIR e SIRS significa descrever os seus pontos de equilíbrio e suas estabilidades e, para isso, utilizou-se cálculos além de algébricos, e foram empregados métodos de diferenças finitas e simulações numéricas foram performadas, com o intuito de visualizar a disseminação do vírus no Amapá. As simulações apresentaram um estudo preliminar considerando dados reais fornecidos pelas secretarias de vigilância sanitárias locais, que possibilitaram a obtenção de parâmetros e cenários mais realísticos.

Palavras-Chave: *Modelo Epidemiológico SIR, SIRS, Método de Diferenças Finitas, Equação de Advecção-Difusão, SARS-COV-2.*





# Abstract

---

The benefit of studying the models and their importance in studying that a person can become a means of disease, such as the amount of people who can behave as a population to become infected with the virus, or the number of people who can infect with the virus deaths during an epidemic. Furthermore, the spread of the SARS-COV-2 virus was investigated in the present work for the metropolitan region of Amapá. The types of viruses proposed in the metropolitan region of diffusion and announcement of models proposed in the metropolitan region of the State of A were studied. SIR and SIRS describe their equilibrium points, with their stability and, this, using simulations in addition to visualization and employee methods for study purposes and for differential view display purposes. virus in Amapá. The simulations presented a preliminary study of parameters and real scenarios provided by the health surveillance secretariats.

Keywords: *SIR Epidemiological Model, SIRS, Finite Difference Method, Advection-Diffusion Equation, SARS-COV-2.*



# Lista de Figuras

---

1.1	Família do vírus SARS-COV. . . . .	16
1.2	Comportamento de partículas em tosses. . . . .	17
1.3	Dispersão de partículas em conversas. . . . .	18
1.4	Nuvem de partículas. . . . .	19
1.5	Mapa da região metropolitana do Estado do Amapá. . . . .	20
2.1	Ponto de equilíbrio endêmico. . . . .	33
2.2	Ponto de equilíbrio livre da doença. . . . .	33
2.3	Diagrama do modelo. . . . .	34
2.4	Ponto de equilíbrio endêmico do modelo SIRS. . . . .	41
2.5	Ponto de equilíbrio livre da doença do modelo SIRS. . . . .	41
3.1	Evolução de casos no Amapá. . . . .	43
3.2	Previsão de casos no Amapá. . . . .	44
3.3	Evolução temporal no estado. . . . .	44
3.4	Modelo SIR aplicado na população total do Estado do Amapá. . . . .	46
3.5	Modelo SIR aplicado na população total do município de Macapá. . . . .	47
3.6	Modelo SIR do município de Macapá. . . . .	48
3.7	Modelo SIR aplicado na população total do município de Santana. . . . .	49
3.8	Modelo SIR do município de Santana. . . . .	50
3.9	Modelo SIR aplicado na população total do município de Mazagão. . . . .	51
3.10	Modelo SIR do município de Mazagão. . . . .	52
3.11	Modelo SIR aplicado na população total da região metropolitana do Estado do Amapá. . . . .	53
3.12	Modelo SIR aplicado na região metropolitana do Estado do Amapá. . . . .	54
3.13	Modelo SIRS aplicado na população total do Estado do Amapá. . . . .	55
3.14	Modelo SIRS aplicado na população total do município de Macapá. . . . .	57
3.15	Modelo SIRS para população de Macapá. . . . .	58
3.16	Modelo SIRS aplicado na população total do município de Santana. . . . .	59
3.17	Modelo SIRS para população de Santana. . . . .	60
3.18	Modelo SIRS aplicado na população total do município de Mazagão. . . . .	61
3.19	Modelo SIRS para população de Mazagão. . . . .	62
3.20	Modelo SIRS aplicado na população total da região metropolitana do Estado do Amapá. . . . .	63
3.21	Modelo SIRS para população da região metropolitana do Estado do Amapá. . . . .	64
5.1	Discretização do domínio. . . . .	70
5.2	Ponto de equilíbrio livre da doença do modelo proposto SIR. . . . .	73
5.3	Ponto de equilíbrio endêmico do modelo proposto SIR. . . . .	74
5.4	Ponto de equilíbrio livre da doença do modelo proposto SIRS. . . . .	76
5.5	Ponto de equilíbrio endêmico da doença do modelo proposto SIRS. . . . .	77

---

6.1	Modelo proposto SIR aplicado na população do município de Macapá. . . .	80
6.2	Modelo proposto SIR aplicado na população do município de Santana. . . .	82
6.3	Modelo proposto SIR aplicado na população do município de Mazagão. . . .	83
6.4	Modelo proposto SIR aplicado na população da região metropolitana do Estado do Amapá. . . . .	85
6.5	Modelo proposto SIRS aplicado na população do município de Macapá. . . .	87
6.6	Modelo proposto SIRS aplicado na população do município de Santana. . . .	88
6.7	Modelo proposto SIRS aplicado na população do município de Mazagão. . . .	90
6.8	Modelo proposto SIRS aplicado na região metropolitana do Estado do Amapá. . . . .	92

# Sumário

---

<b>Resumo</b>	<b>7</b>
<b>Abstract</b>	<b>9</b>
<b>Lista de Figuras</b>	<b>10</b>
<b>1 Introdução</b>	<b>15</b>
<b>2 Modelagem Matemática</b>	<b>21</b>
2.1 Modelos Epidemiológicos . . . . .	21
2.1.1 Modelo SIR . . . . .	21
2.1.2 Intensidade de Infecção . . . . .	23
2.1.3 Reprodução Basal $R_0$ . . . . .	23
2.1.4 Pontos de Equilíbrio do Modelo SIR . . . . .	28
2.1.5 Estabilidade do Modelo SIR . . . . .	29
2.1.6 Simulações . . . . .	32
2.1.7 Modelo SIRS . . . . .	34
2.1.8 Pontos de Equilíbrio do Modelo SIRS . . . . .	37
2.1.9 Estabilidade do Modelo SIRS . . . . .	38
2.1.10 Simulações . . . . .	40
<b>3 Resultados e Discussões</b>	<b>43</b>
3.1 Análise do Modelo SIR no Estado do Amapá . . . . .	45
3.1.1 Municípios . . . . .	45
3.1.2 Macapá . . . . .	46
3.1.3 Santana . . . . .	49
3.1.4 Mazagão . . . . .	50
3.1.5 Região Metropolitana . . . . .	52
3.2 Análise do Modelo SIRS no Estado do Amapá . . . . .	54
3.2.1 Municípios . . . . .	55
3.2.2 Macapá . . . . .	56
3.2.3 Santana . . . . .	58
3.2.4 Mazagão . . . . .	61
3.2.5 Região Metropolitana . . . . .	63
<b>4 Modelo Proposto</b>	<b>65</b>
4.1 Modelo de Dispersão . . . . .	65
4.1.1 Difusão . . . . .	65
4.1.2 Advecção . . . . .	66
4.2 Modelos Epidemiológicos . . . . .	67
4.3 Modelo SIR Proposto . . . . .	67

4.4	Modelo SIRS Proposto . . . . .	68
<b>5</b>	<b>Formulação Numérica</b>	<b>69</b>
5.1	Método de Diferenças Finitas . . . . .	69
5.2	Discretização . . . . .	70
5.2.1	Discretização Temporal . . . . .	70
5.2.2	Discretização Espacial . . . . .	70
5.3	Discretização do Modelo SIR . . . . .	71
5.3.1	Pontos de Equilíbrio do Modelo Proposto SIR . . . . .	73
5.4	Discretização do Modelo SIRS . . . . .	74
5.4.1	Pontos de Equilíbrio do Modelo Proposto SIRS . . . . .	76
<b>6</b>	<b>Aplicações</b>	<b>79</b>
6.1	Análise do Modelo SIR Proposto . . . . .	79
6.1.1	Capital Macapá . . . . .	79
6.1.2	Santana . . . . .	81
6.1.3	Mazagão . . . . .	82
6.1.4	Região Metropolitana . . . . .	84
6.2	Análise do Modelo SIRS Proposto . . . . .	85
6.2.1	Capital Macapá . . . . .	86
6.2.2	Município de Santana . . . . .	88
6.2.3	Município de Mazagão . . . . .	90
6.2.4	Região Metropolitana . . . . .	91
<b>7</b>	<b>Conclusão e Perspectivas</b>	<b>93</b>
	<b>Referências</b>	<b>94</b>

# Introdução

No decorrer do tempo, o mundo enfrentou diversas doenças de aspecto epidemiológico, como: varíola, febre amarela, zika vírus, dengue, chikungunya, entre outras. No ano de 2019, mais especificamente no mês de novembro do mesmo ano, foi registrado um caso de infecção respiratória desconhecido, e logo depois, classificado de SARS-COV-2. O vírus pertence a uma família de vírus que teve surgimento no século XX causando síndromes respiratórias em seres humanos e animais.

A *Severe Acute Respiratory Syndrome* (SARS) causa sintomas leves e moderados, em alguns casos podendo se agravar para uma síndrome aguda grave. Segundo o Ministério da Saúde [7], a SARS-COV teve casos registrados no ano de 2002, ou seja, aproximadamente 18 anos antes de reaparecer e explodir no mundo, e apesar desse caso, o vírus chegou a contaminar 8000 mil pessoas levando 10% dessas pessoas infectadas a óbito e foi controlado no ano de 2003. Outro registro do vírus ocorreu no ano de 2012 em um país do Oriente Médio, e denominado de Middle East Respiratory Syndrome (MERS). Até o ano de 2014 foram registrados 681 casos do MERS, e de acordo com a Organização Mundial da Saúde (OMS), 29,95% foram a óbito.

Em 2020, Nogueira e Silva [19] afirmaram que os vírus são denominados de partículas aculares que contêm DNA e RNA em sua cápsula protetora. Em sua estrutura existe uma proteína denominada de Spike ou proteína S ligada a uma enzima de conversão de angiotensina tipo 2 e, dentro desta cápsula existe um parasita intracelular obrigatório, capaz de infectar animais e seres humanos. No ano de 2020, a OMS informou que o vírus da SARS-COV-2 tornou-se uma pandemia devido o aumento significativo de casos ao redor do globo [19].

Segundo Nogueira e Silva [19], foram descobertos até o fim de 2020, sete tipos de vírus da família COV capazes de infectar seres humanos, sendo Alfa-COV, HCOVS-NL63, HCOVS-229E, beta-COV-HCOVS-OC43, HCOVS-HKU1, SARS-COV e SARS-COV-2. A SARS-COV-2 possui o dígito 2, devido existirem relatos da síndrome respiratória em 2002 como informado anteriormente [19].

Segundo o Ministério da Saúde [7], a fonte de infecção do vírus é desconhecida, e ressalta que o vírus foi encontrado em camelos e morcegos no ano de 2014, levantando uma hipótese mais coerente, que SARS-COV por se assemelhar ao vírus MERS, que infectou morcegos, posteriormente camelos até atingir os Homens Sapiens. A hipótese para a origem da SARS-COV-2 acredita ser proveniente dos morcegos para um outro animal até o homem também [7].



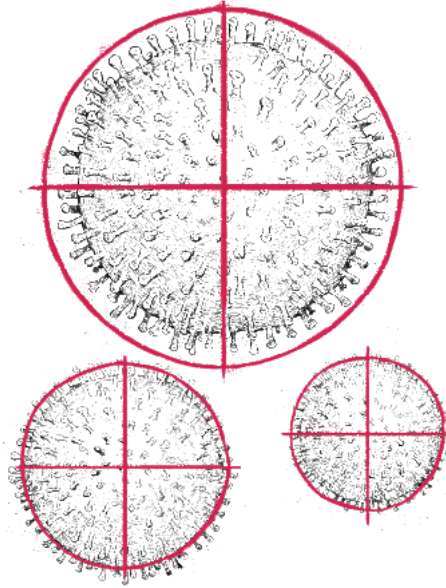


Figura 1.1: Família do vírus SARS-COV.  
Fonte: Thiago Almeida. SAÚDE é Vital.[23]

Segundo a Organização Mundial da Saúde, o vírus da SARS-COV-2 foi encontrado primeiramente em espécies de morcegos no ano de 2007, apesar do animal ter uma grande quantidade do vírus, ainda não se sabe ao certo como ocorreu essa transmissão para o ser humano. No entanto, no fim do ano de 2019, chegou ao ser humano através de hospedeiros intermediários [7].

O surto da SARS-COV-2 teve início em dezembro de 2019 na cidade de Wuhan, a cidade é menos conhecida que Pequim ou Xangai, mas é localizada no coração da China, inicialmente foram 50 pessoas que contraíram o vírus, possivelmente expostos em um mercado da cidade onde se comercializa frutos do mar, animais silvestres, entre outros. Devido algumas pessoas não terem relações epidemiológicas com o mercado, o que gerou uma possibilidade de abertura para outras infecções, sendo assim, de um hospedeiro intermediário chegou-se no homem. Com o grande número de pessoas infectadas e mortes ao redor do mundo, vários estudos se iniciaram sobre o assunto e sua propagação pelo mundo.

As pesquisas em todas as áreas, se iniciaram mundo a fora sobre o novo vírus que teve e continua tendo um aumento significativo no número de infectados e de mortes. Em sua maioria, as pesquisas abordavam de que maneira se dava a propagação e a contaminação dos indivíduos. Diante disso, um assunto que começou a ser estudado recentemente, foi a contaminação de pessoas por partículas minúsculas chamadas de aerossóis, que são mais propícias a ficarem suspensas no ar por mais tempos que partículas grandes.

Segundo Morawska [18] durante o processo respiratório as gotículas produzidas durante atividades expiratórias como fala, bocejo, espirro, soluço, tosse, entre outros, são formadas ao percorrerem vias orais e nasais do ser humano, em um processo que gera partículas líquidas pela passagem de meios gasosos a uma determinada velocidade. As partículas líquidas geradas, contém gotículas denominadas pesadas e leves. Tais gotículas expiratórias podem conter o vírus da SARS-CORV-2, chamados de bio-contaminantes dispersos no ar e podendo ser transmitidos diretamente para outras pessoas via inalação ou por contato dessa pessoa com alguma superfície contaminada por uma gotícula pesada [18].

Wells [27] realizou um experimento onde demonstram a possibilidade de transmissão de contaminantes pelo ar, utilizando uma camara, um spray e observou que as partículas

infecciosas expelidas dependem de um principal fator que era o intervalo que ficavam na atmosfera, ou seja, que as partículas ou gotículas expelidas dependendo do seu tamanho ficavam muito ou pouco tempo suspensas no ar e assim gotículas maiores eram influenciadas por seu volume, peso e gravidade, enquanto as menores atingiam uma velocidade maior permanecendo constante, tal fato segundo Wells e Stones [27], podem ser expressos pela lei de Stokes, que diz:

**Lei de Stokes:** A velocidade é proporcional à área da superfície da gotícula ou ao quadrado do seu diâmetro.

Observou-se também que as partículas infectadas suspensas no ar não permanecem por muito tempo no ar, devido sua evaporação fazendo com que o volume de gotículas mude e mude seu tamanho [27].

Beggs em um artigo de revisão em 2003 [2], alegou existir uma certa desconfiança sobre o comportamento e o papel das partículas aerossóis e os microrganismos empregados nos mesmos. No entanto, com o surto de síndrome respiratória aguda grave (SARS), e através de ferramentas numéricas e experimentais avançadas e baseando-se nisso os olhares voltaram-se para dispersão de partículas aerossóis infecciosas que percorrem o fluxo de ventilação. Beggs ainda afirma que, existe uma relação entre fluxo de ar de ventilação e a transmissão em área de infecções, ou seja, as pessoas em lugares que ocorrem infecções facilmente como hospitais por exemplo, tem como tendência o fluxo de ar que deve influenciar em um número maior de indivíduos que são infectados por partículas que se encontram suspensas no ar por mais tempo devido sua forma [26].

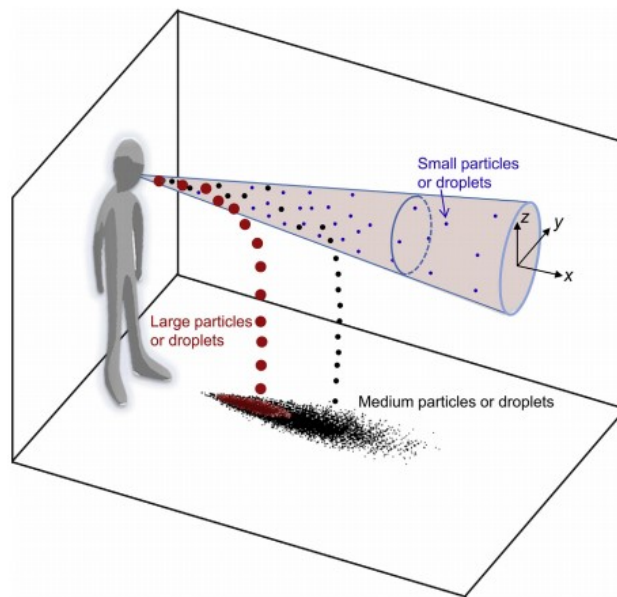


Figura 1.2: Comportamento de partículas em tosse.

Fonte: Propagação aumentada de gotículas expiratórias por turbulência em um jato de tosse.[26]

Chao [5] notou em seu experimento que partículas maiores sofrem influência da gravidade e auxiliadas pelo fluxo do ar realizaram uma descida rápida. E, ainda, que as partículas menores percorreram o fluxo do ar, se alojando de maneira vertical para cima a nível teto, baseando-se nisso, foi possível realizar e analisar os comportamentos das partículas.

De acordo com Li, Huang, Yu Wong e Qian [14] a transmissão da síndrome respiratória aguda grave (SARS) pode ocorrer por gotículas de bioaerosol ou contatos pessoais diretos. Utilizando simulações de dinâmicas de fluidos computacional para analisar a dispersão do

bioaerosol em um hospital durante um surto de SARS nosocomial em Hong Kong em 2003, a concentração de partículas na enfermaria obedecia um padrão de infecção espacial dos casos da SARS ([14], [10]).

Segundo Celline [4] a dinâmica de partículas e a influência dos sistemas de ventilação dos aerossóis, apesar de ser um estudo que ainda requer um grau de pesquisa mais elevado, sendo que são desconhecidos esse mecanismo de propagação dessas partículas expiratórias. Existe uma preocupação em torno e sobre dispersão de partículas contaminadas, sabemos que o novo vírus da SARS-COV-2 pode ser transmitido por meio de partículas respiratórias geradas em contato entre as pessoas, entretanto, temos minúsculas gotículas de saliva, e partículas ainda menores que são chamadas de aerossóis. Eles não são vistos e são bem leves, e essas partículas percorrem distâncias maiores e podendo ultrapassar por frestas das máscaras sem vedação adequada ([4], [25]).

Celline [4] diz que a dispersão de gotículas no ar ao serem expostas no ambiente sofrem processos físicos e químicos, que modificam a composição química inicial dessa partícula. A sua característica física e a sua concentração no ar, isto é, podendo demorar menos tempo do que poderia se estivesse no seu estado inicial, isso atua diretamente no tipo de partícula que se tornará. Algumas partículas devido essas alterações podem sofrer coagulação por estarem suspensas no ar, o que formam partículas maiores alterando sua velocidade e sua trajetória.

Chen, Zhang, Wei, Hui-Ling e Li [6] afirmaram que a maneira mais conhecida de transmissão de um vírus é a direta de pessoa para pessoa por meio de respiração. Através disso, uma pessoa doente libera gotículas respiratórias, por meio de tosse, espirro ou fala. Essas gotículas podem alcançar outra pessoa por meio do ar, caindo no chão ou em alguma superfície, ou seja, essas gotículas não ficam suspensas no ar por conta de serem pesadas ([6], [12]).

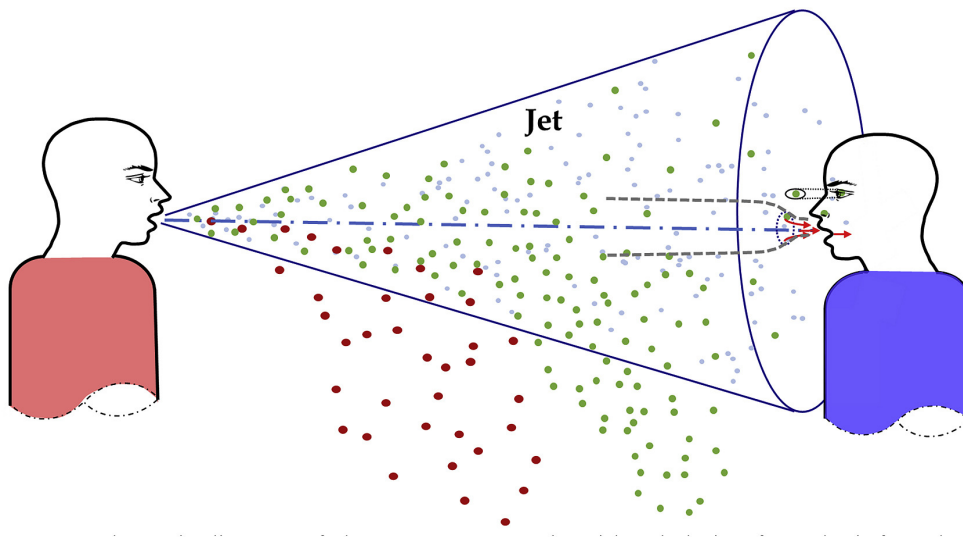


Figura 1.3: Dispersão de partículas em conversas.

Fonte: A área da rota de curto alcance dominante de exposição à infecção respiratória durante o contato.[28]

Wenzhao, Zhang, Wei, Yen, Li [28] afirmam que as pequenas gotículas fazem a transição das condições quentes e úmidas do sistema respiratório para o ambiente externo mais frio e seco, evaporam e formam partículas residuais de gotículas originais. Essas pequenas partículas residuais são denominadas como núcleo de gotículas ou aerossóis. Quando expiramos, no caminho gotículas de todos os tamanhos se acomodam ou evaporam isso

depende não apenas do seu tamanho, mas também do grau de turbulência e velocidade da nuvem de partículas [28].

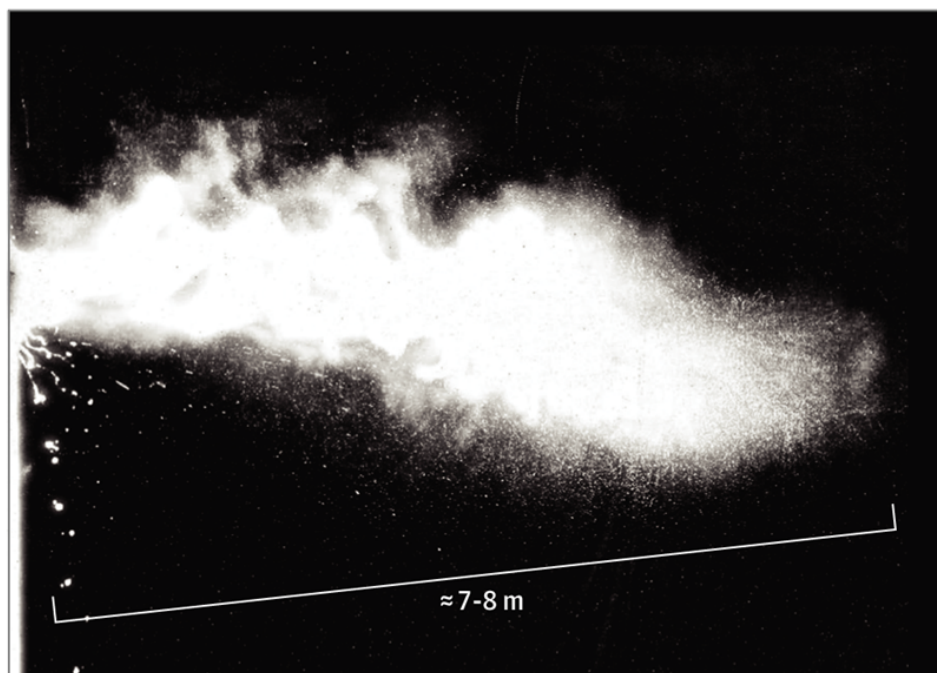


Figura 1.4: Nuvem de partículas.

Fonte: Nuvens de gás turbulentas e implicações potenciais de emissões de patógenos respiratórios para a redução da transmissão de COVID-19.[3]

Segundo Duguid [8] deve-se levar em consideração o ambiente, temperatura e fluxo do ar, algumas gotículas podem permanecer suspensas no ar por horas, podendo seguir o fluxo do ar imposto por um sistema de ventilação, seja natural ou qualquer outro meio de ventilação que venha a ter no ambiente. Partículas consideradas respiráveis, são partículas sólidas ou líquidas cujo diâmetro é inferior a  $10\mu m$ , devido sua facilidade de permanecer suspensas no ar por mais tempo e podermos contaminar pessoas expostas. As atividades físicas podem gerar milhares de centenas de partículas polidispersas, sendo em sua maioria de um tamanho médio de  $2\mu m$  e  $100\mu m$ , e a maior quantidade entre  $4\mu m$  e  $100\mu m$  [8].

O vírus da SARS-COV-2 ou COVID-19 apresenta uma alta taxa de infecção entre os seres humanos, e vem massacrando o mundo atualmente. No Brasil, os números ultrapassaram de 21 milhões de registros de pessoas infectadas e a marca de 590 mil pessoas que foram a óbito até outubro de 2021, com uma taxa de um pouco mais de 35% de letalidade. O Estado do Mato Grosso liderava o número de mortes até o mês de setembro de 2021, quando relacionado a 100 mil habitantes. Agora em Novembro de 2021, o Estado de Roraima passou a liderar o número de casos confirmados por 100 mil habitantes. E o Estado do Amapá é o 6º em número de casos confirmados por 100 mil habitantes, e o 19º em mortes por 100 mil habitantes até Novembro de 2021.

A investigação dos modelos matemáticos epidemiológicos SIR e SIRS apresentada neste trabalho, tem como objetivo observar e compreender a contaminação de pessoas verificando sua dispersão populacional e a disseminação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá localizada na região norte do Brasil.

O Estado do Amapá está localizado na região norte do Brasil, possui segundo o (Fórum Nacional de Entidades Metropolitanas, 2018) uma população estimada em 861.773 habitantes em um total de 16 municípios. A região metropolitana é composta por: Macapá (capital), Santana e Mazagão, essas regiões ainda segundo o (FNEM, 2018) constitui

76,49% da população do Estado, tais municípios possuem fronteiras entre si e devido suas localizações, utiliza-se o modelo e suas aproximações para analisar o comportamento de contaminação pelo vírus SARS-COV-2 na região metropolitana do Estado do Amapá [13].

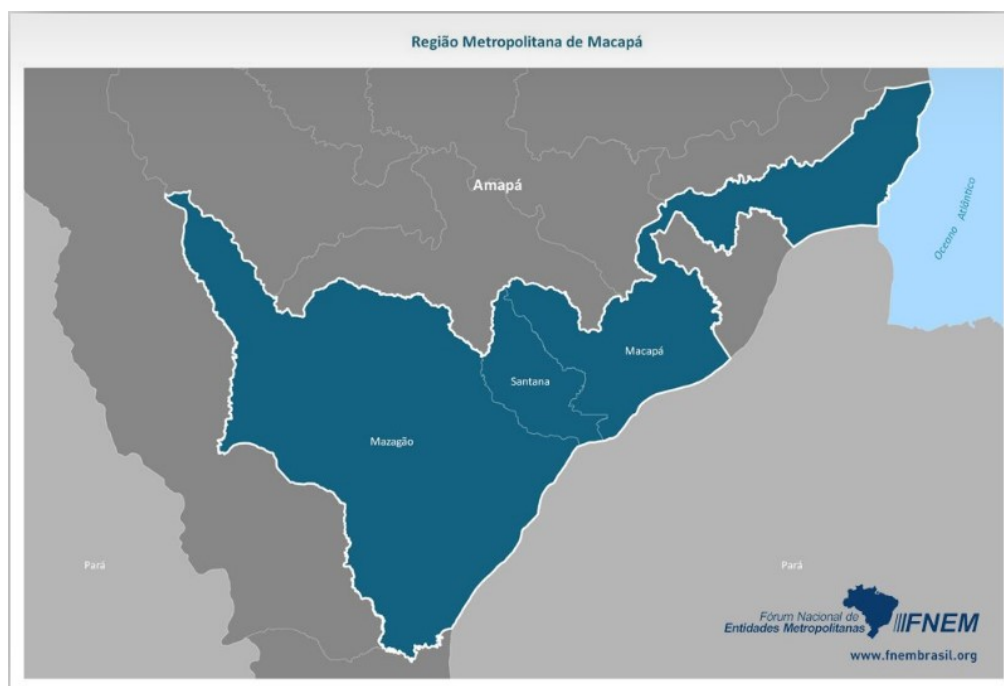


Figura 1.5: Mapa da região metropolitana do Estado do Amapá.

Fonte: FNEM

O Estado é cortado pela linha do Equador e tem a maior parte de sua área coberta pela Floresta Amazônica, sendo 73% de todo seu território, e é situado a beira do Rio Amazonas considerado o maior rio do mundo. Tem como principais características econômicas o extrativismo mineral e vegetal. O clima no Amapá é conhecido como equatorial devido as altas temperaturas, principalmente no período do verão podendo chegar em  $39^{\circ}\text{C}$ . A região vem sofrendo com a propagação do vírus da SARS-COV-2 desde o seu primeiro caso confirmado no dia 20 de março de 2020, do qual tratava-se de uma mulher. Desde então, os números de casos confirmados de infectados ultrapassaram os 117.188 no dia 31 de junho de 2021.

# Modelagem Matemática

Na área das ciências aplicadas, um modelo científico que envolve uma formalidade matemática para descrever situações de previsão, variável, parâmetros, entre outros é denominado de modelo matemático e torna-se uma ferramenta fundamental para estudos em que se pode obter resultados significativos por meio da modelagem [1].

## 2.1 Modelos Epidemiológicos

Neste capítulo apresentamos dois modelos epidemiológicos compartimentais visando a compreensão de como ocorre a propagação do vírus da SARS-COV-2.

A modelagem matemática tem sua importância devido ser uma área matemática conhecida por criações de modelos que estuda fenômenos naturais, como por exemplo, controle de pragas em um determinado plantio, criação de peixes em tanques, criação de gados, controle biológico e epidemiológico [21].

### 2.1.1 Modelo SIR

As equações deste modelo podem ser derivadas do famoso modelo epidemiológico de Kermack-McKendrick, denominado SIR (Suscetível- Infectados- Recuperados), que foi realizado por Kermack e McKendrick em 1927, muito utilizado em modelagem de dinâmicas de transmissão de doenças infecciosas. [22].

O estudo de epidemias possui uma característica fundamental, sendo a determinação de um fator que explique a magnitude da doença e sua propagação na população. O modelo SIR propõe um sentido mais geral em relação a pessoa infectada com a SARS-COV-2, ou seja, essa pessoa é introduzida em uma população de suscetíveis (S), e isso gerou uma rede onde a pessoa que está infectada transmite a doença para uma pessoa não infectada (susceptível) e fazendo com o que ocorresse a disseminação do vírus da SARS-COV-2. Nesse contexto, a população de suscetíveis tende a diminuir com o decorrer do tempo. Em uma grande população e no cenário de pandemia as populações tendem a permanecer constante [16].

Neste modelo epidemiológico a taxa de incidência ou crescimento é obtida através de novos infectados por unidade de tempo  $t$ . A taxa de crescimento  $\beta$  é proporcional ao produto entre o número de suscetíveis (S) e infectados (I), essa taxa  $\beta$  é denominada de ação em massa ou crescimento bilinear. No início da pandemia, a população não fez uso de precauções contra o vírus da SARS-COV-2, desse modo, com o decorrer do tempo  $t$  a taxa  $\beta$  torna-se um pouco falsa, pois a OMS começa a solicitar que as populações

comecem a utilizar as medidas de segurança contra o vírus permitindo uma diminuição da taxa de crescimento  $\beta$ , no entanto, a taxa tende a continuar aumentando, pois as pessoas continuam a se infectar [20]. O modelo SIR supõe uma população dividida de três maneiras, que vamos nomear como

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{Suscetíveis} \rightarrow S \\ \text{Infectados} \rightarrow I \\ \text{Recuperados} \rightarrow R \end{array} \right.$$

Neste modelo temos uma suposição de que a latência é muito próxima de zero, considerando os indivíduos suscetíveis, o modelo SIR é dado por

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N_h}, \quad (2.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I, \quad (2.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I. \quad (2.3)$$

O parâmetro  $\gamma$  seria clínico, equivalente ao inverso do tempo de infecção, isto é,

$$\gamma = \frac{1}{T_{inf}}. \quad (2.4)$$

Um outro parâmetro importante é  $N_h$  que corresponde ao número de habitantes, ou seja,

$$N_h = S + I + R. \quad (2.5)$$

Este modelo inicial não leva em consideração mortalidade por causas naturais e natalidade, onde

- $\beta$  é a taxa de infecção, neste caso, o vírus SARS-COV-2.
- $\gamma$  é a taxa de recuperação dos indivíduos infectados.

Nesse caso, deve-se levar em consideração o índice de reprodução basal, definido como sendo a taxa de crescimento vezes o tempo de infecção para  $S = S_0 = N_h$  e  $I = T_0$  no tempo inicial  $t_0$ . Logo, observe que o modelo SIR divide a população em três populações ou classes, cada população determina o estado atual da doença nos indivíduos da sociedade. Sendo assim, cada indivíduo pode pertencer apenas em uma das populações por unidade de tempo. As populações mudam em relação ao tempo, logo são funções dependentes do tempo  $t$ . No entanto, as populações estão uniformemente distribuídas, da seguinte forma

$$S(t) + I(t) + R(t) = N_h = 1. \quad (2.6)$$

O que implica em

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0. \quad (2.7)$$

Na escolha da unidade tempo para o modelo SIR, tem-se dias, horas, meses ou anos. O importante é que seja escolhido desde que as populações não se altere muito durante a unidade escolhida, e seja suficientemente grande para não alterar os parâmetros  $\beta$  e  $\gamma$ .

### 2.1.2 Intensidade de Infecção

No modelo SIR proposto tem-se dois parâmetros relevantes, a intensidade da infecção, ou seja, como se propaga o vírus e com que velocidade segue seu curso, e o índice de reprodução básica ou basal, que determinará o crescimento, equilíbrio e decrescimento da pandemia [9].

A intensidade da infecção determina o grau do risco de um indivíduo pertencente a população de suscetível se tornar infectado, ou seja, até quantas pessoas um indivíduo com o vírus pode infectar [24]. Como  $N_h$  é o total de habitantes, sabe-se que  $\beta$  é a taxa de crescimento, de maneira que, determina a passagem de uma população  $S(t)$  para a população  $I(t)$ , então a fração de indivíduos infectados é dada por

$$\frac{I(t)}{N_h(t)}. \quad (2.8)$$

Assim,

$$\frac{\beta SI}{N_h}. \quad (2.9)$$

A equação (2.10) representa o número de contatos que se infectaram no tempo  $t$  e tem-se que

$$\varpi = \frac{\beta I(t)}{N_h}, \quad (2.10)$$

denomina-se intensidade de infecção do vírus SARS-COV-2.

### 2.1.3 Reprodução Basal $R_0$

O modelo SIR é dividido em três populações, sendo que  $R_0$  é um parâmetro adimensional importante para este modelo, e é denominado de número básico reprodutivo ou reprodução basal, definido como sendo a taxa de crescimento vezes o tempo de infecção [9], dado por

$$R_0 = \beta T_{inf} = \frac{\beta}{\gamma}. \quad (2.11)$$

E, ainda, podendo ser entendido como a média de pessoas (em  $S$ ) que uma pessoa infectada (em  $I$ ) contamina uma outra. Para  $S = S_0 = N_h$  e  $I = T_0$  no tempo inicial  $t_0$ . Logo, observe que a equação (2.1) pode ser reescrita como

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I.$$

Utilizando  $R_0$ , tem-se,

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = \left( R_0 \frac{S}{N_h} - 1 \right) \gamma I.$$

E, como  $\frac{\beta S}{N_h} - \gamma$  é uma função contínua em  $t$ , logo aplicando a integral em ambos os lados, e resolvendo por variáveis separáveis é equivalente à equação

$$\int_{I(0)}^I \frac{dI}{dt} = \int_0^t \left( \frac{\beta S}{N_h} - \gamma \right).$$

Realizando as manipulações algébricas, tem-se que

$$\ln \frac{I}{I(0)} = \int_0^t \left( \frac{\beta S}{N_h} \gamma \right).$$



Logo,

$$I = I(0)e^{\int_0^t \left( \frac{\beta S}{N_h} - \gamma \right) du}.$$

Realizando os devidos cálculos, obtém-se que a solução do PVI é dada por

$$I = e^{(\beta-\gamma)t} I_0, \quad (2.12)$$

considerando

$$I(t) \geq 0 \Leftrightarrow I_0 = I(0) \geq 0.$$

**Proposição 1** *É possível utilizar o modelo SIR sem taxas vitais [20].*

**Demonstração:**

Inicialmente, note que,

$$\frac{dS}{dt} < 0 \quad \text{e} \quad \frac{dR}{dt} > 0.$$

Implica dizer que,  $S(t)$  é uma função decrescente, devido o fato de sempre ter um indivíduo suscetível se infectando. E, conseqüentemente,  $R(t)$  é uma função crescente, uma vez que temos um indivíduo suscetível se infectando ao longo do tempo  $t$ , podemos ter um recuperado. Tomando o tempo inicial, tem-se,

$$0 \leq S(t) \leq S(0) \quad \text{e} \quad 0 \leq R(0) \leq R(t).$$

Daí, como de (2.5),

$$S(t) + I(t) + R(t) = N_0.$$

Para um  $t$  suficientemente grande, implica dizer que,

$$S(\infty) + I(\infty) + R(\infty) = N_0.$$

Logo,

$$I(t) = N(0) - S(\infty) - R(\infty), \quad (2.13)$$

ou seja, conforme  $t$  aumenta,  $S$  vai decrescendo e  $R$  vai crescendo até o momento em que a doença desaparece, portanto, é possível determinar taxas para  $t$  suficientemente grande.

**Proposição 2** *A doença irá desaparecer, ou seja, todas as condições iniciais levam  $I(\infty) = 0$ , caso contrário para  $t$  suficientemente grande, tem-se*

$$R'(t) > \frac{\gamma I(\infty)}{2}.$$

**Demonstração:**

Tomando  $I(\infty) = 0$ , de fato caso  $I(\infty) \neq 0$  então deve existir um  $\eta$ , tal que

$$0 < I(\infty) < 2\eta.$$

Daí,

$$0 < \frac{\gamma I(\infty)}{2} < \gamma\eta.$$

Da propriedade anterior  $I(t) < I(\infty)$ , tem-se que

$$\frac{\gamma I(\infty)}{2} < \frac{\gamma I}{2}.$$

Logo, sabendo que,

$$R'(t) = \gamma I(t).$$

Implica dizer que,

$$\frac{\gamma I(\infty)}{2} < \frac{\gamma I}{2} < R'(t).$$

Portanto,

$$R'(t) > \frac{\gamma I(\infty)}{2},$$

para  $t$  suficientemente grande e, portanto, é uma contradição, pois  $R(\infty) = 0$  [20].

**Teorema 1** *Segue*

- Se  $R_0 < 1$ , então  $I(t)$  decresce monotonicamente para zero em  $t$  tendendo ao infinito (com taxa exponencial).
- Se  $R_0 > 1$ , então  $I(t)$  começa a crescer, atinge seu máximo e então decresce para  $t$  tendendo ao infinito.
- $R = 1$ , então  $t$  tende ao infinito e  $I(t)$  decresce para zero [9].

**Demonstração 1:** Se  $R_0 < 1$ , então  $I(t)$  decresce monotonicamente para zero em  $t$  tendendo ao infinito (com taxa exponencial). Seja

$$\frac{dS}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h}.$$

Sendo  $S(t) < S(0)$  da propriedade 1 e tomando  $R_0 < 1$ , tem-se que

$$I(t) = N(0) - S(t) - R(t).$$

Daí, como  $S'(t) < 0$  é decrescente e  $R_0 < 1$ , então

$$I'(t) = N(0) - S'(t) - R'(t) \leq I(t) = N(0) - S(0) - R(t) < 0.$$

Logo,

$$I'(t) = \frac{\beta S(0)I}{N_h} - \gamma I(t) < 0,$$

$$I'(t) = \left( \frac{R_0 S(0)}{N_h} - 1 \right) \gamma I(t) < 0.$$

Note que

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = \left( R_0 \frac{S}{N_h} - 1 \right) \gamma I.$$

E, ainda, como  $R_0 \frac{S}{N_h} - \gamma$  é contínua, então utilizando a condição inicial de  $I$ , aplicando a integral e resolvendo, tem-se

$$\int_{I(0)}^I \frac{dI}{dt} = \int_0^t \left( \frac{R_0 S}{N_h} - \gamma \right) du.$$

Seguindo com as devidas manipulações algébricas,

$$\ln \frac{I}{I(0)} = \int_0^t \left( \frac{R_0 S}{N_h} - \gamma \right) du.$$

Assim,

$$I = I(0)e^{\int_0^t \left( \frac{R_0 S}{N_h} - \gamma \right) du}.$$

Realizando os devidos cálculos, obtém-se

$$I = e^{(R_0 - \gamma)t} I_0.$$

Analisando, observe que

$$\left( \frac{\beta S(0)}{N_h} - \gamma \right) < 0.$$

Tomando  $S \approx 1$ , então

$$\left( \frac{\beta S(0)}{N_h} - \gamma \right) < 0,$$

ou ainda,

$$\beta < \gamma.$$

A taxa de recuperados é maior que a taxa de crescimento ou contaminados. Assim, a epidemia já atingiu seu máximo, ou seja, o número de infectados pode ter atingido seu máximo e a pandemia está chegando ao fim, e sabendo que

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}.$$

Daí,

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = \left( R_0 \frac{S}{N_h} - 1 \right) \gamma I, \\ \left( R_{(0)} \frac{SI}{N_h} - 1 \right) &< 0. \end{aligned}$$

Tomando  $S \approx 1$ , é equivalente a

$$R_{(0)} < 1,$$

com  $R_0 < 1$ , então  $I$  decresce e a epidemia será extinta de maneira que  $I = 0$  quando  $t$  tende ao infinito [20].

**Demonstração 2:**  $R_0 > 1$ , então  $I(t)$  começa a crescer, atinge seu máximo e então decresce para  $t$  tendendo ao infinito. Seja

$$\frac{dS}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h}.$$

Sendo  $S(t) < S(0)$  da propriedade 1 e tomando  $R_0 > 1$ , tem-se que

$$I(t) = N(0) - S(t) - R(t).$$

Daí, como  $S'(t) < 0$  é decrescente e  $R_0 > 1$ , então

$$I'(t) = N(0) - S'(t) - R'(t) \geq I(t) = N(0) - S(0) - R(t) \geq 0.$$

Logo,

$$I'(t) = \left( \frac{R_0 S(0)}{N_h} - 1 \right) \gamma I(t) \geq 0.$$

Daí, observe que em  $t = 0$  e  $S \approx 1$ , tem-se,

$$R_0 > 1,$$

E, ainda que,

$$\frac{dI}{dt} > 0 \quad \text{e} \quad \frac{S}{N_h} < \frac{1}{R_0},$$

ou seja, a derivada temporal dos infectados atingiu seu máximo e se anula, denominando imunidade de rebanho. E, utilizando a propriedade 2, implica dizer que

$$R'(t) > \frac{\gamma I(\infty)}{2}.$$

Daí

$$2R'(t) > \gamma I(\infty).$$

Portanto, quando  $t$  tende ao infinito, ou seja, a um número suficientemente grande, temos duas vezes mais recuperados e  $I(\infty) = 0$ . Assim,

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I.$$

De modo análogo ao anterior, implica que

$$\left( \frac{\beta S(0)}{N_h} - \gamma \right) > 0,$$

ou ainda,

$$\beta > \gamma.$$

A taxa de crescimento  $\beta$  é maior que a taxa de recuperados  $\gamma$ , então o vírus está infectando mais pessoas, pois  $S$  está decrescendo, e mais, com

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}.$$

Assim,

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = \left( R_0 \frac{S}{N_h} - 1 \right) \gamma I > 0, \\ \left( R_{(0)} \frac{SI}{N_h} - 1 \right) &> 0. \end{aligned}$$

Tomando  $S \approx 1$ , obtém-se

$$R_{(0)} > 1.$$

Observe que  $R_0 > 1$ , então  $I(t)$  tem um valor positivo para indivíduos infectados e, assim, deve existir um ponto de equilíbrio que denominamos de ponto endêmico, pois atinge uma população específica, nesse caso de suscetíveis.

**Demonstração 3:**  $R = 1$  então  $t$  tende ao infinito e  $I(t)$  decresce para zero.

Observe que

$$I'(t) = \left( \frac{R_0 S(0)}{N_h} - \gamma \right) I(t) \leq 0.$$

Daí,

$$\frac{S}{N_h} = \frac{1}{R_0}.$$

O que implica dizer que  $I = 0$ , utilizando a propriedade 2, tem-se

$$R'(t) > \frac{\gamma I(0)}{2}.$$

Se  $R = 1$  então  $R = N$ . Um resultado importante, é  $\frac{dS}{dR}$ , nota-se que

$$\frac{dS}{dR} = \frac{\frac{\beta SI}{N_h}}{\gamma I} = \frac{\beta S}{\gamma N_h}.$$

Realizando as manipulações algébricas, é equivalente a

$$R = \frac{\gamma}{\beta}(-\ln S + c).$$

Como  $c$  é uma constante de integração e das condições iniciais, implica que

$$R = \frac{\gamma}{\beta} \ln \left( \frac{S(0)}{S} \right).$$

Quando  $t$  tende ao infinito,  $S(t)$  tende a zero e  $R(t)$  tende ao número total de habitantes, o que implica dizer que  $R > 1$  o número de infectados aumenta e suscetíveis diminui, fazendo com que a epidemia seja extinta.

### 2.1.4 Pontos de Equilíbrio do Modelo SIR

O estudo de pontos de equilíbrio para um determinado modelo científico, tem como objetivo estudar o comportamento nesse caso do vírus da SARS-COV-2 em uma determinada população. Para os pontos de equilíbrio do modelo SIR, note que da equação (2.7), pode reescrever  $R$  como

$$S(t) + I(t) + R(t) = N_h = 1. \quad (2.14)$$

O que implica em

$$R = N_h - S - I(t). \quad (2.15)$$

Utilizando um sistema bidimensional de equações dado por

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N_h}, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I. \end{cases}$$

A partir desse sistema encontra-se os pontos de equilíbrio do modelo SIR. Dizer que o modelo SIR possui pontos de equilíbrio, é dizer que os valores da população  $S$  e  $I$  são nulos, ou seja,  $S = 0$  e  $I = 0$  [17]. Assim,

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N_h} = 0, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = 0. \end{cases}$$

Caso  $R \leq 1$ , existe um ponto de equilíbrio chamado de livre da doença  $e_0 = (N_h, 0)$ , onde a doença poderá chegar ao fim. Sendo assim, utilizando a segunda equação do modelo SIR, então

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = 0.$$

Logo,  $I = 0$  ou

$$\frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = 0.$$

Implica que

$$\frac{\beta SI}{N_h} = \gamma I.$$

Daí

$$\beta SI = N_h \gamma I \Rightarrow S = \frac{N_h \gamma}{\beta}.$$

Logo, substituindo na equação  $S$ , obtém-se que

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta \frac{N_h \gamma}{\beta} I}{N_h} = -\gamma I = 0. \quad (2.16)$$

Portanto,  $I = 0$ , logo o ponto de equilíbrio do modelo SIR  $e_1 = (N_h, 0)$ . Como  $I = 0$ , ou seja, não há infectados. Torna-se trivial que não tem doença ou a doença chegará ao fim. No entanto, considerando que  $S = \frac{N_h \gamma}{\beta} = \frac{N_h}{R_0}$ , substituindo na primeira equação do modelo,

$$-\frac{\beta SI}{N_h} = 0.$$

Logo, vale ressaltar que a reprodutividade basal é dada por

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}.$$

Sendo assim,

$$-\beta \left( \frac{N_h}{R_0} \right) I = N_h I \Rightarrow N_h I = \frac{R_0 N_h}{-\beta}.$$

Logo,

$$I = \frac{R_0}{-\beta}.$$

Portanto, há um segundo ponto de equilíbrio denominado de

$$e_1 = \left( \frac{N_h}{R_0}, \frac{R_0}{-\beta} \right).$$

Observe que  $R_0 > 1$ , então  $I(t)$  tem um valor positivo para indivíduos infectados, e assim, deve existir um ponto de equilíbrio denominado de ponto endêmico, pois atinge uma população específica, nesse caso de suscetíveis. Sendo assim, a estabilidade do modelo SIR por meio de seus pontos de equilíbrio é estudada [22].

### 2.1.5 Estabilidade do Modelo SIR

O estudo da estabilidade do modelo SIR é realizado com base em seus pontos de equilíbrio, ou seja,

$$e_1 = \left( N_h, 0 \right),$$

$$e_2 = \left( \frac{N_h}{R_0}, \frac{R_0}{-\beta} \right).$$

Um ponto de equilíbrio é denominado estável em um sistema de equações, se todos os autovalores da matriz Jacobiana possuem valor em módulo menor que 1. Então com o auxílio dos autovalores, que são obtidos do sistema bidimensional [4]. Seja  $S = f_1(S, I)$  e  $I = f_2(S, I)$ , substituindo no sistema, tem-se

$$\begin{cases} S = f_1(S, I) = -\frac{\beta SI}{N_h} = 0, \\ I = f_2(S, I) = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = 0. \end{cases}$$

Considerando a matriz Jacobiana  $J(\text{SIR})$  dada por

$$J_{\text{SIR}} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} \end{bmatrix}.$$

Realizando os cálculos para obtenção dos coeficientes da matriz Jacobiana, tem-se

$$\begin{aligned} \frac{\partial f_1}{\partial S} &= -\frac{\beta I}{N_h}, & \frac{\partial f_1}{\partial I} &= -\frac{\beta S}{N_h}, \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} &= \frac{\beta I}{N_h}, & \frac{\partial f_2}{\partial I} &= \frac{\beta S}{N_h} - \gamma. \end{aligned}$$

Assim, a matriz Jacobiana do modelo SIR é equivalente a

$$J_{\text{SIR}} = \begin{bmatrix} -\frac{\beta I}{N_h} & -\frac{\beta S}{N_h} \\ \frac{\beta I}{N_h} & \frac{\beta S}{N_h} - \gamma \end{bmatrix}.$$

Iniciando o estudo da estabilidade pelo ponto  $e_1 = (N_h, 0)$ .

- $e_1 = (N_h, 0)$

Note que o ponto de equilíbrio trivial atribuí que  $S = N_h$  e  $I = 0$ , logo a matriz Jacobiana é atribuída por

$$J_{\text{SIR}} = \begin{bmatrix} -\frac{\beta I}{N_h} & -\frac{\beta S}{N_h} \\ \frac{\beta I}{N_h} & \frac{\beta S}{N_h} - \gamma \end{bmatrix}.$$

Substituindo os valores de  $S$  e  $I$  na matriz, obtém-se

$$J_{\text{SIR}} = \begin{bmatrix} 0 & -\beta \\ 0 & \beta - \gamma \end{bmatrix}.$$

Observe que existe um zero em cada diagonal, logo o polinômio característico  $\det(J - \lambda I)$  é equivalente a

$$\det \left( J_{\text{SIR}} = \begin{bmatrix} 0 & -\beta \\ 0 & \beta - \gamma \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix} \right) = 0.$$

Então,

$$\det \left( J_{\text{SIR}} = \begin{bmatrix} \lambda & -\beta \\ 0 & \beta - \gamma - \lambda \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix} \right) = 0.$$

Resultando em

$$\det \left( J_{\text{SIR}} = \begin{bmatrix} \lambda & -\beta \\ 0 & \beta - \gamma - \lambda \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{bmatrix} \right) = \lambda(\beta - \gamma - \lambda). \quad (2.17)$$

Logo, os autovalores da matriz Jacobiana são

$$\lambda_1 = 0 \quad \text{e} \quad \lambda_2 = \beta - \gamma.$$

Sabendo que o módulo dos autovalores devem ser menores que um, e que  $\lambda_1$  é igual a zero, então  $\|\lambda_1\| < 1$ , e por hipótese

$$\lambda_2 = \beta - \gamma < 0 \Rightarrow \beta - \gamma < 0.$$

Somando 1 em ambos os lados, tem-se que

$$\beta - \gamma + 1 < 1.$$

Logo,  $\lambda_2 < 2$ , no entanto, como

$$0 < \gamma < 1 \quad \text{e} \quad \beta > 0.$$

Portanto,

$$\beta - \gamma > -1 + \gamma \Rightarrow \lambda_2 > \beta > 0,$$

como  $\lambda_2 > 1$  em módulo,  $e_1$  é dito localmente instável.

- $e_2 = \left( \frac{N_h}{R_0}, \frac{R_0}{-\beta} \right)$

Utilizando a matriz Jacobiana encontrada anteriormente, note que o ponto de equilíbrio determina que  $S = \frac{N_h}{R_0}$  e  $I = \frac{R_0}{-\beta}$ . Assim, a matriz Jacobiana é dada por

$$J_{SIR} = \begin{bmatrix} -\frac{\beta I}{N_h} & -\frac{\beta S}{N_h} \\ \frac{\beta I}{N_h} & \frac{\beta S}{N_h} - \gamma \end{bmatrix}.$$

Substituindo os valores de  $S$  e  $I$  na matriz, tem-se

$$J_{SIR} = \begin{bmatrix} \beta \frac{R_0}{-\beta} & \beta \frac{N_h}{R_0} \\ -\frac{N_h}{N_h} & -\frac{N_h}{N_h} \\ \beta \frac{R_0}{-\beta} & \beta \frac{N_h}{R_0} - \gamma \end{bmatrix}.$$

Realizando as simplificações obtém-se

$$J_{SIR} = \begin{bmatrix} -\frac{R_0}{N_h} & -\beta R_0 \\ -\frac{R_0}{N_h} & \gamma(N_h - 1) \end{bmatrix}.$$

Assim, de maneira análoga ao cálculo de  $e_1$  e utilizando o polinômio característico  $\det(J - \epsilon I) = 0$ , obtém-se

$$\det \left( J_{SIR} - \begin{bmatrix} \epsilon & 0 \\ 0 & \epsilon \end{bmatrix} \right) = 0. \quad (2.18)$$



O que implica em

$$\det \left( J_{SIR} = \begin{bmatrix} -\frac{R_0}{N_h} & -\beta R_0 \\ -\frac{R_0}{N_h} & \gamma(N_h - 1) \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \epsilon & 0 \\ 0 & \epsilon \end{bmatrix} \right) = \left[ \left( \frac{R_0}{N_h} - \epsilon \right) \left( \gamma(N_h - 1) - \epsilon \right) + \left( -\frac{\beta R_0^2}{N_h} \right) \right] = 0. \quad (2.19)$$

Considerando  $N_h = 1$ , tem-se

$$(R_0 - \epsilon)(-\epsilon) + \beta R_0^2 = 0. \quad (2.20)$$

Logo,

$$-\epsilon^2 - \epsilon R_0 + \beta R_0^2 = 0. \quad (2.21)$$

Agora, analisando o comportamento de  $R_0$  que é a reprodução básica, observe que se  $R_0 > 1$  e como  $0 < \beta < 1$ , então o ponto é localmente estável, pois  $\|\epsilon_1\| < 1$  e  $\|\epsilon_2\| < 1$ . No entanto, caso  $R_0 < 1$  então o ponto se torna inexistente. Com base nessa estabilidade estudada no modelo SIR, pode-se analisar como ocorre a propagação do vírus em relação a sua estabilidade ou instabilidade em um meio social, da qual a população toda está suscetível ao vírus da SARS-COV-2. No entanto, existe doença onde a população de suscetível não cria uma imunidade contra o vírus, nesse caso adapta-se o modelo SIR para o modelo SIRS que estuda a doença da qual parte da população de recuperados retorna para a população de suscetíveis [24].

### 2.1.6 Simulações

A investigação dos pontos de equilíbrio do modelo SIR e seus comportamentos podem ser observados através da implementação com o auxílio da ferramenta computacional MATLAB. As simulações com parâmetros  $N_h = 10$  apresentadas demonstram graficamente como se comportam os pontos de equilíbrio do modelo.

A Figura 2.1 descreve o ponto de equilíbrio endêmico para uma população pequena de pessoas suscetíveis ao vírus com o objetivo de mostrar o comportamento de cada população representada por suas curvas. Nota-se que as curvas tendem a se encontrar em determinado momento, para tal simulação utilizou-se uma população de suscetíveis de 10 pessoas com uma pessoa infectada introduzida em  $S$ , e com os parâmetros  $\gamma = 2$  e  $\beta = 5.2$  em um tempo decorrido de 10 dias, atribuindo assim um  $R_0 = 2.60$ , ou seja, maior que 1 indicando o avanço da doença.

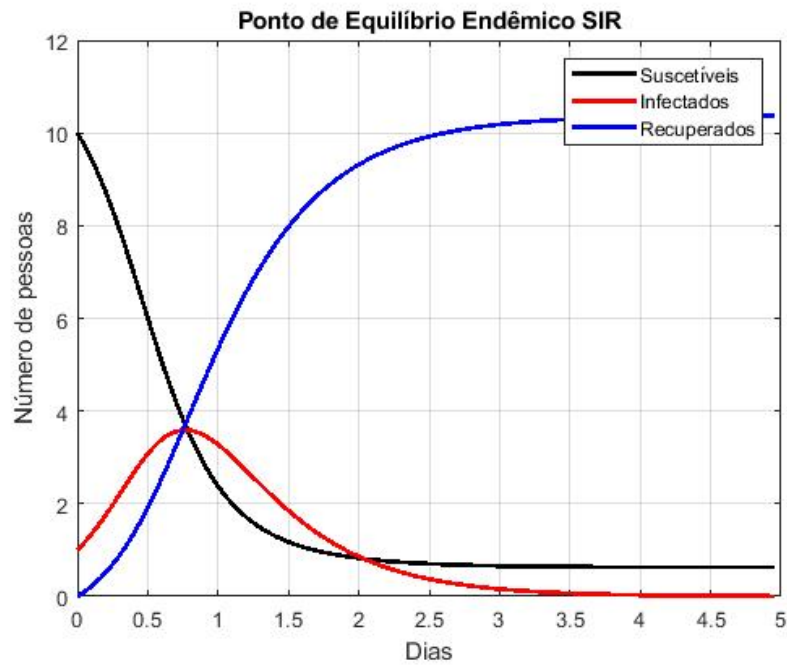


Figura 2.1: Ponto de equilíbrio endêmico.

Note que a Figura 2.2 mostra o comportamento das curvas no ponto de equilíbrio, sendo que a população toda se infectou e não existe mais ameaça para a população, esse fato é denominado de imunidade de rebanho. Nota-se que a curva de infectados tende a zero, e os parâmetros para a simulação desse ponto foram de 10 pessoas suscetíveis, 3 infectadas, com  $\gamma = 1.2$  e  $\beta = 0.2$ . Neste caso,  $R_0 = 0.17 < 1$ , o que implica em uma redução do potencial avançado da doença como mostrado no Teorema 1.

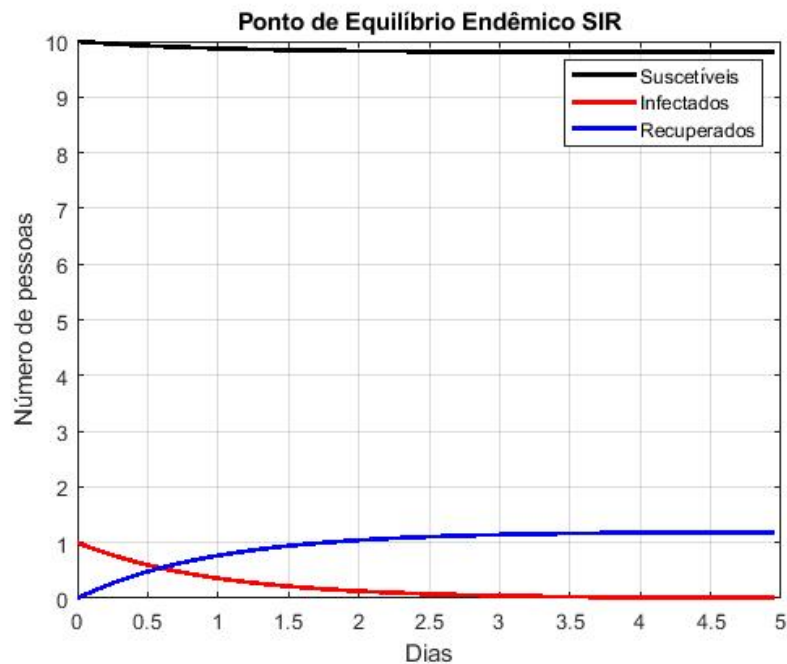


Figura 2.2: Ponto de equilíbrio livre da doença.

### 2.1.7 Modelo SIRS

O modelo SIR é considerado um modelo epidemiológico clássico, que divide a população total de habitantes em três outras populações conhecidas, sendo a de suscetíveis ao vírus ( $S$ ), infectados pelo vírus ( $I$ ) e recuperados do vírus ( $R$ ). Essa divisão é bastante utilizada em doenças infecciosas, onde as populações podem adquirir a imunidade contra a doença como sarampo, varíola, catapora, entre outras doenças que atribuem facilmente a essa imunidade denominada imunidade de rebanho. No entanto, existem doenças infecciosas que não garantem a imunidade das populações de suscetíveis ( $S$ ) fazendo com que a população de recuperados ( $R$ ) retornem novamente para a população suscetível. Assim, adapta-se o modelo SIR para um novo modelo denominado de SIRS [17].

O processo do modelo SIRS ocorre da seguinte maneira

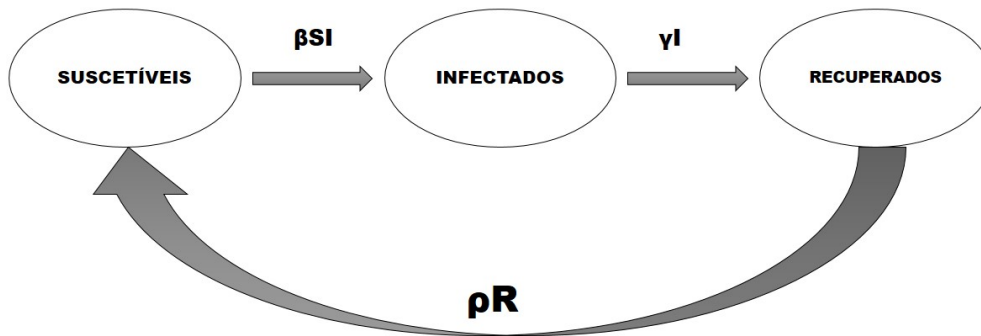


Figura 2.3: Diagrama do modelo.

O modelo SIRS é composto e derivado inicialmente do modelo SIR clássico, no entanto, o modelo SIRS é um modelo epidemiológico que divide os habitantes ( $N_h$ ) em três populações, suscetíveis ( $S$ ), infectados ( $I$ ) e recuperados ( $R$ ), igualmente ao SIR. A diferença entre SIR e SIRS está na parcela de contaminados que se recuperam da doença ( $\rho R$ ), e retornam para a população de suscetíveis novamente, ou seja, quem se recupera pode contrair o vírus novamente e propagar ainda mais a doença. A partir dessa informação foi realizada adaptações no modelo SIR clássico para obter o modelo epidemiológico SIRS, então o novo sistema de equações é dado por

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N_h} + \rho R, \quad (2.22)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I, \quad (2.23)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \rho R. \quad (2.24)$$

em que

- $S$  é a taxa de pessoas suscetíveis;
- $I$  é a taxa de pessoas infectadas pelo vírus SARS-COV-2;

- $R$  é taxa de recuperados da doença;
- $\beta$  é a taxa de infecção, neste caso o vírus SARS-COV-2;
- $\gamma$  é a taxa de recuperação dos indivíduos infectados;
- $\rho R$  é a parcela de pessoas que se recuperam da doença e voltam a serem suscetíveis.

A parcela de pessoas que se recuperam da infecção do vírus da SARS-COV-2 ou COVID-19, identificado na equação como  $\rho R$  é adicionado no sistema de equações devido a possibilidade de se infectarem novamente pela SARS. Esse estudo de reinfeção vem sendo investigado depois do surgimento de casos de reinfeção em alguns países. A reinfeção de doenças é comum em alguns casos, como por exemplo dengue, malária, gripe H1N1, entre outras doenças epidemiológicas estudadas. Baseando-se nessas informações que o modelo SIR simples foi reescrito em um modelo SIRS.

As condições do modelo SIR simples apresentado inicialmente são válidas para o modelo novo SIRS, pois as populações estão uniformemente distribuídas e ao longo do tempo cada indivíduo pode estar em uma população apenas, ou seja,

$$S(t) + I(t) + R(t) = N_h = 1. \quad (2.25)$$

Sendo assim, pode-se dizer que,

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0. \quad (2.26)$$

A equação (2.27) é facilmente demonstrada, substituindo as equações (2.23), (2.24) e (2.25) em (2.27), tem-se

$$\left( -\frac{\beta SI}{N_h} + \rho R \right) + \left( \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I \right) + \left( \gamma I - \rho R \right) = 0. \quad (2.27)$$

Tais condições são válidas para ambos os modelos apresentados, no entanto, vale verificar como ocorre o modelo SIRS sem taxas vitais.

**Proposição 3** *É possível utilizar o modelo SIRS sem taxas vitais.*

**Demonstração:**

Sabendo que,

$$\frac{dS}{dt} < 0 \quad \text{e} \quad \frac{dR}{dt} > 0.$$

Quando se inicia a epidemia, a população de suscetíveis  $S$  será decrescente e a população de recuperados  $R$  crescente, no entanto, em um determinado tempo  $t$  ocorre

$$\frac{dS}{dt} > 0 \quad \text{e} \quad \frac{dR}{dt} < 0.$$

Em outras palavras, a população de suscetíveis não chega a se anular devido a  $\rho R$ , a parcela de recuperados que retornar para a população  $S$  e, conseqüentemente,  $R$  em um determinado  $t$  irá decrescer, isto é,

$$0 < S(\infty) < S(t) < S(0) \quad \text{e} \quad 0 < R(\infty) < R(t) < R(0),$$

$$S(t) + I(t) + R(t) = N_0.$$

Para um  $t$  suficientemente grande, implica dizer que

$$S(\infty) + I(\infty) + R(\infty) = N_0.$$

Logo,

$$I(t) = N(0) - S(\infty) - R(\infty). \quad (2.28)$$

Provando assim, que o modelo SIRS pode ser utilizado sem taxas vitais de mortalidade e natalidade.

**Proposição 4** *A doença irá desaparecer, ou seja, todas as condições iniciais levam  $I(\infty) = 0$ , caso contrário para  $t$  suficientemente grande, tem-se*

$$R'(t) > \frac{\gamma I(\infty) - 2\rho R}{2}.$$

**Demonstração:**

De fato, como  $I(\infty) = 0$ , por hipótese caso  $I(\infty) \neq 0$  então deve existir um  $\delta$ , tal que

$$0 < I(\infty) < 2\delta.$$

Daí, subtraindo  $-2\rho R$  obtém-se

$$\frac{\gamma I(\infty) - 2\rho R}{2} < \gamma\delta - 2\rho R.$$

Sabendo que  $I(t) < I(\infty)$ , então

$$\frac{\gamma I(\infty) - 2\rho R}{2} < \frac{\gamma I - 2\rho R}{2}.$$

Do modelo SIRS, a equação de recuperados é dada por

$$R'(t) = \gamma I(t) - \rho R.$$

Então, segue que

$$\frac{\gamma I(\infty) - 2\rho R}{2} < \frac{\gamma I - 2\rho R}{2} < R'(t).$$

Portanto,

$$R'(t) > \frac{\gamma I(\infty) - 2\rho R}{2},$$

para um espaço de tempo suficientemente grande. Sendo assim, tem-se uma contradição, uma vez que  $I(\infty) = 0$  e conseqüentemente,  $R(\infty) = 0$ .

As propriedades do modelo SIR simples são consideradas no modelo SIRS, uma vez que se torna possível uma análise detalhada da propagação da doença em um determinado meio. Assim, como as propriedades são válidas, podemos notar que o índice de reprodução básica da doença no modelo SIRS é o mesmo do modelo SIR simples, onde

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}.$$

A equação  $\frac{dI}{dt}$  no modelo SIRS não se altera, então as informações do Teorema 1.1 do modelo SIR simples se aplicam e são válidas para o modelo SIRS, uma vez que o índice de reprodução basal é a mesma não comprometendo  $R_0$  e suas atribuições.

### 2.1.8 Pontos de Equilíbrio do Modelo SIRS

O modelo SIRS admite pontos de equilíbrio, de maneira que se pode observar a evolução ou não da propagação do vírus da SARS-COV-2 em uma determinada população, ou em cidades específicas. Note que da equação (2.7), tem-se

$$S(t) + I(t) + R(t) = N_h = 1. \quad (2.29)$$

O que implica em

$$R = N_h - S - I(t). \quad (2.30)$$

Logo, o seguinte sistema bidimensional de equações é dado por

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N_h} + \rho R, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I. \end{cases}$$

Baseando-se nesse sistema, os pontos de equilíbrio do modelo SIRS é determinado. Quando se diz que SIRS admite pontos de equilíbrio, quer se dizer que os valores da população  $S$  e  $I$  são nulos, ou seja,  $S = 0$  e  $I = 0$ . Aplicando no sistema bidimensional, obtém-se

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N_h} + \rho R = 0, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = 0. \end{cases}$$

Observe que,

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = 0 \Rightarrow \frac{\beta SI}{N_h} = \gamma I.$$

Logo,

$$S = \frac{N_h \gamma I}{\beta I} = \frac{N_h \gamma}{\beta}. \quad (2.31)$$

Sendo assim, utilizando o fato de que  $N_h = 1$ , implica dizer que a equação se resume em

$$S = \frac{\gamma}{\beta}. \quad (2.32)$$

Agora, substituindo  $S$  e  $R$  na primeira equação do sistema bidimensional  $\frac{dS}{dt}$ , então

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = 0.$$

Primeiro  $R$ , tem-se

$$\frac{\beta SI}{N_h} - \gamma(N - S - I) = 0. \quad (2.33)$$

Agora, o valor de  $S$  implica que

$$\frac{\beta \left( \frac{N_h \gamma}{\beta} \right) I}{N_h} - \gamma \left( N - \frac{N_h \gamma}{\beta} - I \right) = 0. \quad (2.34)$$

Resolvendo os cálculos matemáticos de forma a reduzir a equação, então

$$-N_h \rho I + \rho N_h - \rho N_h \frac{\gamma}{\beta} - \rho I = 0. \quad (2.35)$$

Reduzindo ainda mais, o valor da população  $I$  é dado por

$$(\rho + N_h\gamma)I = \rho N_h \left(1 - \frac{\gamma}{\beta}\right). \quad (2.36)$$

Logo,

$$I = \frac{\rho N_h \left(1 - \frac{\gamma}{\beta}\right)}{\rho + N_h\gamma}. \quad (2.37)$$

Note que, tomando  $N_h = \frac{\gamma}{\beta}$ , então o sistema bidimensional tem apenas um ponto de equilíbrio, este será o ponto denominado de trivial do sistema, que é dado por

$$e_1 = (1, 0) = (N_h, 0), \quad (2.38)$$

onde a população se encontra livre da doença. Vale ressaltar que para  $N_h < \frac{\gamma}{\beta}$ , tem-se que  $I < 0$ , o que se torna uma contradição, uma vez que  $I$  tende a aumentar [24]. Agora, caso  $N_h > \frac{\gamma}{\beta}$  o sistema terá dois pontos de equilíbrio, sendo

$$e_2 = \left( \frac{N_h\gamma}{\beta}, \frac{\rho N_h \left(1 - \frac{\gamma}{\beta}\right)}{\rho + N_h\gamma} \right). \quad (2.39)$$

Logo, estes são considerados os pontos de equilíbrio do modelo epidemiológico SIRS para estudo da propagação da doença.

### 2.1.9 Estabilidade do Modelo SIRS

O estudo de estabilidade de um modelo matemático é realizado com base em seus pontos de equilíbrio. Sendo assim, analisa-se a estabilidade para  $e_1$  e  $e_2$ , como segue

- $e_1 = (1, 0) = (N_h, 0)$

O estudo da estabilidade de  $e_1$  é realizado com o auxílio dos autovalores, que são obtidos do sistema bidimensional [4]. Seja  $S = f(S, I)$  e  $I = g(S, I)$ , substituindo no sistema, tem-se,

$$\begin{cases} S = f(S, I) = -\frac{\beta SI}{N_h} + \rho N_h - \rho S - \rho I = 0 \\ I = g(S, I) = \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I = 0 \end{cases}$$

Para o estudo de estabilidade tem-se uma matriz Jacobiana  $J(\text{SIRS})$ , dada por

$$J_{\text{SIRS}} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f}{\partial S} & \frac{\partial f}{\partial I} \\ \frac{\partial g}{\partial S} & \frac{\partial g}{\partial I} \end{bmatrix}.$$

Logo, calculando os coeficientes da matriz Jacobiana, obtém-se

$$\frac{\partial f}{\partial S} = \frac{\beta S}{N_h} - \rho \quad ; \quad \frac{\partial f}{\partial I} = \frac{\beta S}{N_h} - \rho,$$

$$\frac{\partial g}{\partial S} = \frac{\beta I}{N_h} \quad ; \quad \frac{\partial g}{\partial I} = \frac{\beta S}{N_h} - \gamma.$$

Montando a matriz Jacobiana para analisar a estabilidade do modelo SIRS com auxílio de autovalores, resulta na seguinte matriz,

$$J_{SIRS} = \begin{bmatrix} \frac{\beta I}{N_h} - \rho & \frac{\beta S}{N_h} - \rho \\ \frac{\beta I}{N_h} & \frac{\beta S}{N_h} - \gamma \end{bmatrix}.$$

A relação da população total  $N_h$  com suscetíveis ao longo do tempo será nula uma vez que a população é constante, em outras palavras,

$$\left( \frac{\partial N_h}{\partial t} \right) = \frac{\partial N_h}{\partial S} = 0. \quad (2.40)$$

Como  $e_1 = (N_h, 0)$  e sabendo que  $S = N_h$  e  $I = 0$ , implica que,

$$J_{SIRS} = \begin{bmatrix} -\rho & \beta - \rho \\ 0 & \beta - \gamma \end{bmatrix}.$$

Daí, note que um simples sistema é obtido tal que

$$\frac{d}{dt} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\rho & \beta - \rho \\ 0 & \beta - \gamma \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix}.$$

A partir desse sistema determina-se os autovalores da matriz Jacobiana  $\delta_1$  e  $\delta_2$ , que são raízes do polinômio característico  $(J - \delta I) = 0$  por definição. Então,

$$\det \left( \begin{bmatrix} -\rho & \beta - \rho \\ 0 & \beta - \gamma \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \delta & 0 \\ 0 & \delta \end{bmatrix} \right) = 0. \quad (2.41)$$

Implica que

$$\det \left( \begin{bmatrix} -\rho - \delta & \beta - \delta \\ 0 & \beta - \gamma - \delta \end{bmatrix} \right) = 0. \quad (2.42)$$

Logo, resolvendo o determinante da matriz obtém-se

$$(-\rho - \delta)(\beta - \gamma - \delta) = 0. \quad (2.43)$$

Assim, é fácil observar que os autovalores são

$$\delta_1 = -\rho \quad \text{e} \quad \delta_2 = \beta - \gamma.$$

Agora, note que

$$\delta_1 < 0 < \delta_2. \quad (2.44)$$

Portanto, o ponto de equilíbrio  $e_1 = (N_h, 0)$  é um ponto de sela, em outras palavras, a direção de  $S$  e  $I$  não são as mesmas, o que determina que o ponto  $e_1$  é instável.

$$\bullet e_2 = \left( \frac{N_h \gamma}{\beta}, \frac{\rho N_h \left(1 - \frac{\gamma}{\beta}\right)}{\rho + N_h \gamma} \right)$$



Para estudar a estabilidade do modelo SIRS nesse ponto, considera a definição de traço de uma matriz e o cálculo do seu determinante, lembrando que a matriz utilizada ainda é a matriz Jacobiana. Do ponto  $e_2$ , tem-se que  $S = \frac{N_h\gamma}{\beta}$  e  $I = \frac{\rho N_h(1 - \frac{\gamma}{\beta})}{\rho + N_h\gamma}$ , substituindo na matriz Jacobiana obtida anteriormente, obtém-se

$$J_{SIRS} = \begin{bmatrix} \frac{-\beta}{N_h} \left( \frac{\rho N_h(1 - \frac{\gamma}{\beta})}{\rho + N_h\gamma} \right) - \rho & \frac{\beta(\frac{N_h\gamma}{\beta})}{N_h} - \rho \\ \frac{\beta}{N_h} \left( \frac{\rho N_h(1 - \frac{\gamma}{\beta})}{\rho + N_h\gamma} \right) & \frac{\beta(\frac{N_h\gamma}{\beta})}{N_h} - \gamma \end{bmatrix}.$$

Realizando as manipulações matemáticas devidas, encontra-se

$$J_{SIRS} = \begin{bmatrix} \frac{\rho^2 - \beta\rho + \rho\gamma(1 - N_h)}{\rho + N_h\gamma} & -\gamma - \rho \\ \frac{\beta}{N_h} \left( \frac{\beta\rho - \rho\gamma}{\rho + N_h\gamma} \right) & 0 \end{bmatrix}.$$

Calculando o determinante da matriz Jacobiana, implica que

$$\det \left( J_{SIRS} = \begin{bmatrix} \frac{\rho^2 - \beta\rho + \rho\gamma(1 - N_h)}{\rho + N_h\gamma} & -\gamma - \rho \\ \frac{\beta}{N_h} \left( \frac{\beta\rho - \rho\gamma}{\rho + N_h\gamma} \right) & 0 \end{bmatrix} \right) = -(\gamma - \rho) \left( \frac{\beta\rho - \rho\gamma}{\rho + N_h\gamma} \right) = 0. \quad (2.45)$$

Tomando  $N_h = 1$ , tem-se que

$$-(\gamma - \rho) \left( \frac{\beta\rho - \rho\gamma}{\rho + N_h\gamma} \right) = 0 \Rightarrow -(\gamma - \rho) \left( \frac{\beta\rho - \rho\gamma}{\rho + \gamma} \right) = \rho(\beta - \gamma) > 0.$$

Utilizando a definição do traço de uma matriz, em que deve somar a diagonal principal da mesma, então

$$Tr(J_{SIRS}) = \frac{-\rho^2 - \beta\rho}{\rho + N_h\gamma} + 0 < 0. \quad (2.46)$$

Note que  $Tr(J_{SIRS}) < 0$ , como  $\rho > 0$  e  $\rho \left( \frac{\beta - \gamma}{N_h} \right) > 0$ , pois  $N_h > \frac{1}{\beta - \gamma}$ . Logo,  $\det(J_{SIRS}) > 0$ , e de acordo com os conhecimentos de álgebra, como  $\det(J_{SIRS}) > 0$  e  $Tr(J_{SIRS}) < 0$ , o modelo é dito assintoticamente estável.

### 2.1.10 Simulações

Esta seção tem como objetivo observar o comportamento dos pontos de equilíbrio do modelo SIRS com base nos parâmetros atribuídos e sua solução numérica. A população de suscetíveis  $S(0) = 10$ , a população total  $N_h = 10$ , a taxa de crescimento  $\beta = 5.25$ , a taxa de recuperação  $\gamma = 2$  e a parcela de pessoas recuperadas que retornam para a população  $S$  será  $\rho = 0.8$ . Realizando os cálculos para a reprodução básica, obtém-se  $R_0 = 2.60 > 1$ , análoga ao modelo SIR.

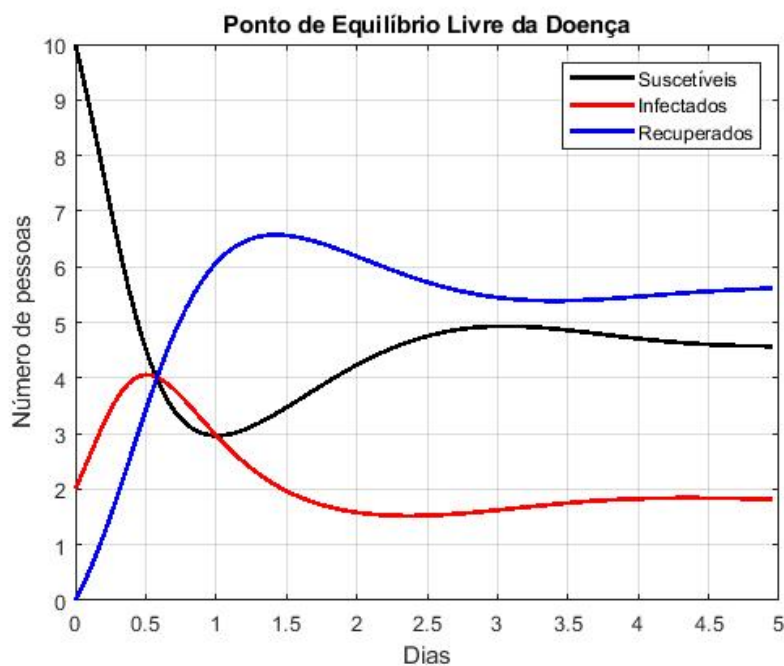


Figura 2.4: Ponto de equilíbrio endêmico do modelo SIRS.

A Figura 2.5 apresenta o ponto de equilíbrio livre da doença do modelo SIRS com a mesma população de suscetíveis e uma população total  $N_h = 10$ , com  $I(0) = 2$ , e os parâmetros  $\gamma = 1.2$ ,  $\beta = 0.2$  e  $\rho = 1.3$  com o tempo de 5 dias. O valor da reprodução básica é dada por  $R_0 = 0.17 < 1$ .

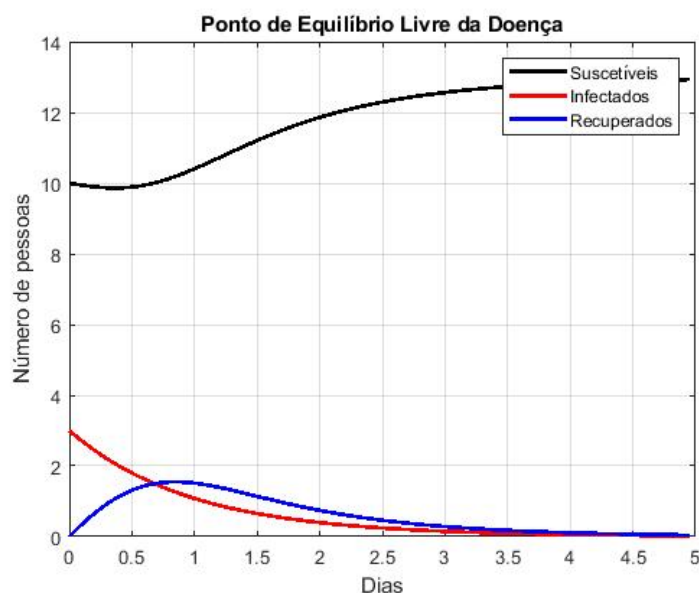


Figura 2.5: Ponto de equilíbrio livre da doença do modelo SIRS.

Com base nessas informações, pode-se analisar o comportamento da disseminação do vírus da SARS-COV-2 em uma determinada população. Apesar da importância do estudo da estabilidade, torna-se necessário uma análise ainda mais aprofundada de como o vírus se dissemina e se transporta para determinadas regiões.



## Resultados e Discussões

Nesta seção apresentamos inicialmente alguns resultados dos modelos epidemiológicos com o objetivo de analisar o comportamento de contaminação do vírus da SARS-COV-2 no Estado do Amapá e municípios que compõem a região metropolitana.

O vírus da SARS-COV-2 chegou na região amapaense meados de março, mais especificamente, dia 25 do mesmo mês quando foi notificado o primeiro caso confirmado pelo Governo do estado, apesar da confirmação, o Amapá encontrava-se em Lockdown em 17 de março. Desde então, os números cresceram apesar das restrições impostas pelas autoridades, alguns pesquisadores da região realizaram algumas projeções da propagação do vírus no estado, levando em consideração as taxas de mortalidade e natalidade, diferentemente dos modelos utilizados neste trabalho.

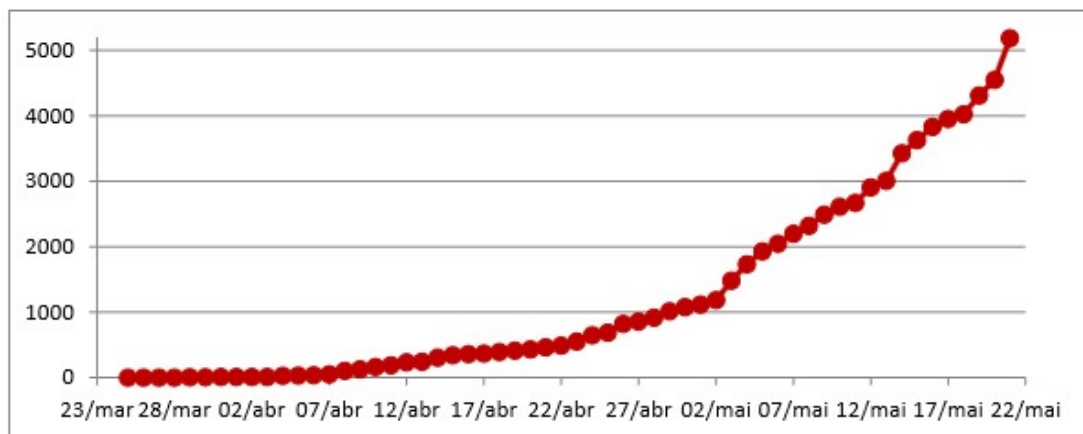


Figura 3.1: Evolução de casos no Amapá.

Fonte: Nota técnica para propagação da SARS-COV-2 no Amapá por modelagem matemática (SIR).[13]

A Figura 3.1 apresenta uma evolução de casos no Amapá, segundo a nota técnica fornecida pela Universidade Federal do Amapá (UNIFAP), em Março de 2020. Essa evolução representa os casos acumulados durante o período de aproximadamente 60 dias, iniciando em 25 de março de 2020, onde o eixo y representa o número de pessoas infectadas, e o eixo x o tempo. No entanto, a nota considera as restrições impostas pelas autoridades. Alguns dados importantes atribuídos por essa nota técnica são de casos confirmados para o Estado do Amapá [13].

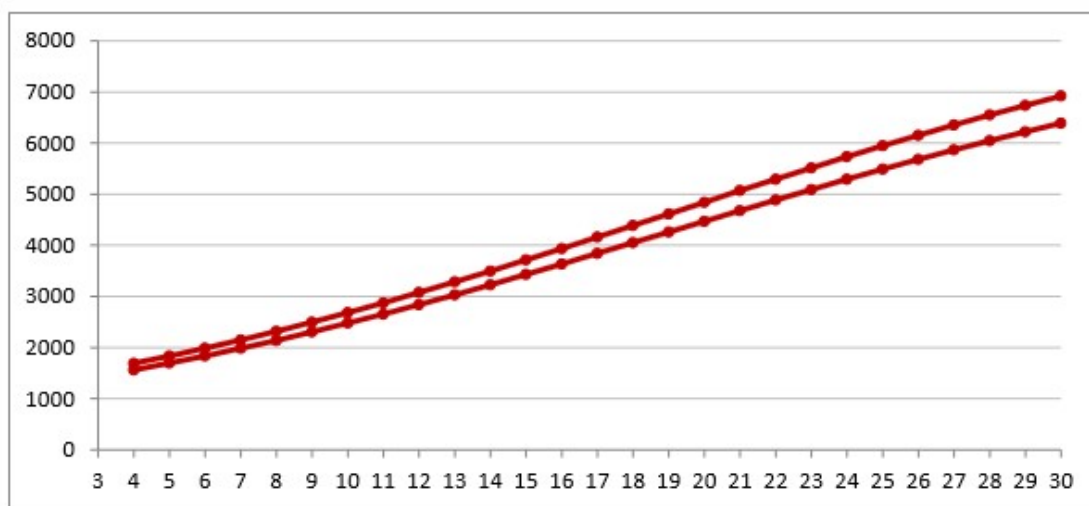


Figura 3.2: Previsão de casos no Amapá.

Fonte: Nota técnica para propagação da SARS-COV-2 no Amapá por modelagem matemática - SIR.[13]

A Figura 3.2 aborda uma previsão de pessoas infectadas para o Estado do Amapá. Segundo a nota técnica até 30 de maio de 2020, levando em consideração todas as restrições vigentes. As taxas de reprodução básica variam de acordo com o tempo, como mostra a figura seguinte 3.3 [13].

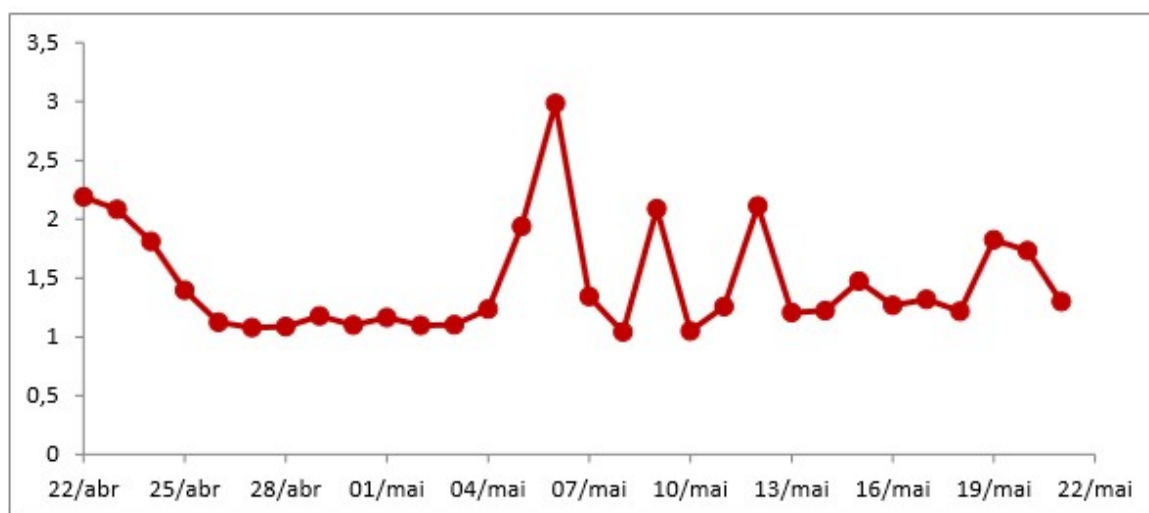


Figura 3.3: Evolução temporal no estado.

Fonte: Nota técnica para propagação da SARS-COV-2 no Amapá por modelagem Matemática - SIR.

A variação temporal da reprodução básica no estado foi utilizada para as análises dos modelos SIR e SIRS deste trabalho. No entanto, considerando apenas duas taxas de reprodução básica, sendo ambas maiores que 1, indicando ainda um crescimento da doença.

Com o objetivo de analisar os resultados obtidos neste trabalho, inicia-se uma discussão sobre a propagação do vírus no Estado, e as causas e efeitos evitados através das medidas de segurança adotadas pelas autoridades vigentes, apesar do Estado do Amapá possuir uma letalidade de um pouco mais de 1,44%, sendo a 4<sup>o</sup> menor do Brasil. Seguindo os dados

do Governo do Estado, testes são realizados com os modelos SIR e SIRS utilizando dados reais fornecidos pelo Governo do Estado para observar algumas projeções principalmente nas populações de infectados e recuperados no estado, sua região metropolitana e seus municípios.

### 3.1 Análise do Modelo SIR no Estado do Amapá

Visando observar o comportamento da propagação do vírus da SARS-COV-2 no Estado do Amapá, foram realizadas algumas simulações para sua população total utilizando o modelo SIR. Inicialmente, uma pessoa infectada é introduzida na população total de suscetíveis ( $S$ ) do Estado do Amapá com um determinado tempo fixado, e variando o número de pessoas infectadas ( $I$ ), a taxa de recuperados é fixa de  $\gamma = 0.102$  e a taxa de crescimento  $\beta = 0.216$ . Com base nesses dados

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = 2.11. \quad (3.1)$$

Essa taxa de reprodução básica ou basal esteve vigente no Estado do Amapá em 2020. Nesse período o Governo do Estado havia saído de um lockdown imposto na confirmação do primeiro caso em 25 de março de 2020, em maio o Estado relaxou as medidas de restrições permitindo uma lenta retomada gradual, conseqüentemente os casos de infectados aumentaram.

Na Figura 3.4 não é levado em consideração as restrições impostas pela Organização Mundial da Saúde (OMS) e atribuídas pelo Governo do Estado. Foram realizados testes para um período de tempo de 120 dias.

- Em (a) utiliza-se o início da pandemia no Estado para analisar o comportamento das populações, então considerando uma pessoa infectada ( $I$ ), percebe-se o número de casos aumentando. Sendo assim, a curva de suscetíveis ( $S$ ) decresce, enquanto a curva de infectados ( $I$ ) e recuperados ( $R$ ) crescem.
- Na figura (b), foi considerado o estado inicial de infectados como sendo 10 pessoas, e o comportamento das curvas continua o mesmo com uma leve diferença, o tempo para o número de infectados se torna menor e a população de suscetíveis tende a ir para zero um pouco mais rápido.
- Em (c) e (d) foram introduzidas 50 e 100 pessoas infectadas ( $I$ ), respectivamente. Observe que a população de suscetíveis ( $S$ ) tende a zero, a curva de pessoas infectadas ( $I$ ) cresce com uma certa limitação devido o número de recuperados ( $R$ ) que cresce com um tempo, e não havendo mais pessoas na população de suscetíveis ( $S$ ) para se infectarem.

Com base nessas informações, pode-se analisar o comportamento da disseminação do vírus da SARS-COV-2 em uma determinada população. Apesar da importância do estudo da estabilidade, torna-se necessário uma análise ainda mais aprofundada de como o vírus se dissemina e se transporta para determinadas regiões.

#### 3.1.1 Municípios

Torna-se importante uma abordagem do modelo SIR para observar como ocorreria a propagação do vírus da SARS-COV-2 nos municípios que compõem a região metropolitana do Estado do Amapá.

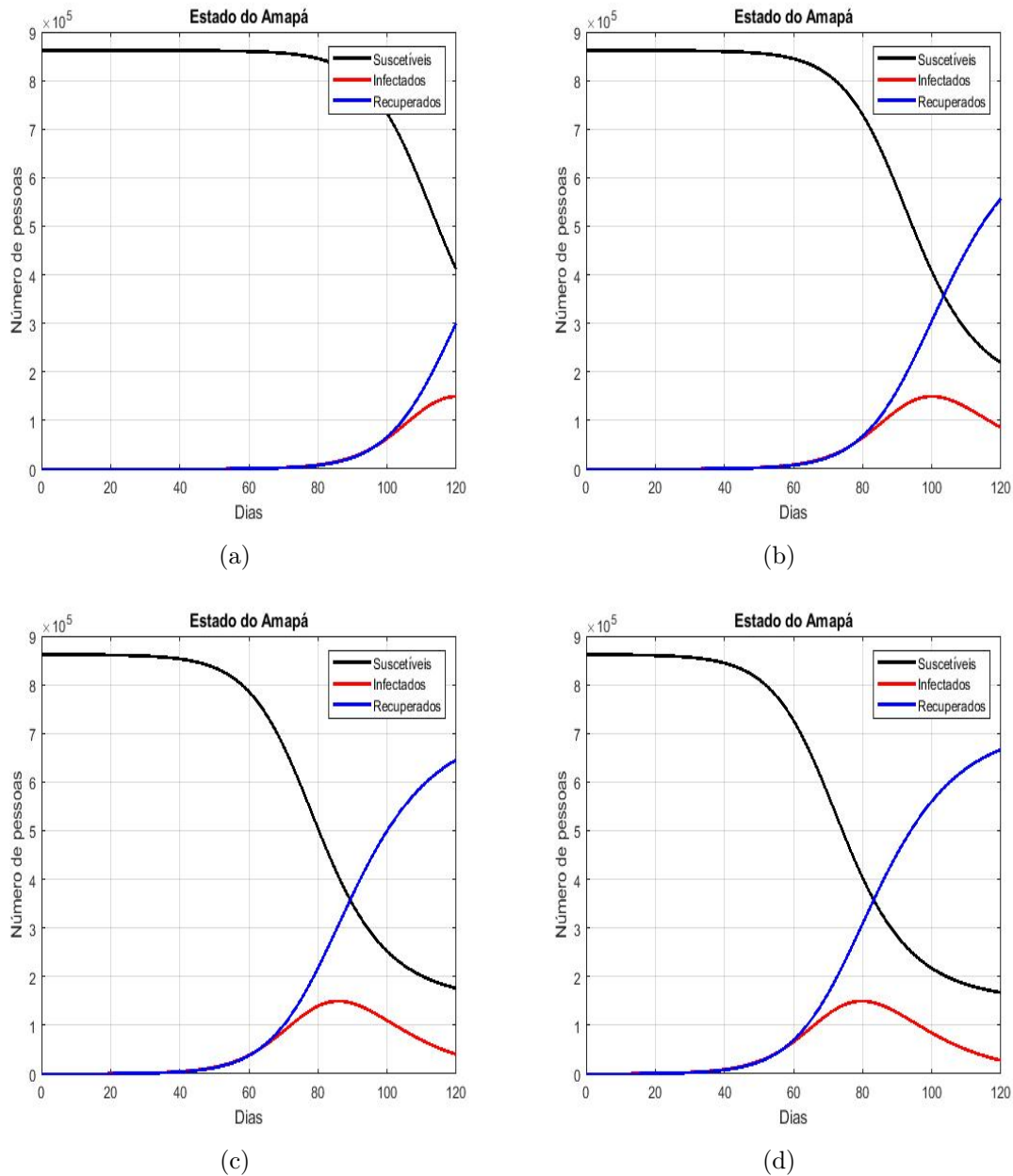


Figura 3.4: Modelo SIR aplicado na população total do Estado do Amapá.

As restrições impostas pela Organização Mundial da Saúde (OMS) e abordadas pelo Governo do Estado, colocaram a população em casa e, por isso, as análises impostas aqui são consideradas de maneira grosseira, pois o modelo epidemiológico SIR clássico não leva em consideração mortes e tais restrições. No entanto, a observação tem sua importância devido obter informações de como a propagação do vírus poderia ter sido piorado, se não tivesse o *Lockdown* e a população de suscetíveis estivesse livre para circular.

### 3.1.2 Macapá

Os testes do modelo epidemiológico SIR para o município de Macapá localizado na região metropolitana do Estado do Amapá foram realizados com dados e parâmetros reais para observar o comportamento da propagação. Segundo o último senso do IBGE de 2021, o município de Macapá possui em sua população total 522.357 pessoas.

As datas utilizadas foram datas de abril quando o vírus estava prestes a completar um mês do primeiro caso no município e no estado, e no meio do ano de 2020 para uma projeção longa. Os dados adquiridos foram de grande importância para o trabalho e observação da propagação do vírus em Macapá.

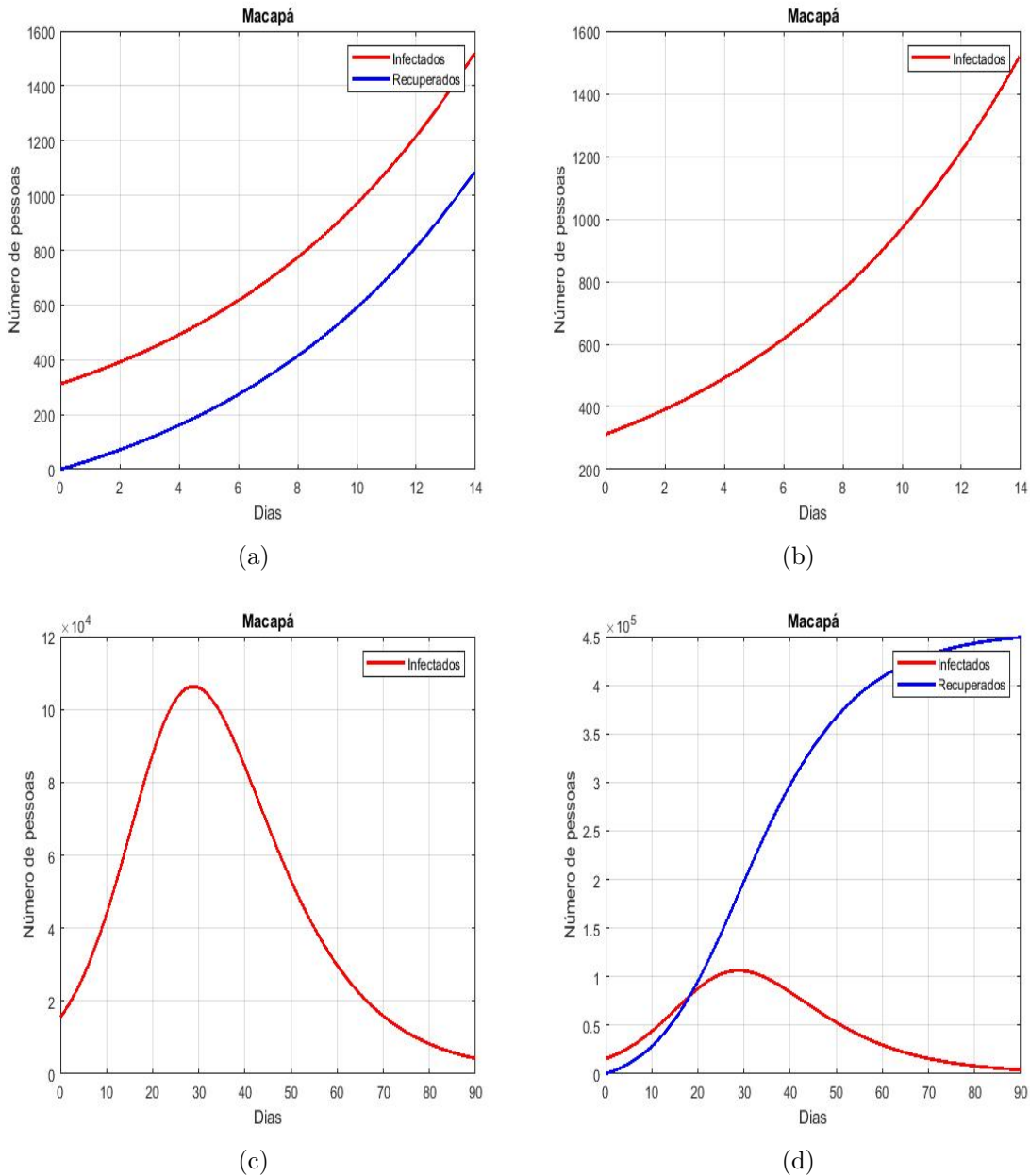


Figura 3.5: Modelo SIR aplicado na população total do município de Macapá.

Na Figura 3.5 não foi levada em consideração as restrições impostas pela Organização Mundial da Saúde (OMS) e atribuídas pelo Governo do Estado. Foram realizados testes por um período de tempo de 14 dias a partir do dia 17 de abril de 2020 quando o município contava com um pouco mais de 310 pessoas infectadas, e 90 dias a partir do dia 1° de agosto de 2020 quando a população estava com mais de 15.500 pessoas infectadas.

- Em (a) e (b) utiliza-se o início da pandemia no estado para analisar o comportamento das populações, então considerando as pessoas infectadas através de dados fornecidos pelo Governo do Estado, o número de infectados (I) no dia 17 de abril de 2020 era de 312, os parâmetros de contaminação  $\beta = 0.216$ ,  $\gamma = 0.102$  e com  $R_0 = 2.60$



eram os que estavam vigentes no início da pandemia, mantendo o número de pessoas infectadas nesse período de duas semanas seria equivalente a 2.600 pessoas, somando as infectadas e recuperadas. As curvas de infectados (I) e recuperados (R) crescem constantemente como na figura (b).

- Na figura (c) e (d), foi considerado um período em que a infecção havia infectado mais de 2,80% da população do município de Macapá, e a população estava em restrições por pouco mais de 3 meses. O número de pessoas infectadas era de pouco mais de 15.500 pessoas, a projeção dessa vez foi 90 dias (3 meses). Os comportamentos das curvas continuavam crescendo e de maneira significativa, os parâmetros dessa vez foram de  $\beta = 0.016$ ,  $\gamma = 0.102$  e com  $R_0 = 1.57$ , assim a reprodução básica próxima de  $R_0 > 1$ . Diante do exposto, a pandemia tende a crescer mesmo que em uma velocidade mais baixa, o número de pessoas infectadas por essa projeção seria de aproximadamente 360 mil pessoas infectadas, ou seja, a população do município de Macapá iria adquirir a chamada imunidade de rebanho antes de dezembro de 2020.

O número da última projeção revela um dado preocupante e importante, as restrições do Governo do Estado do Amapá e da OMS evitaram um impacto catastrófico do vírus no município de Macapá, o mais populoso e que contém mais de 60% da população total do Estado. Vale ressaltar que o fator  $R_0$  esteve acima de 1 todo o ano de 2020, segundo os boletins informativos do divulgados. Em 1º de agosto o número de mortes atribuídos pela SARS-COV-2 era de um pouco mais de 500 em toda a região metropolitana, e em Macapá foram 374 óbitos. Nessas projeções, se a cada 15000 tiver esse número de mortes somente no município de Macapá teria um total de mortes aproximado de 8.600 pessoas que perderiam a vida para o vírus, em seguida tem-se na figura 3.6, a representação de maneira geral para o município de Macapá.

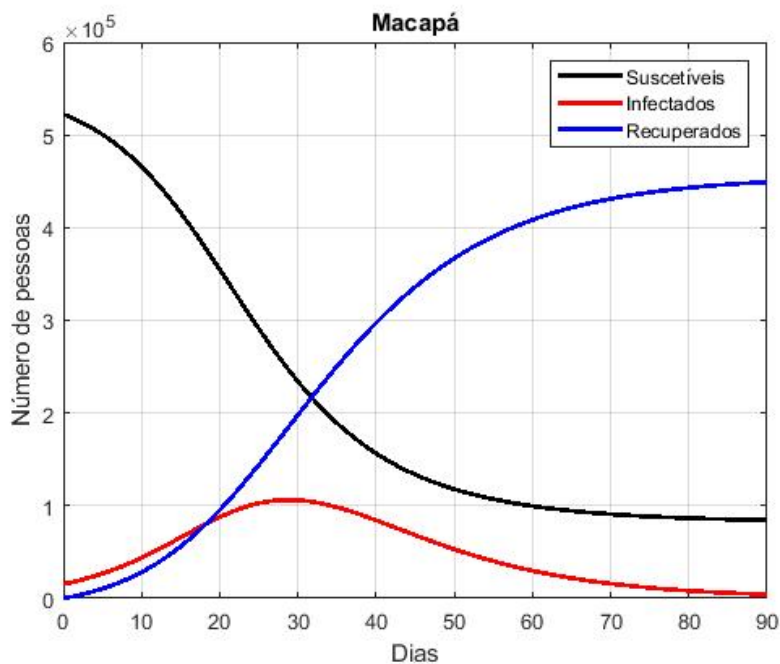


Figura 3.6: Modelo SIR do município de Macapá.

### 3.1.3 Santana

O município de Santana está localizado no estado do Amapá, na região norte do país e conta com 124.808 pessoas em sua população total. Santana fica mais ou menos meia hora de carro da capital Macapá, e o fluxo de pessoas entre os dois municípios durante o dia é grande fazendo a propagação do vírus durante a pandemia aumentar e se transportar o vírus com mais facilidade.

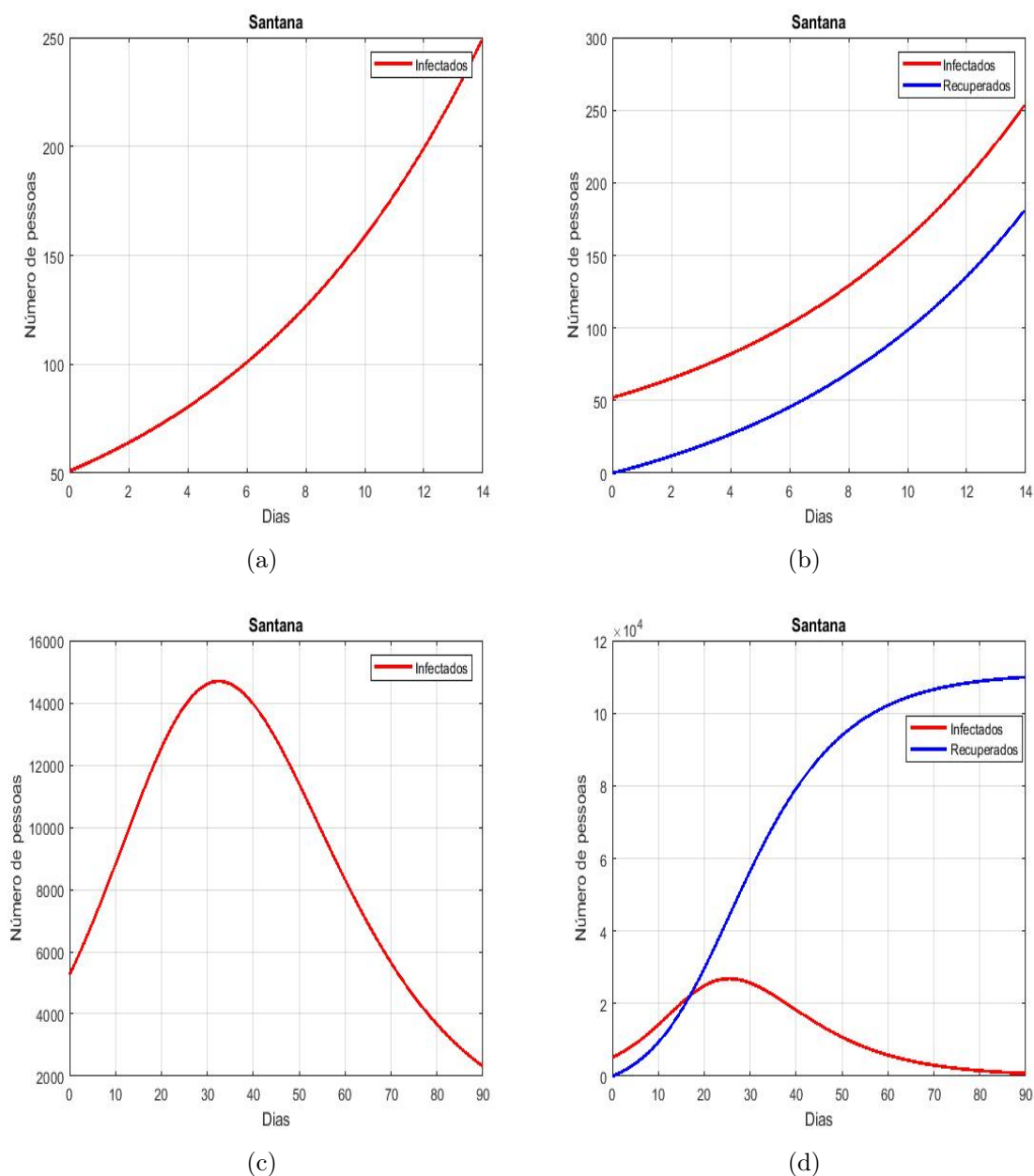


Figura 3.7: Modelo SIR aplicado na população total do município de Santana.

Na Figura 3.7, de maneira análoga, não foi levada em consideração as restrições impostas pela Organização Mundial da Saúde (OMS) e atribuídas pelo Governo do Estado. Foram realizados testes para o mesmo período de tempo que o município de Macapá e nas mesmas datas, dia 17 de abril de 2020 quando o município tinha um pouco mais de 50 pessoas infectadas, e 90 dias a partir do dia 1<sup>o</sup> de agosto de 2020 a população de Santana estava com mais de 5.200 pessoas infectadas segundo dados do Governo do Estado.

- Em (a) e (b) como realizado anteriormente para o município de Macapá, em Santana aborda-se o início da pandemia no Estado para observar o comportamento das populações, o número de pessoas infectadas (I) no dia 17 de abril de 2020 para Santana era de 52. O número de pessoas infectadas nesse período de duas semanas seria de aproximadamente 425 pessoas, somando as infectadas e recuperados. As curvas de infectados (I) e recuperados (R) crescem constantemente como na figura (b).
- Na figura (c) e (d), a infecção no segundo período havia infectado mais de 4,20% da população do município de Santana. O número de pessoas infectadas era de pouco mais de 5.200 pessoas, as curvas continuavam crescendo e de maneira significativa como esperado. A reprodução básica estava próxima de 1.57, o número de pessoas infectadas por essa projeção seria de aproximadamente 98000 mil pessoas infectadas, ou seja, a população do município de Santana também iria adquirir a chamada imunidade de rebanho ainda no ano de 2020.

A projeção para o município de Santana em relação aos óbitos, seriam de 1.200 mortes. O número de mortes seria praticamente próximo do número atual no estado todo que estava em 1.800 até outubro de 2021, e a figura abaixo 3.8, representa uma maneira geral do que foi visto anteriormente .

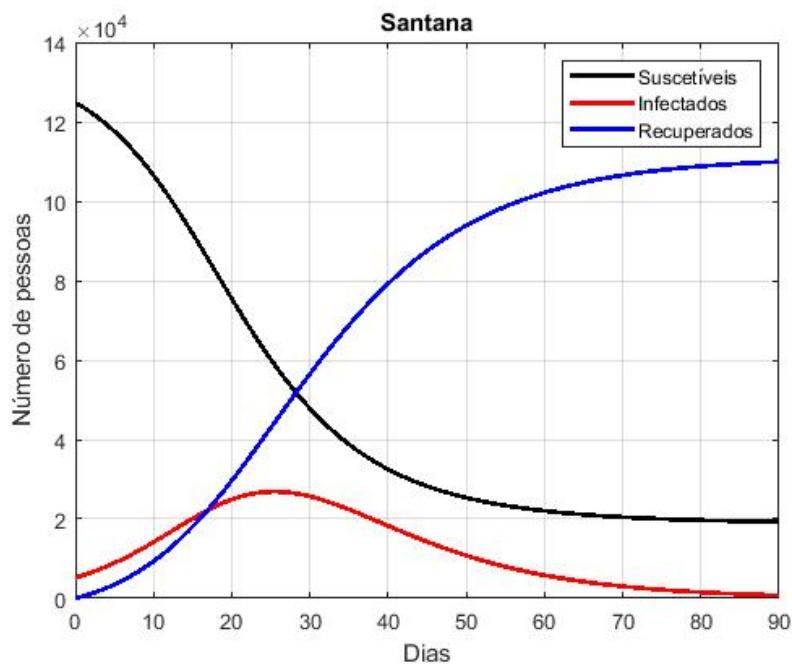


Figura 3.8: Modelo SIR do município de Santana.

### 3.1.4 Mazagão

O município de Mazagão está localizado no Estado do Amapá, na região norte do país e em divisão territorial datada de 1995. O município é constituído de 3 distritos: Mazagão novo, Carvão e Mazagão Velho. Assim, permanecendo em divisão territorial datada de 2009. E conta com 22.053 pessoas em sua população total. Mazagão se encontra a 40 minutos de carro da capital Macapá, o fluxo de pessoas entre os municípios de Mazagão, Santana e Macapá durante o dia é grande fazendo a contaminação do vírus durante a pandemia ser maior do que o esperado, devido as três cidades estarem próximas e muito bem relacionadas em suas fronteiras.

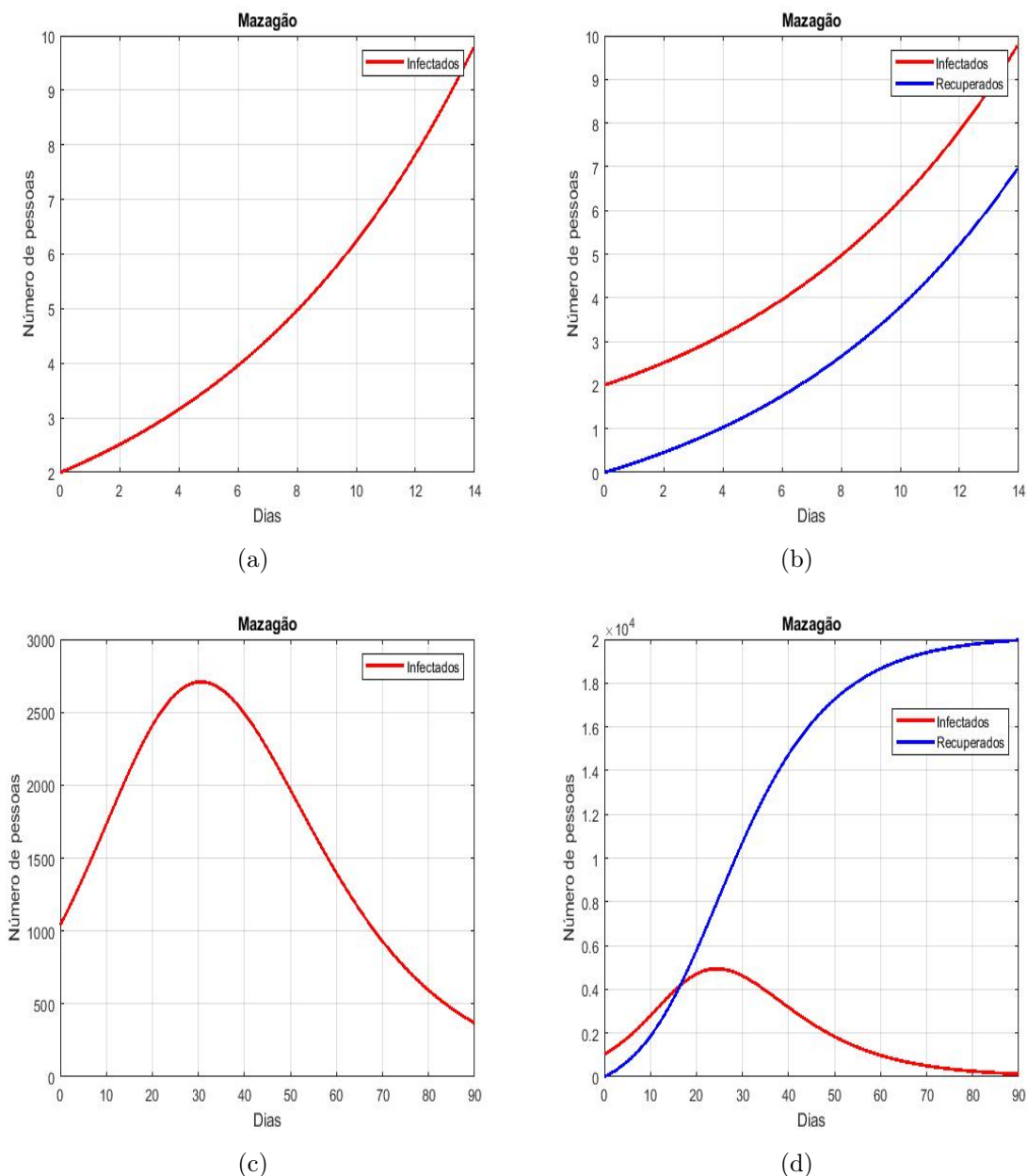


Figura 3.9: Modelo SIR aplicado na população total do município de Mazagão.

Os gráficos da Figura 3.9 não levam em consideração as restrições impostas pela Organização Mundial da Saúde (OMS) e atribuídas pelo Governo do Estado, assim como as projeções para os demais municípios. Os testes foram realizados impondo o mesmo período de tempo que os municípios de Macapá e Santana. As datas são do ano de 2020 no mês de abril e agosto.

- Em (a) e (b) mostram a projeção para o município de Mazagão, a observação foi atribuída no início da pandemia, e o comportamento das populações foi interpretado com base nos dados fornecidos pelo portal do Governo do Estado do Amapá, o número de pessoas infectadas (I) no dia 17 de abril de 2020 para Mazagão era de 2. O número de pessoas infectadas nesse período de duas semanas seria de aproximadamente 164 pessoas, somando as infectadas e recuperados. As curva de infectados (I) e recuperados (R) crescem constantemente como na figura (b).
- Nos gráficos (c) e (d), a infecção no segundo período havia infectado mais de 4,63% da população do município de Mazagão. O número de pessoas infectadas era de

pouco mais de 1.041 pessoas. As curvas continuavam a crescer e de maneira significativa como esperado a reprodução básica estava próxima de 1.57, o número de pessoas infectadas seria de aproximadamente 18.700 pessoas infectadas, ou seja, a população do município de Mazagão iria adquirir a chamada imunidade de rebanho em outubro de 2020.

A estimativa para o município de Mazagão em relação aos óbitos, seriam de aproximadamente 130 mortes ainda no ano de 2020. O número de mortes no município atualmente é menos de 30 mortes até outubro de 2021, e a figura 3.10 mostra as curvas das populações de maneira geral.

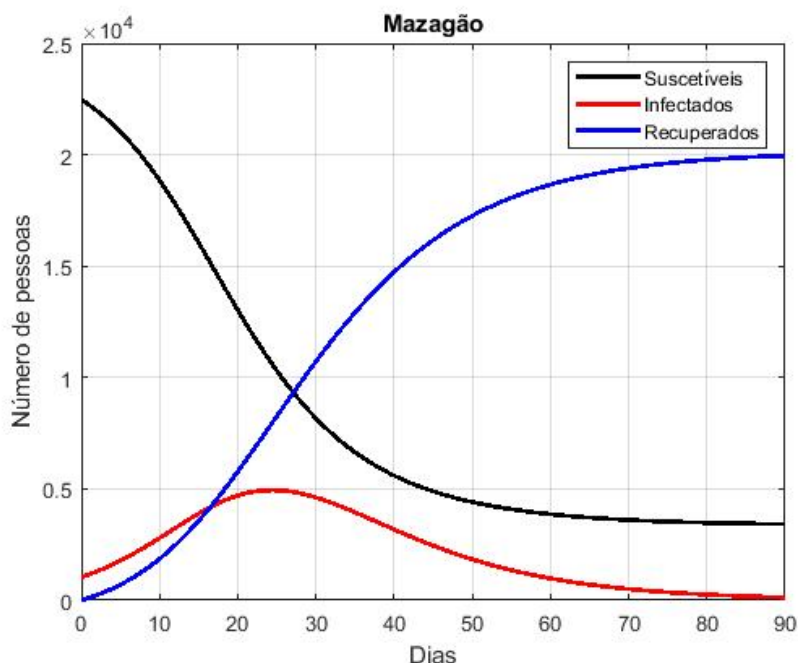


Figura 3.10: Modelo SIR do município de Mazagão.

### 3.1.5 Região Metropolitana

A região metropolitana do Estado do Amapá segundo o Fundo Nacional é constituído por três municípios, sendo um deles a capital Macapá, Santana e Mazagão. A região é constituída por 669.633 pessoas, mais de 60% da população de todo o Estado. O fluxo de pessoas que transitam nos três municípios durante a semana de trabalho, é grande fazendo com que o vírus tenha uma propagação rápida no Estado.

Esta seção tem como objetivo observar a propagação do vírus analisada em toda região metropolitana do Estado do Amapá. Na Figura 3.11 é analisada as projeções para a região citada. Os testes foram realizados impondo o mesmo período de tempo que os municípios. As datas são do ano de 2020 no mês de abril e agosto, os parâmetros atribuídos foram o mesmo para os municípios.

- Em (a) e (b) mostram a projeção para a região metropolitana do Estado do Amapá, o número de pessoas infectadas nesse período de duas semanas seria de aproximadamente 3.200 pessoas, somando as infectadas e recuperados. As curvas de infectados (I) e recuperados (R) da figura (b).
- Nos gráficos (c) e (d), a infecção no segundo período foi dada em 120 dias (4 meses) para diferenciar dos municípios, o número de pessoas infectadas era de pouco

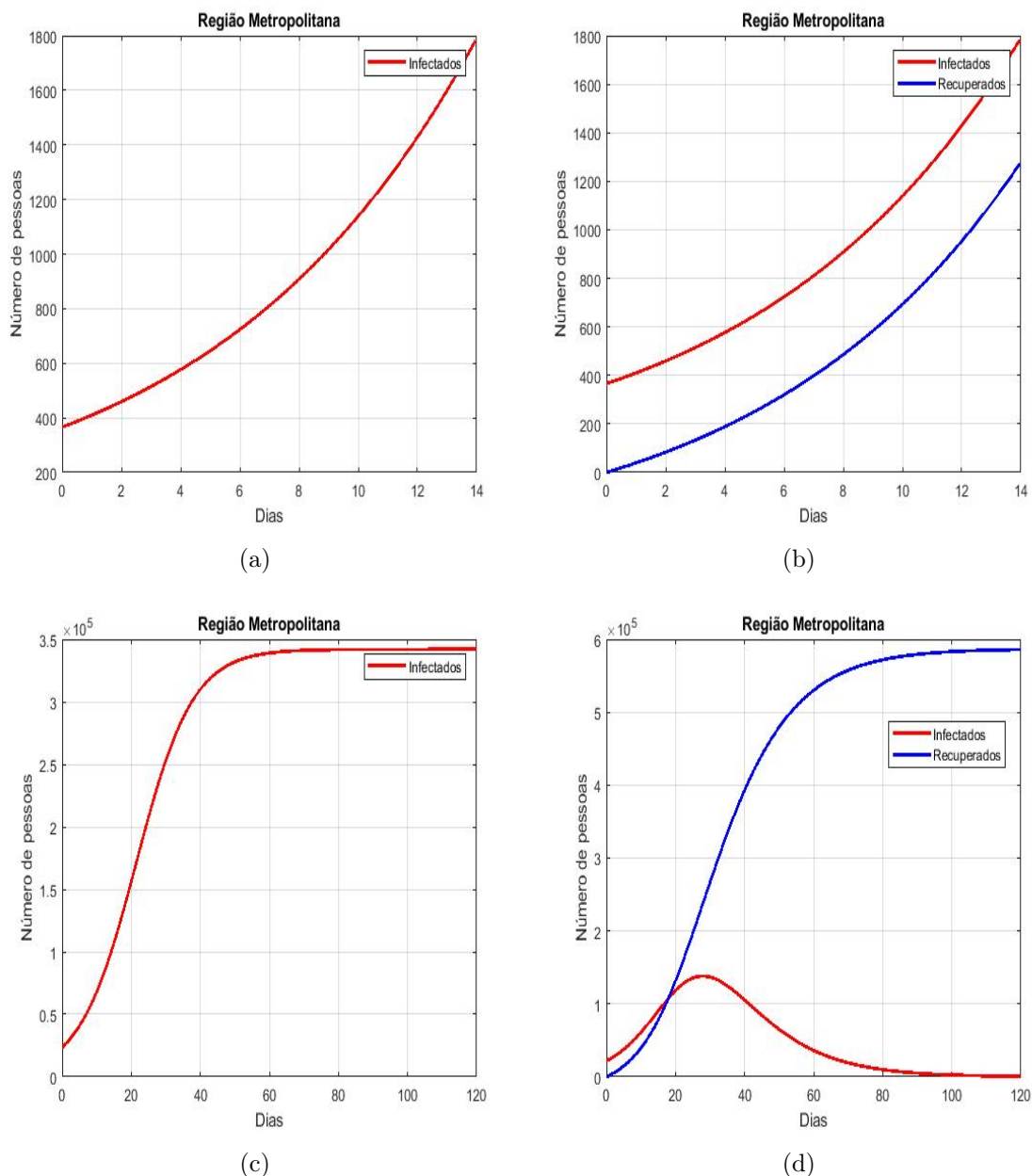


Figura 3.11: Modelo SIR aplicado na população total da região metropolitana do Estado do Amapá.

mais de 21.826 pessoas, a tendência era que as curvas continuassem a crescer, foi exatamente o que aconteceu e de maneira significativa. A reprodução básica estava próxima de 1.57, o número de pessoas infectadas seria mais de 486.700, ou seja, a população região metropolitana do Estado do Amapá também iria adquirir a chamada imunidade de rebanho possivelmente em novembro de 2020.

A importância desses dados para o Estado do Amapá, mostra mesmo que de maneira um pouco mais grosseira, o caos evitado no estado com as restrições impostas pelo Governo do Estado e pela Organização Mundial da Saúde (OMS), o número de óbitos no Amapá no ano de 2020 ultrapassaria os 10.000 mortos pelo vírus da SARS-COV-2. No entanto, vale ressaltar que o vírus ainda continua a sua propagação mesmo com restrições, devido as partículas citadas neste trabalho que podem contaminar as pessoas através do fluxo de ar, a figura 3.12, representa as curvas das populações na região metropolitana.

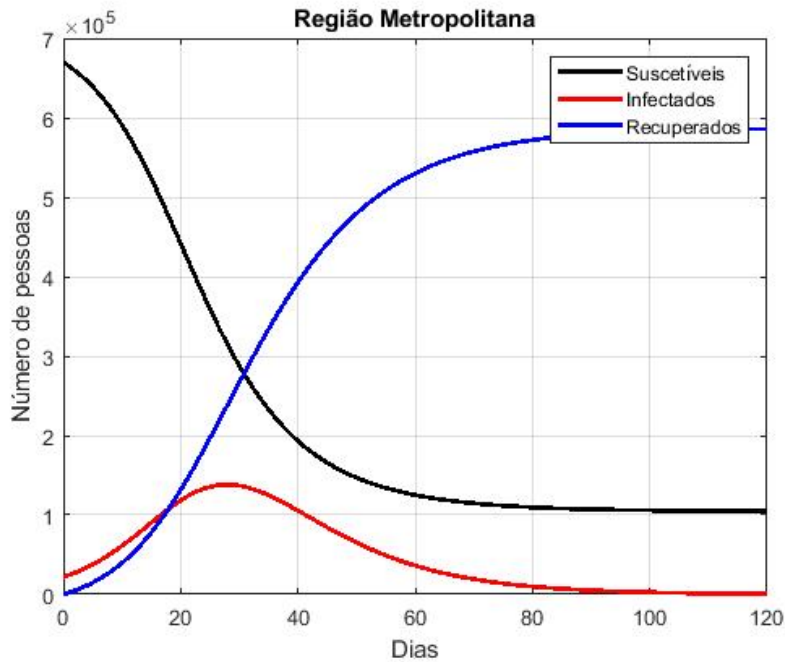


Figura 3.12: Modelo SIR aplicado na região metropolitana do Estado do Amapá.

### 3.2 Análise do Modelo SIRS no Estado do Amapá

O modelo SIRS como informado aqui, é uma adaptação do modelo epidemiológico SIR dividido em três populações, suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados com a diferença das pessoas recuperadas introduzidas novamente na população de suscetíveis. A implementação do modelo SIRS ocorreu através da ferramenta do MATLAB, de maneira a analisar o comportamento das populações que foram fixados em um tempo  $t$  de 90 e 120 dias, a taxa de crescimento  $\beta = 0.216$  e a taxa de recuperados  $\gamma = 0.102$  e  $R_0 = 2.11$ . Os dados utilizados na implementação de ambos os modelos foram coletados do site do Governo do Estado do Amapá para o período de maio de 2020, e testados na população total do Estado. Vale ressaltar que o modelo SIRS implementado, não leva em consideração as medidas de restrições da (OMS) e do Governo do Estado.

- Observando a figura 3.13 (a), onde foi introduzido uma pessoa infectada (I) em uma população de suscetíveis (S) e nota-se que com 18 dias as pessoas começam a se infectar. No entanto, a população de suscetíveis decresce, mas não tende a zero devido a parcela  $\rho R$  de recuperados.
- Nas figuras 3.13 (b), (c) e (d) foi aumentado o número de infectados para 10, 50 e 100 respectivamente, em (d) foi atribuído uma variação no tempo devido adquirir uma melhor observação dos comportamentos das curvas. A diferença do modelo SIRS é atribuído na curva de suscetíveis que não decresce tanto devido  $\rho R$ , a curva de infectados aumenta e ultrapassa de suscetíveis, o ciclo irá se repetir até que tenha uma imunização da população de suscetíveis, sendo a vacinação.

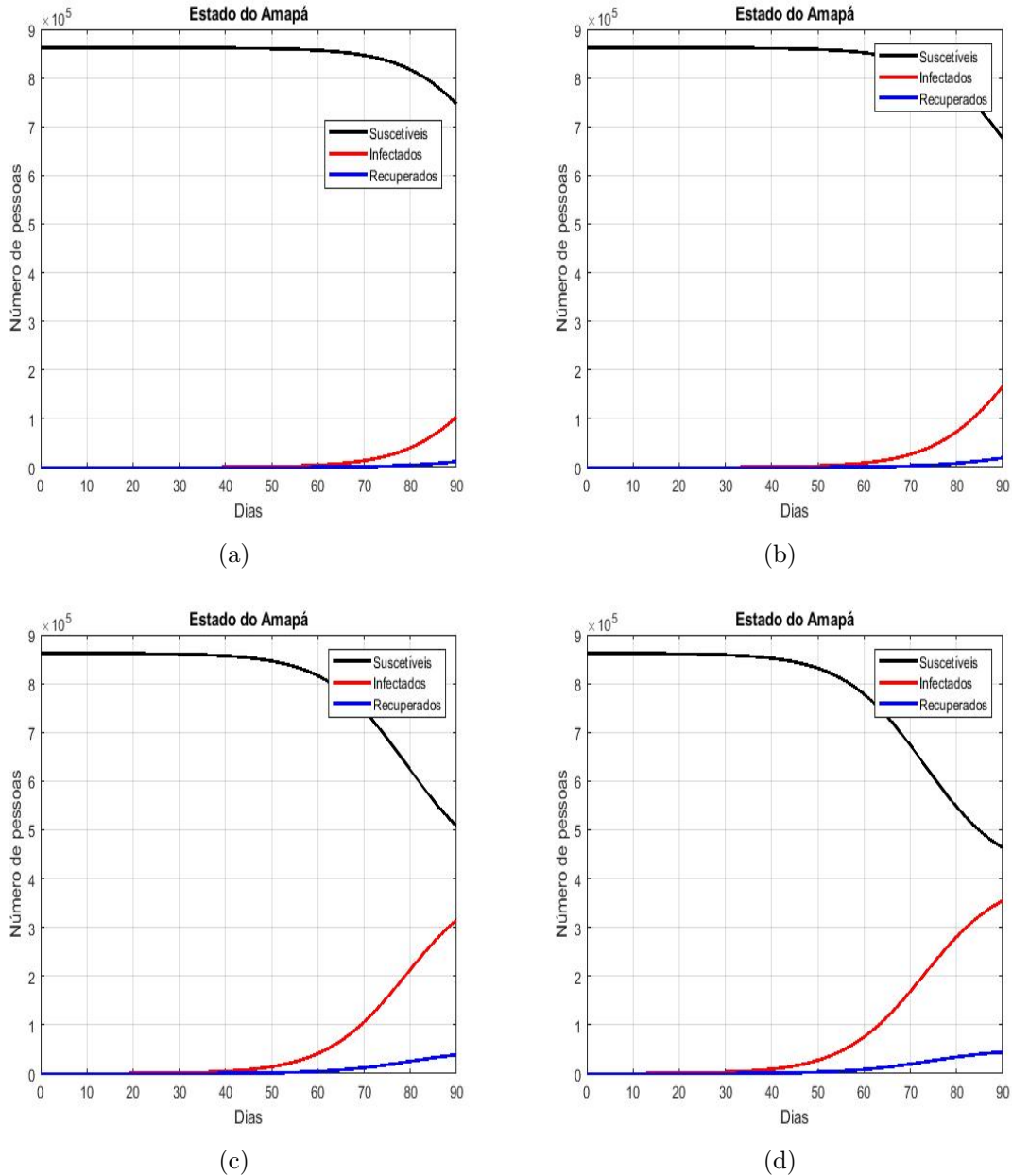


Figura 3.13: Modelo SIRS aplicado na população total do Estado do Amapá.

### 3.2.1 Municípios

O modelo epidemiológico SIRS é caracterizado em sua estrutura modificado do SIR, devido a parcela de pessoas recuperadas  $\rho$  que retorna a população de suscetíveis (S), em outras palavras, a população não atinge a imunidade como em outras doenças presentes no Estado do Amapá. A SARS-COV-2 pode infectar as pessoas mais de uma vez, segundo o relatório da OMS.

A aplicação do modelo SIRS para os municípios da região metropolitana do Estado do Amapá, não tem em sua estrutura as restrições impostas como: uso de máscaras, lockdown, distanciamento de 2 metros, entre outros abordados pelas autoridades para evitar a proliferação do vírus no Estado. No entanto, os resultados obtidos são uma forma de verificar os impactos que o vírus da SARS-COV-2 causariam na região mesmo que de maneira um pouco mais grosseira, sendo que é possível obter modelos derivados do



SIR clássico e do SIRS, que possuem uma estrutura mais refinada para o vírus da SARS em uma pandemia.

Os dados obtidos na seção do modelo SIR clássico, são aproveitados para observar de como o modelo SIRS se comporta, e assim verificar ambos os casos em um espaço de tempo.

### 3.2.2 Macapá

O modelo epidemiológico SIRS para o município de Macapá é realizado com dados e parâmetros reais para observar o comportamento da propagação. De acordo com último censo do IBGE, o município de Macapá possui em sua população total 522.357 pessoas, ou seja, a população de suscetíveis (S) é composta por 522.357 pessoas aptas a adquirir o vírus.

Ressaltando que as datas e dados são do período de 17 de abril de 2020, a confirmação do primeiro caso não tinha nem um mês ainda, a taxa de crescimento do vírus era um pouco alta e de recuperados baixas, o que impõem a reprodução básica do vírus em alta. A segunda data foi dia 1º de agosto, impondo uma taxa de tempo de 4 meses (120 dias), do qual o resultado seria para novembro de 2020.

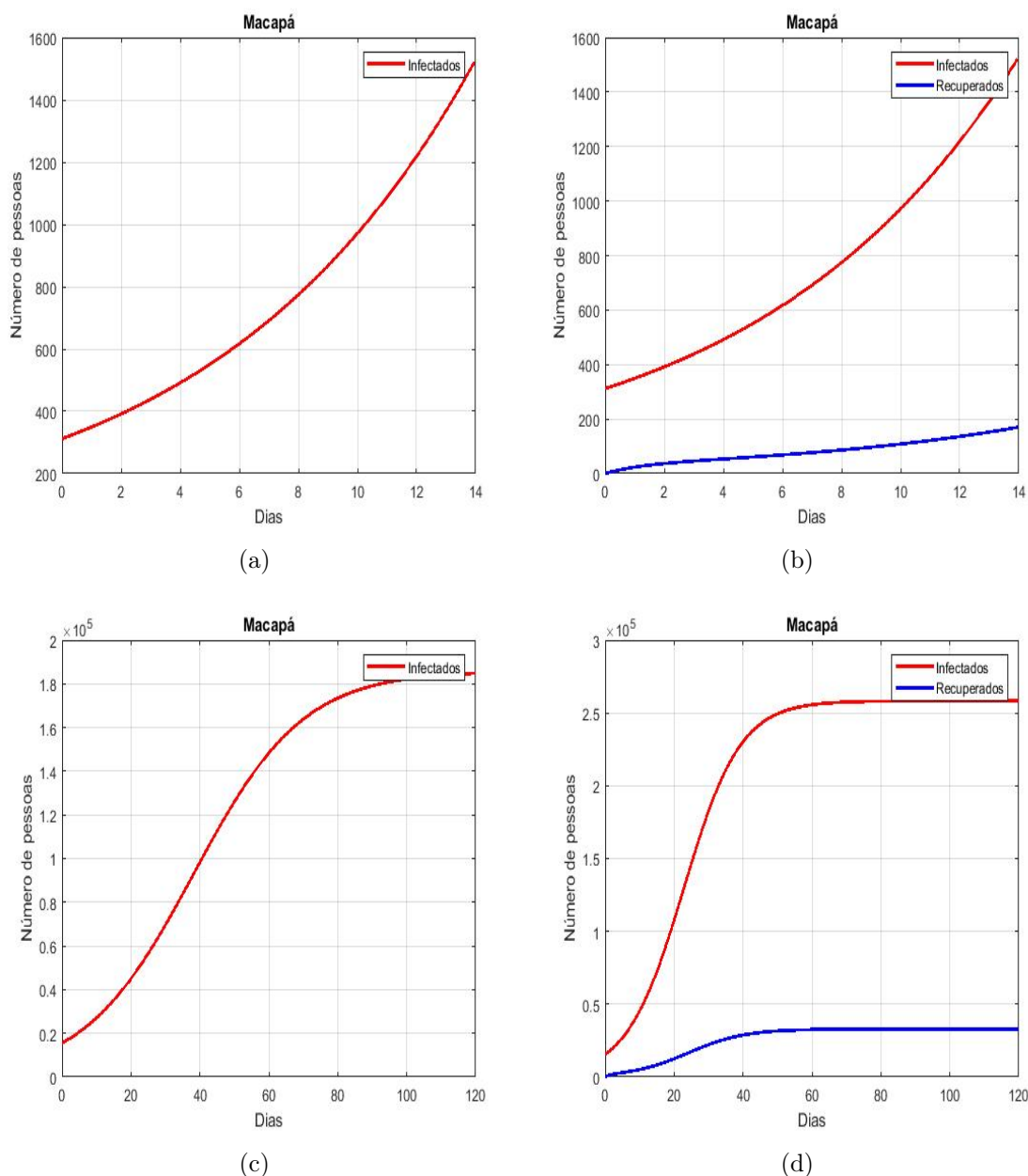


Figura 3.14: Modelo SIRS aplicado na população total do município de Macapá.

Os gráficos da Figura 3.14 que representam o modelo SIRS para o município de Macapá, não levam em sua estrutura as restrições impostas pela Organização Mundial da Saúde (OMS) e atribuídas pelo Governo do Estado, e mostram resultados com dados reais do governo.

- Em (a) e (b) segundo o portal do Governo do Estado, haviam no município de Macapá 312 pessoas infectadas pelo vírus da SARS-COV-2, os parâmetros de contaminação foram de  $\beta = 0.216$ ,  $\gamma = 0.102$ ,  $\rho = 0.999$  e com  $R_0 = 2.60$  utilizando os parâmetros vigentes no início da pandemia, mantendo-os. O número de pessoas infectadas no período de 14 dias seria de aproximadamente 1.800 pessoas, somando as infectadas e recuperadas. As curvas de infectados (I) tendem a aumentar conforme aumenta o tempo  $t$ , e o número de recuperados (R) crescem, no entanto, uma grande parcela de pessoas retornam para a população de suscetíveis (S), pode-se notar isso na curva de recuperados da figura (b).

- Os gráficos (c) e (d), os dados utilizados informava que o vírus havia infectado mais de 2,80% da população da capital Macapá, a população ainda se encontrava em restrições severas. O número de pessoas infectadas em 1° de Agosto era de 15.500 pessoas, a estimativa no modelo SIRS foi 120 dias (4 meses), os parâmetros dessa vez foram de  $\beta = 0.16$ ,  $\gamma = 0.102$ ,  $\rho = 0.999$  e com  $R_0 = 1.57$ , assim a reprodução básica  $R_0 > 1$ . A pandemia tende a crescer em um ritmo mais baixo que o teste inicial, e o número de pessoas infectadas para esse período aplicado seria de um pouco mais de 200 mil pessoas infectadas, ou seja, a população do município de Macapá estaria se infectando e se reinfectando muito rápido mesmo com taxa de crescimento menor.

Os gráficos do modelo SIRS mostram que a população permanece em constante infecção em relação ao vírus, ou seja, as pessoas estão a todo momento se infectando e se reinfectando, isso ocorre devido a parcela de recuperados que retorna para a população de suscetíveis. Esse ciclo irá se repetir a todo tempo, o número de mortes deverá ultrapassar os 10 mil, isso de maneira proporcional ao número de mortes vigente para o número de infectados quando os dados foram coletados. A figura 3.15 representa as curvas das populações em um contexto geral, e o único passo para o fim do ciclo, é a vacinação das pessoas suscetíveis e recuperadas, isso colocará um leve fim ao ciclo.

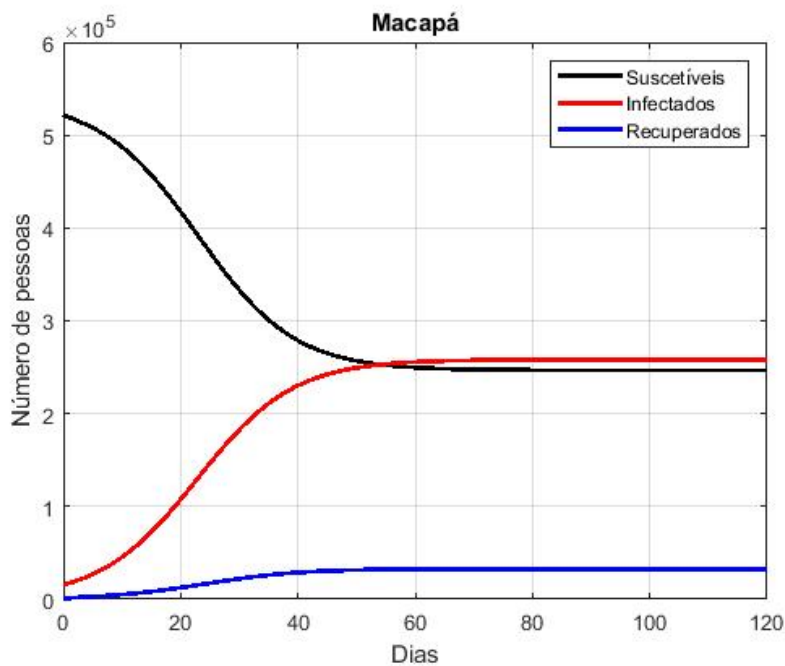


Figura 3.15: Modelo SIRS para população de Macapá.

### 3.2.3 Santana

O município de Santana é o segundo mais populoso do estado do Amapá, perde apenas para a capital Macapá com quem faz fronteira e fica a 20 km de condução, a população total do município é de 124.808 pessoas contando com o distrito do coração que se encontra na divisa entre Macapá e Santana. O trânsito entre as duas cidades é frequente devido a curta distância entre os dois municípios, e devido o número de pessoas que trabalha em um município e reside no outro.

A Figura 3.16 foi elaborada com o objetivo de observar o comportamento do vírus no município de Santana através do modelo SIRS, diferente do modelo SIR, uma parcela de

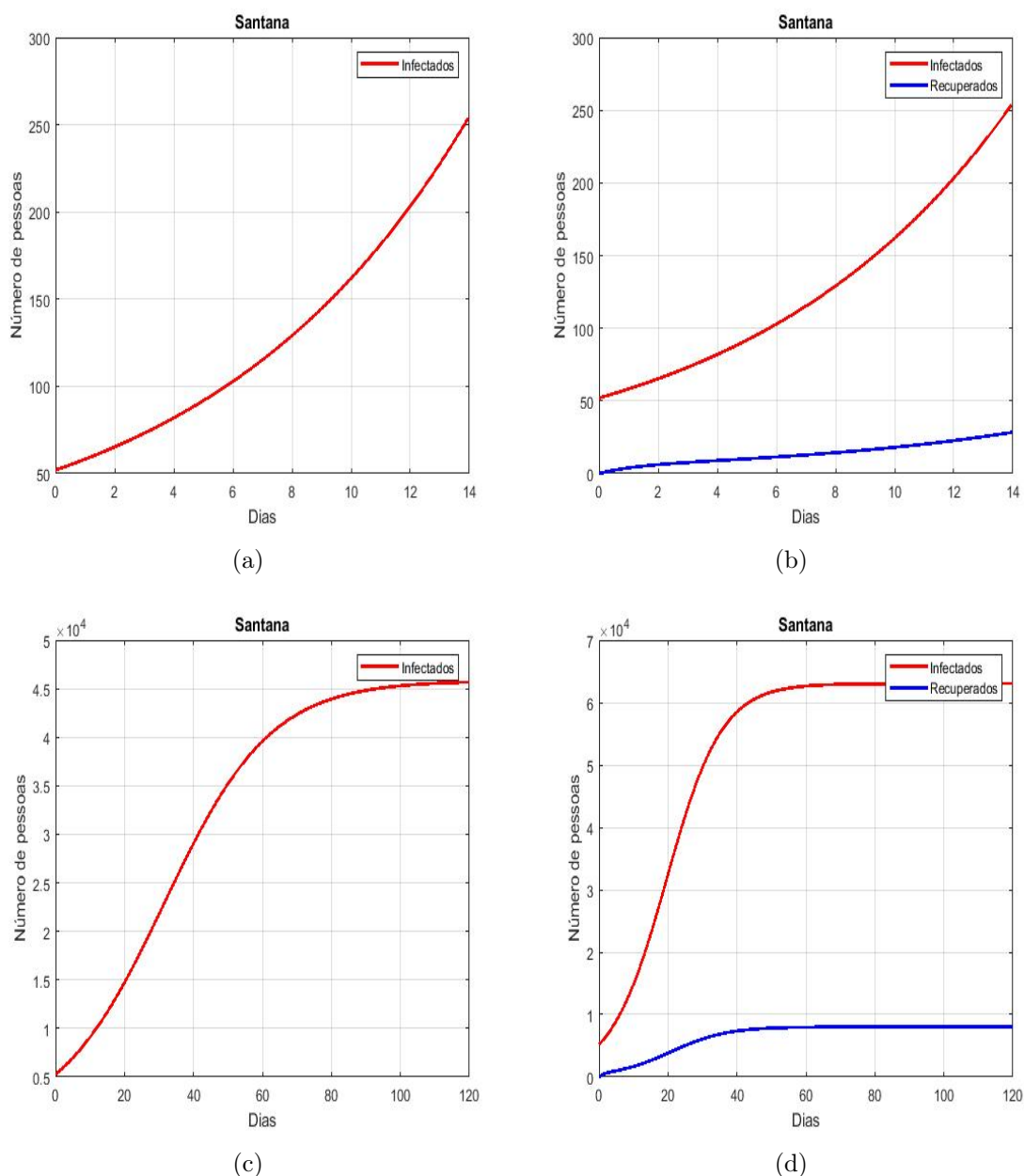


Figura 3.16: Modelo SIRS aplicado na população total do município de Santana.

peças recuperadas da infecção retornam para a população de suscetíveis. As datas em questão são as mesmas impostas anteriormente para o município de Macapá que são 17 de abril de 2020 e 1º de agosto de 2020.

- Em (a) e (b) seguindo os dados do portal do Governo do Estado do Amapá, o município de Santana contava com 52 pessoas infectadas pelo vírus da SARS-COV-2, os parâmetros para o município de Santana são os mesmos utilizados nas projeções do município de Macapá, a diferença está no número de infectados e da população de suscetíveis. As projeções para Santana, mostram que o número de pessoas infectadas no período de duas semanas seria de aproximadamente 127, contando com as pessoas infectadas e recuperadas. Em (b), pode-se observar que a curva de recuperados diferente do modelo SIR, não se estende tanto mantendo um número baixo de pessoas nessa população. Isso acontece devido a parcela de recuperados que retorna para a população de suscetíveis.

- Nota-se em (c) e (d), que o número de infectados inicialmente é maior que em (a). Isso acontece devido o período ser diferente para esses gráficos, os dados utilizados do portal do governo são de 1º de agosto como informado anteriormente, e com isso o município de Santana tinha um pouco mais de 4% da população infectada. As projeções mostram que o número de infectados analisando através do modelo SIRS foi próximo de 55 mil pessoas envolvendo recuperados e infectados. As curvas de ambos mostram que a parcela de recuperados tende a ir para a população de suscetíveis.

O número das projeções observados nos gráficos, mostram que o número de pessoas que poderiam se infectar seria bem maior caso o governo não adotasse as restrições impostas pela OMS, isso evitou um caos de infecções e de mortes no município de Santana, o gráfico 3.17 representa as curvas das populações no município.

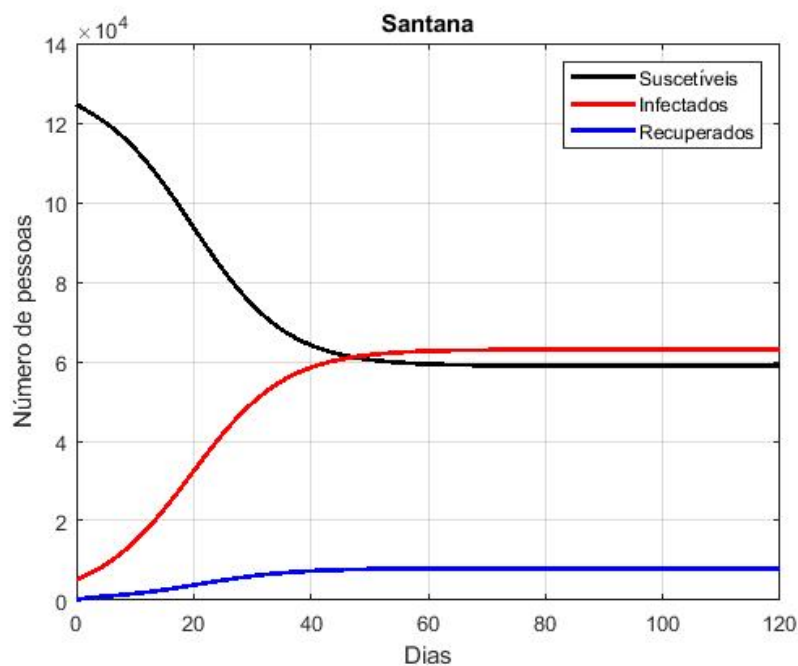


Figura 3.17: Modelo SIRS para população de Santana.

### 3.2.4 Mazagão

Mazagão é um município do Estado do Amapá localizado a 35 km da capital Macapá, e 24 km do município de Santana, a curta distância entre as cidades facilita o transporte do vírus entre elas. Mazagão tem em sua extensão uma grande área de mata verde e se distribui em: Mazagão Novo, Mazagão Velho e Comunidade do Carvão.

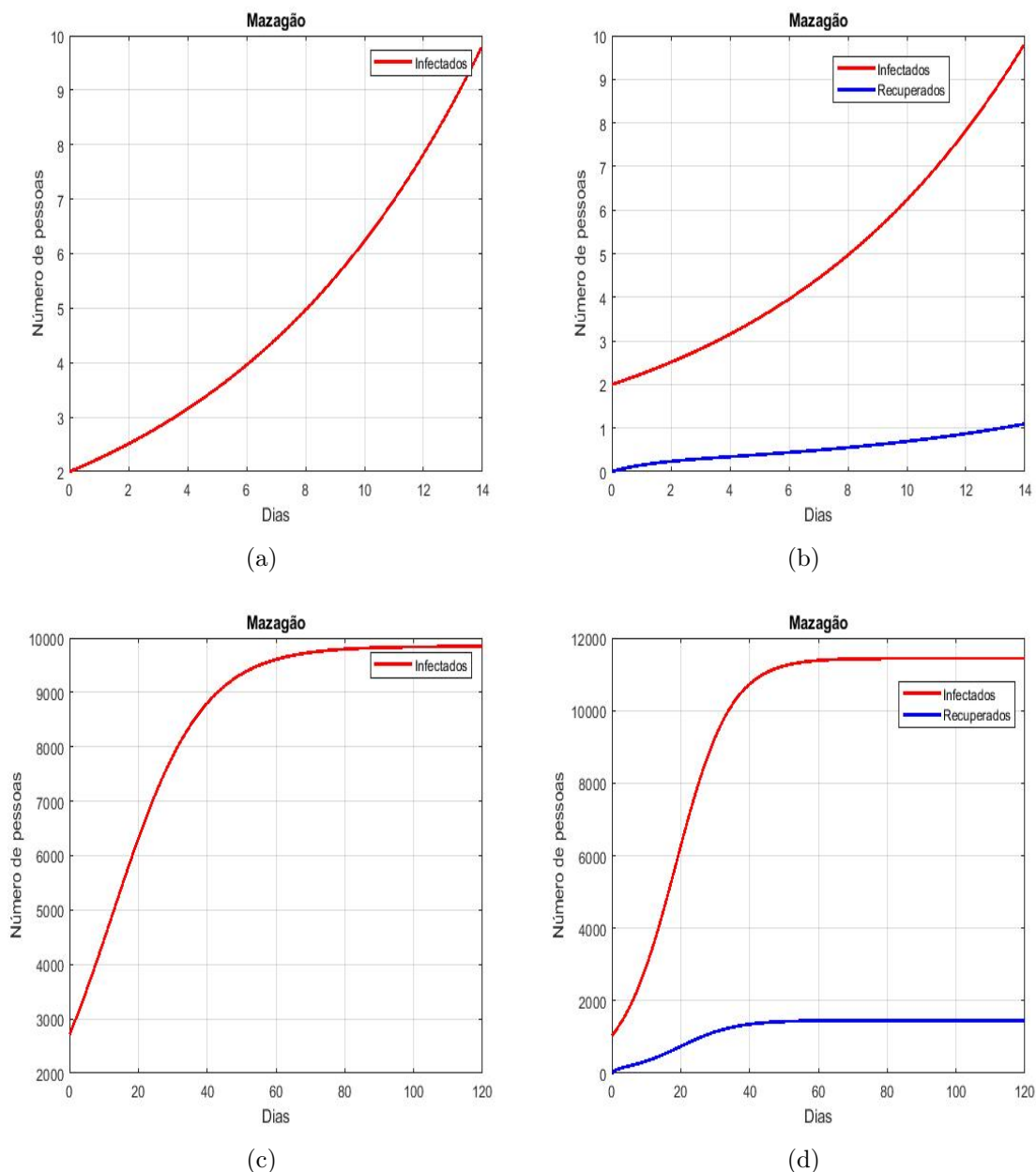


Figura 3.18: Modelo SIRS aplicado na população total do município de Mazagão.

Nos gráficos da Figura 3.18 simulados com o modelo SIRS para o município de Mazagão, a distinção entre Santana e Macapá, é obviamente a população de suscetíveis, sendo que Mazagão conta com uma população total de 22.053 pessoas. As datas são do mês de abril e agosto do ano de 2020, ano em que o vírus castigou o Brasil.

- Nos gráficos (a) e (b) mostram os números de infectados e recuperados para as projeções de duas semanas, a partir do dia 17 de Abril de 2020. Os dados do portal do Governo do Estado do Amapá foram utilizados para essa projeção. O município de Mazagão tinha 2 pessoas infectadas pelo vírus da SARS-COV-2. Os parâmetros

para o município são os mesmos para os demais e as projeções apontam que o número de infectados seria de 46 pessoas. Em (b), a população de recuperados está baixa, devido a parcela de recuperados que retorna para a população de suscetíveis.

- Observe que em (c) e (d), os dados apresentam que a diferença para o modelo SIR é a curva de recuperados, no entanto o número inicial de infectados para essa data era de 1041 pessoas, o parâmetro  $\beta = 0.16$  e  $R_0 = 1.57$ , um pouco menor devido as restrições impostas pelo governo do estado e OMS. Para os 4 meses projetados temos um total de aproximadamente 11.500 pessoas, isso porque a parcela de recuperados está apta novamente a contrair o vírus.

O número de mortes evitadas devido as restrições adotadas pelo governo do Estado do Amapá, e da OMS são significativamente altas, mesmo que essa seja uma maneira mais grosseira de se fazer. Abaixo podemos observar o comportamento do modelo SIRS aplicado no município de Mazagão

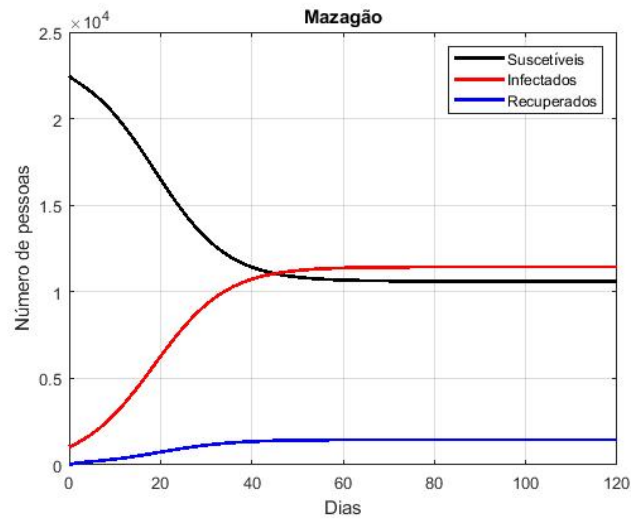


Figura 3.19: Modelo SIRS para população de Mazagão.

### 3.2.5 Região Metropolitana

O modelo SIRS aplicado na região metropolitana do estado do Amapá apenas mostra os dados dos municípios citados anteriormente, e tem o intuito de analisar o comportamento das curvas das populações de infectados, recuperados e suscetíveis. Os parâmetros e datas são os mesmos utilizados nos demais gráficos.

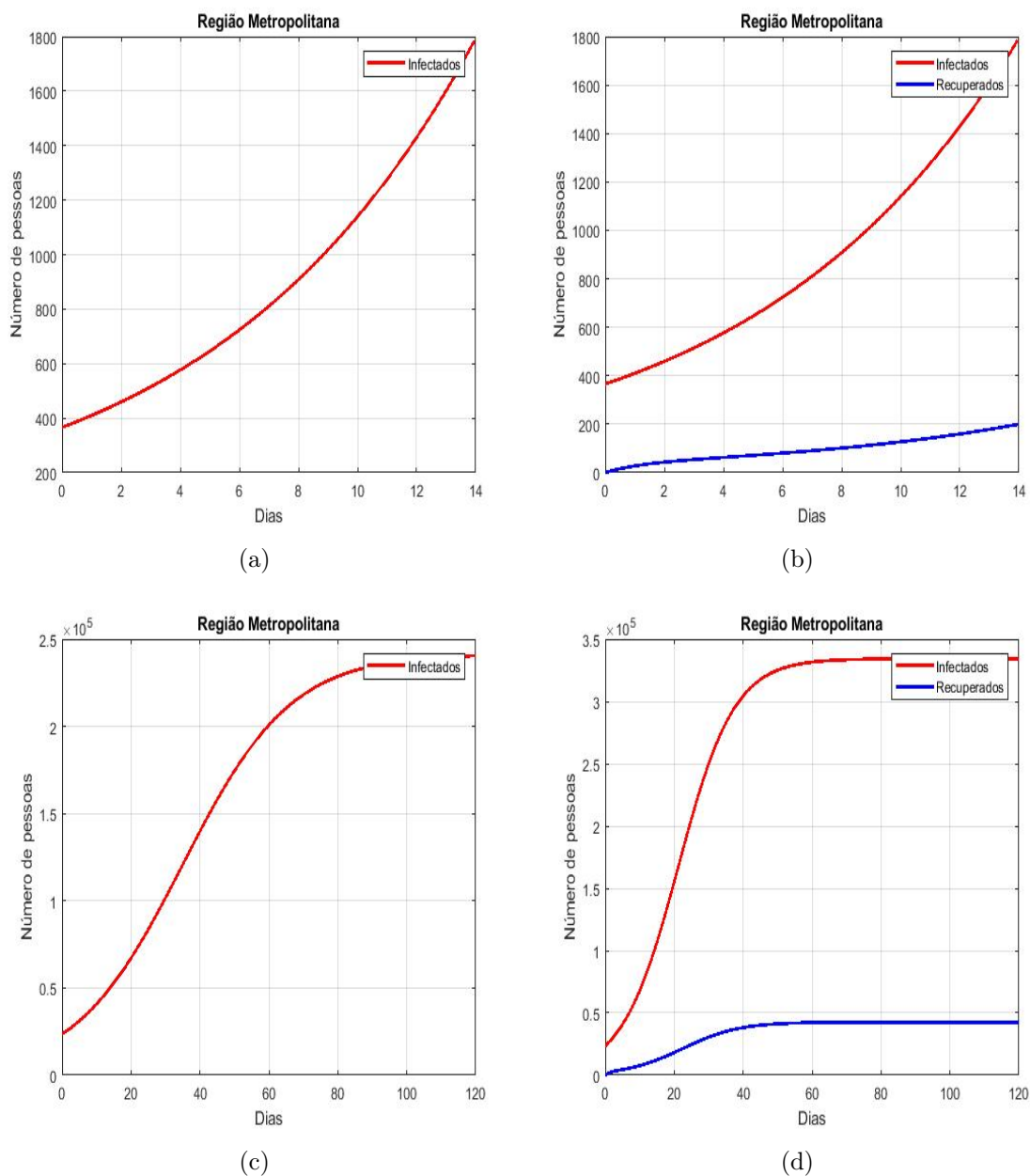


Figura 3.20: Modelo SIRS aplicado na população total da região metropolitana do Estado do Amapá.

- Em (a) e (b) Nota-se o número de aproximadamente 1800 pessoas infectadas pelo vírus, e um pequeno número de pessoas recuperadas, isso ocorre devido a parcela de recuperados que pode adquirir o vírus da SARS-COV-2.
- Nos gráficos (c) e (d), tem-se o número de infectados bem menor comparado ao modelo SIR da seção anterior, o número seria de aproximadamente 250 mil pessoas, com a curva de recuperados baixa.



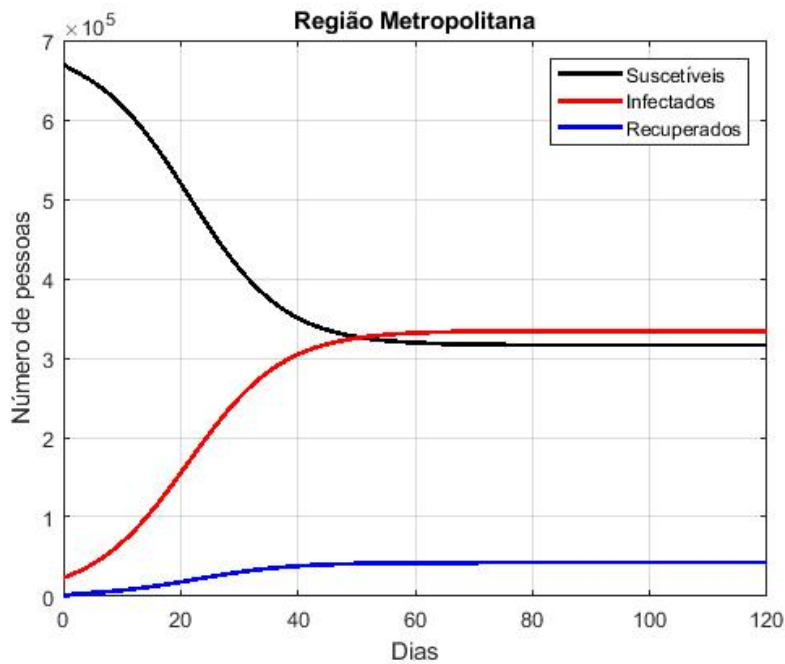


Figura 3.21: Modelo SIRS para população da região metropolitana do Estado do Amapá.

As análises e simulações impostas neste capítulo para o modelo SIR e SIRS para a região metropolitana do Estado do Amapá, mostram fatores importantes adotados pelas autoridades políticas e públicas do Estado para conter o avanço do vírus.

As recomendações visam a proteção social para fazer frente as necessidades emergenciais da população diante da pandemia da SARS-COV-2, dentre as quais aquelas que possibilitam o afastamento social e que não permitem aglomerações, como forma de diminuir a propagação do vírus e o colapso do sistema de saúde.

Através das análises gráficas realizadas nos municípios da região metropolitana do Estado do Amapá, indica a importância das restrições impostas e adotadas pelas OMS e Governo do Estado do Amapá. Atualmente, o Amapá conta com mais de 123.000 pessoas infectadas em todo o Estado, e ultrapassou recentemente o número de 1900 óbitos, sendo 60.000 pessoas infectadas e 1495 óbitos na capital Macapá, Santana chegou ao número de 25.893 pessoas infectadas e de 193 óbitos, e Mazagão chegou aos 3.100 pessoas infectadas e 24 óbitos.

Os gráficos do modelo SIR e SIRS mostram que aproximadamente o número de pessoas infectadas na região metropolitana seria acima de 50% da população. Hoje o estado do Amapá se recupera de uma dura pandemia causada pelo vírus da SARS-COV-2, e mutilou inúmeras famílias no Estado.

No entanto, o presente trabalho tem como objetivo observar como se propagou e ocorreu o trânsito do vírus entre o municípios através de uma análise por partículas carregadas e dispersadas por pessoas. Pretende-se realizar uma análise minuciosa dos modelos epidemiológicos utilizando equações de difusão e advecção, com o intuito de observar a dispersão das populações durante o período da SARS-COV-2 na região metropolitana do Amapá.

## Modelo Proposto

Nesta seção apresentamos inicialmente um estudo sobre os modelos de dispersões que são acoplados nos modelos epidemiológicos SIR e SIRS com o objetivo de analisar o comportamento de contaminação do vírus da SARS-COV-2 na região metropolitana do Estado do Amapá.

### 4.1 Modelo de Dispersão

#### 4.1.1 Difusão

Quando se pensa em dispersão, deve-se imaginar um fluxo populacional, um fluxo do ambiente ou até mesmo pessoas infectadas que ainda não sabem que contém o vírus e que determinam como ocorre a dispersão. Baseando-se nessas informações e condições torna-se possível realizar uma análise dessa dispersão por meio da equação de difusão, pois é capaz de descrever como ocorrerá esse processo de difusão das partículas e de suas gotículas, sendo assim, segue a equação da difusão [11].

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \alpha \frac{\partial u}{\partial x^2}. \quad (4.1)$$

A equação será acoplada ao modelo SIR e SIRS para descrever a disseminação de uma epidemia ou pandemia em um determinado espaço. Sabendo que ambos os modelos dividem os habitantes em três populações, suscetíveis  $S = S(x, t)$ , infectados  $I = I(x, t)$ , e recuperados  $R = R(x, t)$ . As equações que modelam a dispersão espacial das populações no modelo SIR e SIRS, é dado por

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -\alpha_s \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} - \frac{\beta SI}{N_h} + \rho R, \quad (4.2)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = -\alpha_I \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I, \quad (4.3)$$

$$\frac{\partial R}{\partial t} = -\alpha_R \frac{\partial^2 R}{\partial x^2} + \gamma I - \rho R. \quad (4.4)$$

Sabendo que,

- $x \in \omega \subset \mathbb{R}$  representa o domínio espacial e com  $t_f$  o tempo final de análise.
- $S$  é a taxa de pessoas suscetíveis.

- $I$  é a taxa de pessoas infectadas pelo vírus SARS-COV-2.
- $R$  é a taxa de recuperados da doença.
- $\alpha_s$  é a taxa de dispersão de suscetíveis.
- $\alpha_I$  é a taxa de dispersão de infectados.
- $\alpha_R$  é a taxa de dispersão de recuperados.
- $\beta$  é a taxa de infecção, neste caso, o vírus SARS-COV-2.
- $\gamma$  é a taxa de recuperação dos indivíduos infectados.
- $\rho R$  representa a parcela de pessoas que se recuperam da doença e voltam a serem suscetíveis.

As condições iniciais do modelo SIRS são dadas por

$$\begin{cases} S(x, 0, t) = S_0(x, t), \\ I(x, 0, t) = I_0(x, t), \\ R(x, 0, t) = R_0(x, t). \end{cases}$$

Essas condições contribuem no intuito de conhecer como se inicia a propagação do vírus entre as populações de suscetíveis, infectados e recuperados, devido as populações migrarem entre si durante a variação do tempo, espaço e permitindo analisar isso dentro da região metropolitana do Estado do Amapá.

### 4.1.2 Advecção

A equação da advecção representa uma continuidade ou transporte nesse caso de determinadas populações que encontram-se contaminadas ou não pelo vírus da SARS-COV-2.

No propósito de verificar o comportamento dessas gotículas leves contidas nas partículas em meio a fluxo de ar e sua trajetória, torna-se necessário observar tais populações como vetores ou vetor que transportará o vírus para determinados lugares fazendo com que ocorra a contaminação de pessoas suscetíveis que não estejam utilizando meios de prevenção contra o vírus. Assim, para analisar esse comportamento considera a equação da advecção [11].

$$\frac{\partial u}{\partial t} + \nu \frac{\partial u}{\partial x} = 0, \quad (4.5)$$

Sendo:

- $\nu$  é constante.
- $u = u(x, t)$  é uma função tendo  $x$  e  $t$  como variáveis independentes.
- $x$  é a variável espacial.
- $t$  a variável temporal.

A solução da equação é dada por

$$u = f(x - \nu t),$$

em que  $f$  é uma função arbitrária. A equação será aproveitada no modelo matemático com a função de verificar como ocorre o transporte das populações dos modelos na região determinada.

## 4.2 Modelos Epidemiológicos

O modelo utiliza um sistema de equações diferenciais parciais não lineares que modelam a difusão e a advecção, ou seja, o objetivo é analisar como ocorre a disseminação do vírus da SARS-COV-2 e como é transportado em um determinado espaço unidimensional. Neste modelo as três populações variam em função do tempo, as equações que compõem o modelo são

$$\frac{\partial u}{\partial t} - \underbrace{\alpha \Delta u}_{\text{Difusivo}} + \underbrace{\nu \nabla u}_{\text{Advectivo}} = \underbrace{\psi f}_{\text{Fonte}}, \quad (4.6)$$

Sendo:

- $u$  é uma função e variável dependente de  $(x, t)$ .
- $\alpha$  é a taxa de difusão.
- $\nu$  possível tendência de migração, neste caso, o vírus SARS-COV-2.
- $\psi$  é a taxa do crescimento das populações.
- $f$  é a fonte dada através do modelo logístico entre as populações.

O modelo contém as seguintes equações parciais não lineares, com  $x \in \Omega \subset \mathbb{R}$  domínio espacial unidimensional e com  $t \in W = (0, t_f)$  para  $S = S(x, t)$ ,  $I = I(x, t)$  e  $R = R(x, t)$ . Sendo assim, é atribuído ao modelo condições de contorno de Neumann, então

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} & \text{para } \partial\Omega, \\ \frac{\partial I}{\partial t} & \text{para } \partial\Omega, \\ \frac{\partial R}{\partial t} & \text{para } \partial\Omega. \end{cases}$$

O modelo proposto surge de um acoplamento do modelo epidemiológico SIR e SIRS, com as equações da difusão e advecção. A inclusão da difusão no modelo SIR deve ser tratado com cuidado, uma vez que deve-se analisar os parâmetros adequados para uma futura análise numérica.

## 4.3 Modelo SIR Proposto

Os estudos de dispersão populacional com base no modelo epidemiológico SIR, com o intuito de avaliar a propagação do vírus da SARS-COV-2 na região metropolitana do Estado do Amapá, é dado como um sistema de equações [16]. O modelo SIR de acordo com o modelo proposto utilizando a fonte como sendo nula, é dado por

$$\frac{\partial S}{\partial t} = \left( -\frac{\beta SI}{N_h} \right) - \alpha_s \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial S}{\partial x}, \quad (4.7)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \left( \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I \right) - \alpha_I \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial I}{\partial x}, \quad (4.8)$$

$$\frac{\partial R}{\partial t} = \left( \gamma I \right) - \alpha_R \frac{\partial^2 R}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial R}{\partial x}, \quad (4.9)$$

onde as equações são estabelecidas na fronteira  $\omega$  para as variáveis dependentes do modelo.

## 4.4 Modelo SIRS Proposto

O modelo SIRS que é utilizado com base na proposta de modelo para a região do Estado do Amapá com fonte nula, é dado por

$$\frac{\partial S}{\partial t} = \left( -\frac{\beta SI}{N_h} + \rho R \right) - \alpha_s \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial S}{\partial x}, \quad (4.10)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \left( \frac{\beta SI}{N_h} - \gamma I \right) - \alpha_I \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial I}{\partial x} =, \quad (4.11)$$

$$\frac{\partial R}{\partial t} = \left( \gamma I - \rho R \right) - \alpha_R \frac{\partial^2 R}{\partial x^2} + \nu \frac{\partial R}{\partial x}. \quad (4.12)$$

Os modelos epidemiológicos apresentados diferem devido a parcela de recuperados que retornam para a população de suscetíveis, analogamente ao que foi apresentado no Capítulo 2 deste trabalho.

O objetivo principal dos modelos é a análise da propagação do vírus por meio de uma difusão em uma região do Estado do Amapá, considerando a dispersão das populações como fator principal dessa propagação. O estudo com dispersão acoplados aos modelos epidemiológicos permite um estudo e uma discussão sobre o assunto.

A dispersão das populações são consideradas um meio de propagação para doenças respiratórias, e um dos principais fatores de contaminação para pessoas suscetíveis que estão meio de prevenções adequados [16].

As equações das seções 3.3 e 3.4 são importantes para observar o comportamento da dispersão da doença. Aqui será utilizado um método numérico para aproximação de sua solução e análise de comportamento de ambos os modelos SIR e SIRS [15].

## Formulação Numérica

Nesta seção apresentamos os primeiros resultados teóricos obtidos para o problema envolvendo dispersão populacional baseando-se nos modelos da seção anterior. Esses resultados preliminares consistem em uma análise da dispersão populacional e de que maneira contribuiu para propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá.

As aplicações dos métodos numéricos em um programa é tido como uma das principais ferramentas de trabalho para os cálculos numéricos visando uma solução numérica próxima do real. Dentro da programação e implicação de métodos também tem o que se chama de erros, com isso esses erros devem ser quantificados e encontrar uma forma de minimizá-los para uma maior precisão da solução.

Os fatores para determinar os cálculos utilizados são precisão, capacidade e o espaço computacional utilizado. Diante disso, pode-se aprimorar e utilizar os métodos numéricos de modo a fornecer soluções aproximadas de forma precisa e eficaz.

### 5.1 Método de Diferenças Finitas

O método de diferenças finitas consiste em reformular o problema contínuo em um problema discreto usando fórmulas de diferenças finitas tomadas sobre uma malha apropriada. Tal malha consiste em uma representação discreta do domínio  $[a, b]$ , a malha mais simples possível, aquela que consiste de  $N$  pontos igualmente espaçados, chamamos de malha uniforme [11].

O objetivo deste método consiste em discretizar o domínio, e a substituição das derivadas presentes na equação diferencial por aproximações contendo apenas valores numéricos da função, isto é, substituindo as derivadas por uma razão incremental que irá convergir para o valor da derivada, quando o incremento tende a zero, significa que o problema foi discretizado.

Assim, dado um  $x_0$  número real e  $h$  um número positivo, define malha associada a  $x_0$  como um conjunto de pontos, como segue

$$x_i = x_0 \pm ih \quad , \quad i = 1, \dots, N.$$

Nos pontos da malha pode-se calcular as aproximações para uma função  $y(x)$  e suas derivadas [11]. Utilizando a fórmula de Taylor e aplicando o método de diferenças finitas nas equações de difusão e advecção do modelo proposto SIR e SIRS, de maneira a aproximar as soluções do sistema de equações, através da análise da contribuição da dispersão de partículas contaminadas com o vírus das SARS-COV-2 na propagação do vírus, utilizando como ferramenta computacional o MATLAB.

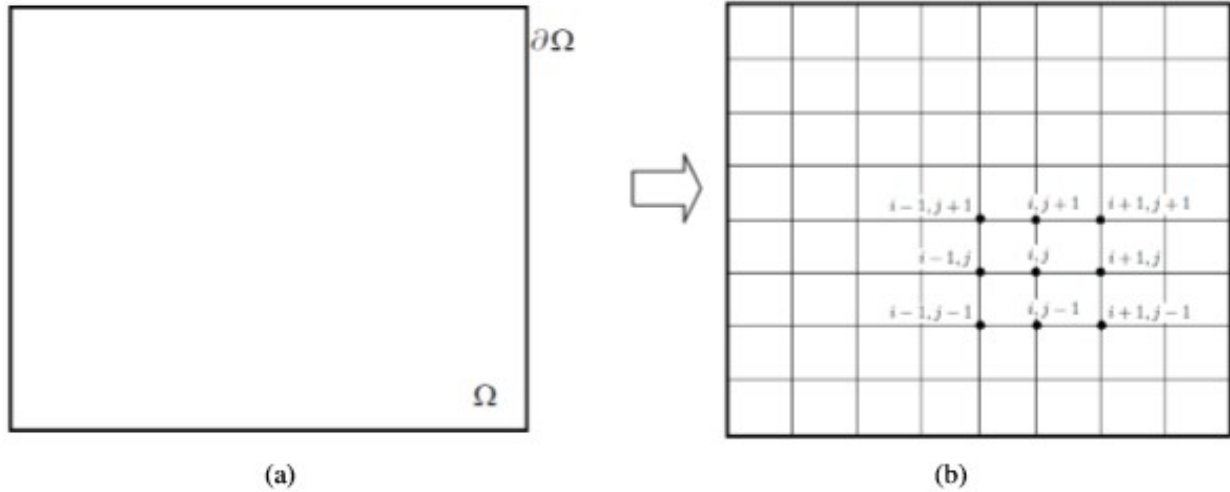


Figura 5.1: Discretização do domínio.  
 Fonte: Discretização de equações diferenciais parciais [11]

## 5.2 Discretização

A discretização dos modelos permitirá obter resultados aproximados para as equações das seções 3.3 e 3.4, e um estudo numérico da propagação do vírus da SARS-COV-2. O método de diferenças finitas é utilizado para aproximar as equações do problema [11].

### 5.2.1 Discretização Temporal

A discretização temporal representa o passo dado em relação ao tempo  $t$  proposto do problema, que são representados e classificados como

- Diferença avançada

$$\frac{\partial U}{\partial t}(i, j) = \frac{U_{i,j+1} - U_{i,j}}{k}, \quad (5.1)$$

- Diferença atrasada

$$\frac{\partial U}{\partial t}(i, j) = \frac{U_{i,j} - U_{i,j-1}}{k}, \quad (5.2)$$

- Diferença centrada para primeira derivada

$$\frac{\partial U}{\partial t}(i, j) = \frac{U_{i,j-1} - U_{i,j+1}}{2k}, \quad (5.3)$$

- Diferença centrada para segunda derivada

$$\frac{\partial^2 U}{\partial t^2}(i, j) = \frac{U_{i,j-1} - 2U_{i,j} + U_{i,j+1}}{k^2}. \quad (5.4)$$

### 5.2.2 Discretização Espacial

A discretização espacial representa o passo no espaço  $x$ , equivalente a

- Diferença avançada

$$\frac{\partial U}{\partial t}(i, j) = \frac{U_{i+1,j} - U_{i,j}}{h}, \quad (5.5)$$

- Diferença atrasada

$$\frac{\partial U}{\partial t}(i, j) = \frac{U_{i,j} - U_{i-1,j}}{h}, \quad (5.6)$$

- Diferença centrada para primeira derivada

$$\frac{\partial U}{\partial t}(i, j) = \frac{U_{i-1,j} - U_{i+1,j}}{2h}, \quad (5.7)$$

- Diferença centrada para segunda derivada

$$\frac{\partial^2 U}{\partial x^2}(i, j) = \frac{U_{i-1,j} - 2U_{i,j} + U_{i+1,j}}{h^2}. \quad (5.8)$$

Essas são as diferenças finitas em relação ao espaço  $x$ . Observe que a variável  $k$  representa  $t$ , como variável temporal do problema e, conseqüentemente,  $h$  representa a variável espacial do problema [11].

### 5.3 Discretização do Modelo SIR

Aplicando o método de diferenças finitas nas equações do modelo SIR, com o objetivo de analisar o comportamento da propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá, considerando inicialmente a fonte nula.

$$\frac{S_{i,j+1} - S_{i,j}}{k} = \left( -\frac{\beta S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} \right) - \alpha_s \left( \frac{S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_s \left( \frac{S_{i+1,j} - S_{i,j}}{h} \right), \quad (5.9)$$

$$\frac{I_{i,j+1} - I_{i,j}}{k} = \left( -\frac{\beta S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma I_{i,j} \right) - \alpha_I \left( \frac{I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_I \left( \frac{I_{i+1,j} - I_{i,j}}{h} \right), \quad (5.10)$$

$$\frac{R_{i,j+1} - R_{i,j}}{k} = (\gamma I_{i,j}) - \alpha_R \left( \frac{R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_R \left( \frac{R_{i+1,j} - R_{i,j}}{h} \right). \quad (5.11)$$

Realizando as manipulações algébricas, obtém-se

$$S_{i,j+1} - S_{i,j} = k \left[ \left( -\frac{\beta S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} \right) - \alpha_s \left( \frac{S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_s \left( \frac{S_{i+1,j} - S_{i,j}}{h} \right) \right], \quad (5.12)$$

$$I_{i,j+1} - I_{i,j} = k \left[ \left( \frac{\beta S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma I_{i,j} \right) - \alpha_I \left( \frac{I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_I \left( \frac{I_{i+1,j} - I_{i,j}}{h} \right) \right], \quad (5.13)$$

$$R_{i,j+1} - R_{i,j} = k \left[ (\gamma I_{i,j}) - \alpha_R \left( \frac{R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_R \left( \frac{R_{i+1,j} - R_{i,j}}{h} \right) \right]. \quad (5.14)$$

Sendo assim,

$$S_{i,j+1} - S_{i,j} = \left( -\frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} \right) - \left( \frac{\alpha_s k}{h^2} \right) \left( S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_s k}{h} \right) \left( S_{i+1,j} - S_{i,j} \right), \quad (5.15)$$

$$I_{i,j+1} - I_{i,j} = \left( \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_I k}{h^2} \right) \left( I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_I k}{h} \right) \left( I_{i+1,j} - I_{i,j} \right), \quad (5.16)$$



$$R_{i,j+1} - R_{i,j} = \left( \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_R k}{h^2} \right) \left( R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_R k}{h} \right) \left( R_{i+1,j} - R_{i,j} \right). \quad (5.17)$$

Logo, isolando os termos com  $i, j + 1$ , tem-se

$$S_{i,j+1} = S_{i,j} + \left( -\frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} \right) - \left( \frac{\alpha_s k}{h^2} (S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j}) \right) + \left( \frac{\nu_I k}{h} (S_{i+1,j} - S_{i,j}) \right), \quad (5.18)$$

$$I_{i,j+1} = I_{i,j} + \left( \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_I k}{h^2} (I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j}) \right) + \left( \frac{\nu_I k}{h} (I_{i+1,j} - I_{i,j}) \right), \quad (5.19)$$

$$R_{i,j+1} = R_{i,j} + \left( \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_R k}{h^2} (R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j}) \right) + \left( \frac{\nu_R k}{h} (R_{i+1,j} - R_{i,j}) \right). \quad (5.20)$$

Para facilitar a visualização das equações discretizadas, considera  $\omega_S = \frac{\alpha_s k}{h^2}$ ,  $\omega_I = \frac{\alpha_I k}{h^2}$ ,  $\omega_R = \frac{\alpha_R k}{h^2}$ ,  $\vartheta_s = \frac{\nu_s k}{h}$ ,  $\vartheta_I = \frac{\nu_I k}{h}$  e  $\vartheta_R = \frac{\nu_R k}{h}$ . Substituindo nas equações (5.18) – (5.20), tem-se

$$S_{i,j+1} = S_{i,j} + \left( -\frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} \right) - \left( \omega_S \right) \left( S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j} \right) + \left( \vartheta_s \right) \left( S_{i+1,j} - S_{i,j} \right), \quad (5.21)$$

$$I_{i,j+1} = I_{i,j} + \left( \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \omega_I \right) \left( I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j} \right) + \left( \vartheta_I \right) \left( I_{i+1,j} - I_{i,j} \right), \quad (5.22)$$

$$R_{i,j+1} = R_{i,j} + \left( \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \omega_R \right) \left( R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j} \right) + \left( \vartheta_R \right) \left( R_{i+1,j} - R_{i,j} \right). \quad (5.23)$$

Reagrupando os termos, obtém-se

$$S_{i,j+1} = \left( S_{i,j} - \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + 2\omega_S S_{i,j} - \vartheta_S S_{i,j} \right) - \left( \omega_S S_{i-1,j} \right) + \left( -\omega_S S_{i+1,j} + \vartheta_S S_{i+1,j} \right), \quad (5.24)$$

$$I_{i,j+1} = \left( I_{i,j} + \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + 2\omega_I I_{i,j} - \vartheta_I I_{i,j} - \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \omega_I I_{i-1,j} \right) + \left( -\omega_I I_{i+1,j} + \vartheta_I I_{i+1,j} \right), \quad (5.25)$$

$$R_{i,j+1} = \left( R_{i,j} + 2\omega_R R_{i,j} - \vartheta_R R_{i,j} \right) + \left( \gamma k I_{i,j} - \omega_R R_{i-1,j} \right) + \left( -\omega_R R_{i+1,j} + \vartheta_R R_{i+1,j} \right). \quad (5.26)$$

Sendo assim, obtém-se equações discretizadas do modelo proposto SIR, que será aplicado com o auxílio da ferramenta computacional MATLAB, com o intuito de se obter resultados da propagação do vírus da COVID-19 na região metropolitana do Estado do Amapá.

Simplificando ainda mais essas equações, tem-se

$$S_{i,j+1} = S_{i,j} \left( 1 - \frac{\beta k I_{i,j}}{N_h} + 2\omega_S - \vartheta_S \right) - \left( \omega_S S_{i-1,j} \right) + S_{i+1,j} \left( -\omega_S + \vartheta_S \right), \quad (5.27)$$

$$I_{i,j+1} = I_{i,j} \left( 1 + \frac{\beta k S_{i,j}}{N_h} + 2\omega_I - \vartheta_I - \gamma k \right) - \left( \omega_I I_{i-1,j} \right) + I_{i+1,j} \left( -\omega_I + \vartheta_I \right), \quad (5.28)$$

$$R_{i,j+1} = R_{i,j} \left( 1 + 2\omega_R - \vartheta_R \right) + \left( \gamma k I_{i,j} \right) - \omega_R R_{i-1,j} + R_{i+1,j} \left( -\omega_R + \vartheta_R \right). \quad (5.29)$$

A partir dessas equações utiliza-se a ferramenta computacional MATLAB, visando a realização de testes e aplicações na região metropolitana do Estado do Amapá. Inicialmente, sabendo que o modelo SIR obtém pontos de equilíbrio como visto anteriormente, então é possível a verificação dos pontos de equilíbrio do modelo SIR proposto. A análise desses pontos é realizada graficamente para melhor compreensão,

### 5.3.1 Pontos de Equilíbrio do Modelo Proposto SIR

Baseando-se nas mesmas condições de pontos de equilíbrio e estabilidade dos modelos inicialmente apresentados, considerando que os modelos SIR e SIRS propostos admitem dois pontos de equilíbrio, sendo um deles denominado de livre da doença  $E_1 = (0, 0)$  e o outro um ponto endêmico da doença, e considerando que um desses pontos é estável ou assintoticamente estável, tem-se as suas representações conforme mostram as figuras abaixo.

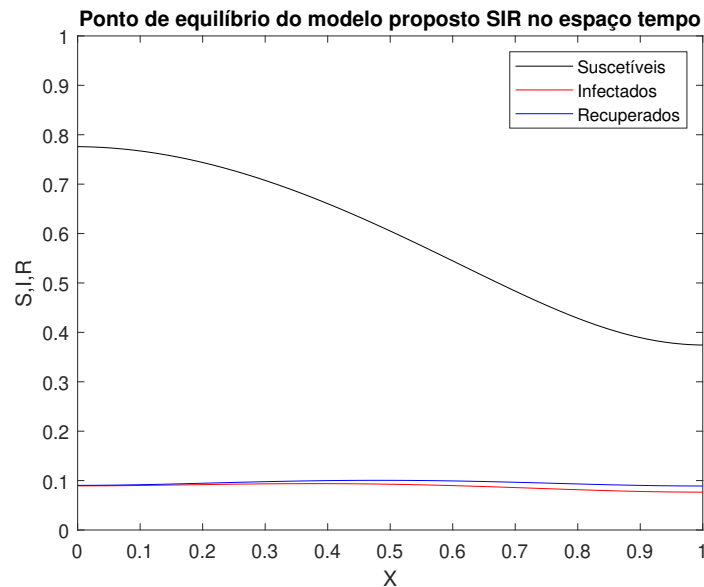


Figura 5.2: Ponto de equilíbrio livre da doença do modelo proposto SIR.

Para obtenção do ponto de equilíbrio livre da doença, utilizou-se o fator difusivo  $\alpha = 0.5$ , o fator advectivo  $\vartheta = 0.5$ ,  $\beta = 0.2$ ,  $\gamma = 1.2$ ,  $k = 1.4$  com o objetivo de  $R_0 = 0.17 < 1$ , que segundo o Teorema 1, a doença tende a desaparecer. A seguir, a Figura 5.3 mostra o ponto de equilíbrio endêmico do modelo proposto SIR, considerando uma população pequena de 10 pessoas, com 3 infectadas, e os parâmetros de  $\beta = 5$  e  $\gamma = 2$  para que  $R_0 = 2.5 > 1$ , que segundo o Teorema 1, a doença tende a aumentar.

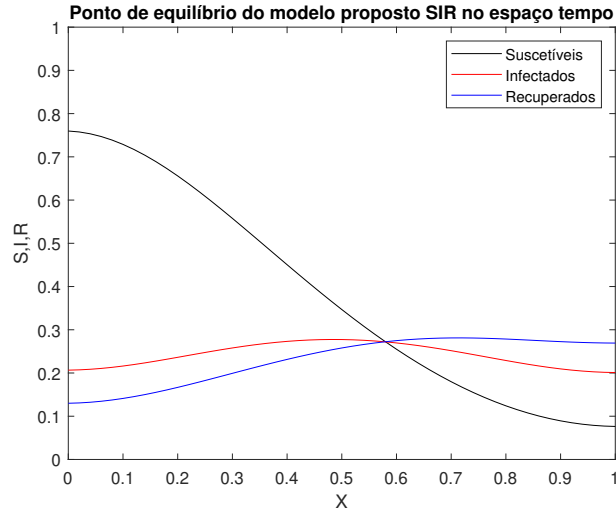


Figura 5.3: Ponto de equilíbrio endêmico do modelo proposto SIR.

## 5.4 Discretização do Modelo SIRS

Aplicando o método de diferenças finitas nas equações do modelo SIRS, com o objetivo análogo ao modelo SIR de investigar a propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá, onde agora as pessoas podem se reinfectar. A maneira é análoga ao caso anterior, apenas com a diferença na parcela de recuperados que retorna para a população de suscetíveis, como segue,

$$\frac{S_{i,j+1} - S_{i,j}}{k} = \left( -\frac{\beta S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + \rho R_{i,j} \right) - \alpha_s \left( \frac{S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_s \left( \frac{S_{i,j+1} - S_{i,j}}{h} \right), \quad (5.30)$$

$$\frac{I_{i,j+1} - I_{i,j}}{k} = \left( -\frac{\beta S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma I_{i,j} \right) - \alpha_I \left( \frac{I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_I \left( \frac{I_{i,j+1} - I_{i,j}}{h} \right), \quad (5.31)$$

$$\frac{R_{i,j+1} - R_{i,j}}{k} = \left( \gamma I_{i,j} - \rho R_{i,j} \right) - \alpha_R \left( \frac{R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_R \left( \frac{R_{i,j+1} - R_{i,j}}{h} \right). \quad (5.32)$$

De maneira análoga, realizando as manipulações algébricas, obtém-se

$$S_{i,j+1} - S_{i,j} = k \left( \left( -\frac{\beta S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + \rho R_{i,j} \right) - \alpha_s \left( \frac{S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_s \left( \frac{S_{i+1,j} - S_{i,j}}{h} \right) \right), \quad (5.33)$$

$$I_{i,j+1} - I_{i,j} = k \left( \left( \frac{\beta S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma I_{i,j} \right) - \alpha_I \left( \frac{I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_I \left( \frac{I_{i+1,j} - I_{i,j}}{h} \right) \right), \quad (5.34)$$

$$R_{i,j+1} - R_{i,j} = k \left( \left( \gamma I_{i,j} - \rho R_{i,j} \right) - \alpha_R \left( \frac{R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j}}{h^2} \right) + \nu_R \left( \frac{R_{i+1,j} - R_{i,j}}{h} \right) \right). \quad (5.35)$$

Sendo assim,

$$S_{i,j+1} - S_{i,j} = \left( -\frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + \rho R_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_s k}{h^2} \right) \left( S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_s k}{h} \right) \left( S_{i+1,j} - S_{i,j} \right). \quad (5.36)$$

$$I_{i,j+1} - I_{i,j} = \left( \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_I k}{h^2} \right) \left( I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_I k}{h} \right) \left( I_{i+1,j} - I_{i,j} \right), \quad (5.37)$$

$$R_{i,j+1} - R_{i,j} = \left( \gamma k I_{i,j} - \rho k R_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_R k}{h^2} \right) \left( R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_R k}{h} \right) \left( R_{i+1,j} - R_{i,j} \right). \quad (5.38)$$

Logo, isolando os termos com  $i, j + 1$ , tem-se

$$S_{i,j+1} = S_{i,j} + \left( -\frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + \rho R_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_S k}{h^2} \right) \left( S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_S k}{h} \right) \left( S_{i+1,j} - S_{i,j} \right), \quad (5.39)$$

$$I_{i,j+1} = I_{i,j} + \left( \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_I k}{h^2} \right) \left( I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_I k}{h} \right) \left( I_{i+1,j} - I_{i,j} \right), \quad (5.40)$$

$$R_{i,j+1} = R_{i,j} + \left( \gamma k I_{i,j} - \rho k R_{i,j} \right) - \left( \frac{\alpha_R k}{h^2} \right) \left( R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j} \right) + \left( \frac{\nu_R k}{h} \right) \left( R_{i+1,j} - R_{i,j} \right). \quad (5.41)$$

De modo análogo ao modelo SIR, considera  $\omega_S = \frac{\alpha_S k}{h^2}$ ,  $\omega_I = \frac{\alpha_I k}{h^2}$ ,  $\omega_R = \frac{\alpha_R k}{h^2}$ ,  $\vartheta_S = \frac{\nu_S k}{h}$ ,  $\vartheta_I = \frac{\nu_I k}{h}$  e  $\vartheta_R = \frac{\nu_R k}{h}$ . Substituindo nas equações (5.39) – (5.41), tem-se

$$S_{i,j+1} = S_{i,j} + \left( -\frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + \rho k R_{i,j} \right) - \omega_S \left( S_{i-1,j} - 2S_{i,j} + S_{i+1,j} \right) + \vartheta_I \left( S_{i+1,j} - S_{i,j} \right), \quad (5.42)$$

$$I_{i,j+1} = I_{i,j} + \left( \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} - \gamma k I_{i,j} \right) - \omega_I \left( I_{i-1,j} - 2I_{i,j} + I_{i+1,j} \right) + \vartheta_I \left( I_{i+1,j} - I_{i,j} \right), \quad (5.43)$$

$$R_{i,j+1} = R_{i,j} + \left( \gamma k I_{i,j} - \rho k R_{i,j} \right) - \omega_R \left( R_{i-1,j} - 2R_{i,j} + R_{i+1,j} \right) + \vartheta_R \left( R_{i+1,j} - R_{i,j} \right). \quad (5.44)$$

Para uma melhor visualização da equação, torna-se necessário que

$$S_{i,j+1} = \left( S_{i,j} - \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + 2\omega_S S_{i,j} - \vartheta_S S_{i,j} \right) + \left( \rho k R_{i,j} - \omega_S S_{i-1,j} \right) + \left( -\omega_S S_{i+1,j} + \vartheta_S S_{i+1,j} \right), \quad (5.45)$$

$$I_{i,j+1} = \left( I_{i,j} + \left( \frac{\beta k S_{i,j} I_{i,j}}{N_h} + 2\omega_I I_{i,j} - \vartheta_I I_{i,j} - \gamma k I_{i,j} \right) - \left( \omega_I I_{i-1,j} \right) + \left( -\omega_I I_{i+1,j} + \vartheta_I I_{i+1,j} \right) \right), \quad (5.46)$$

$$R_{i,j+1} = \left( R_{i,j} + 2\omega_R R_{i,j} + \rho k R_{i,j} - \vartheta_R R_{i,j} \right) + \left( \gamma k I_{i,j} - \omega_R R_{i-1,j} \right) + \left( -\omega_R R_{i+1,j} + \vartheta_R R_{i+1,j} \right). \quad (5.47)$$

Sendo assim, agrupando ainda mais os termos tem-se

$$S_{i,j+1} = S_{i,j} \left( 1 - \frac{\beta k I_{i,j}}{N_h} + 2\omega_S - \vartheta_S \right) + \left( \rho k R_{i,j} - \omega_S S_{i-1,j} \right) + S_{i+1,j} \left( -\omega_S + \vartheta_S \right), \quad (5.48)$$

$$I_{i,j+1} = I_{i,j} \left( 1 + \frac{\beta k S_{i,j}}{N_h} + 2\omega_I - \vartheta_I - \gamma k \right) - \left( \omega_I I_{i-1,j} \right) + I_{i+1,j} \left( -\omega_I + \vartheta_I \right), \quad (5.49)$$

$$R_{i,j+1} = R_{i,j} \left( 1 + 2\omega_R - \rho k - \vartheta_R \right) + \left( \gamma k I_{i,j} - \omega_R R_{i-1,j} \right) + R_{i+1,j} \left( -\omega_R + \vartheta_R \right). \quad (5.50)$$

As equações discretizadas tem o objetivo de analisar o comportamento da difusão da doença do vírus da SARS-COV-2 na região metropolitana do Estado do Amapá. A implementação das equações é realizada com o auxílio da ferramenta computacional MATLAB.

Espera-se que através do modelo proposto e seus resultados, a propagação da doença em uma determinada região seja avaliada. Podendo também ser utilizada para outras situações futuras em outras doenças que venham a surgir. Apesar de ser uma maneira um pouco menos sofisticada de ser observar o comportamento de uma propagação de determinada doença, pode ser utilizada para casos como H1N1, gripe aviária, entre outras doenças SARS.

### 5.4.1 Pontos de Equilíbrio do Modelo Proposto SIRS

O modelo SIRS proposto possui um fator de relevância em sua estrutura, pois neste modelo considera-se que uma determinada parcela de pessoas recuperadas retornem para população de suscetíveis, e de maneira análoga ao modelo SIR baseando-se que existem dois pontos de equilíbrio de  $e_1 = (0, 0)$  denominado de livre da doença, e o ponto endêmico onde as curvas das populações de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) se encontram. Em relação a estabilidade dos pontos, como analisado no início do trabalho, tem-se um ponto instável, e outro ponto estável ou assintoticamente estável, respectivamente.

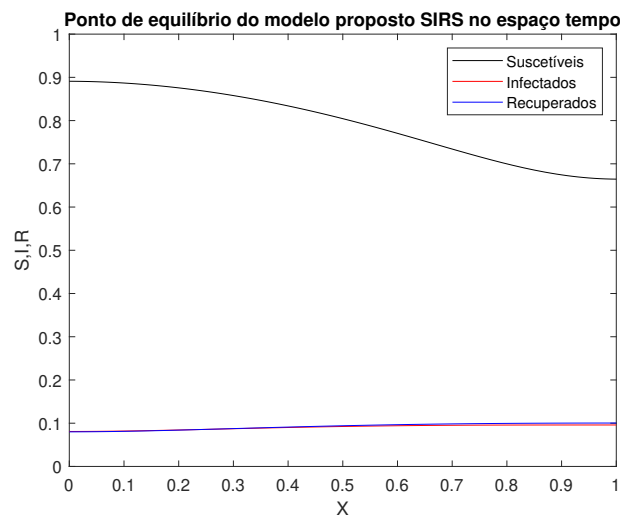


Figura 5.4: Ponto de equilíbrio livre da doença do modelo proposto SIRS.

Na Figura 5.4 considerou-se os parâmetros do fator difusivo  $\alpha = 0.5$ , o fator advectivo  $\vartheta = 0.5$ ,  $\beta = 0.2$ ,  $\gamma = 1.2$ ,  $k = 1.1$ ,  $\rho = 0.9$  com o objetivo do  $R_0 = 0.17 < 1$ , que segundo o Teorema 1, a doença tende a desaparecer. Note que os parâmetros de  $\beta$  e  $\gamma$  são os mesmos do modelo SIR.

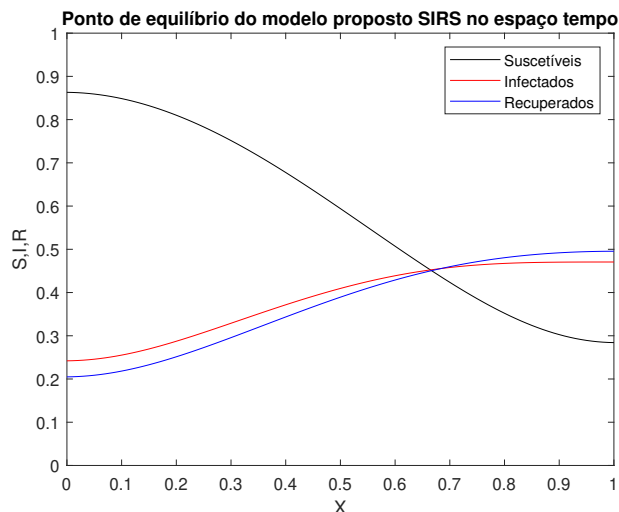


Figura 5.5: Ponto de equilíbrio endêmico da doença do modelo proposto SIRS.

Na figura 5.5 utilizou-se os parâmetros de  $\beta = 5.2$ ,  $\gamma = 2$ ,  $\rho = 0.9$ ,  $k = 0.5$  e  $R_0 = 2.60$ , e levou-se em consideração o fator difusivo  $\alpha = 0.5$ , o fator advectivo  $\vartheta = 0.5$  em uma população muito pequena de 10 pessoas para ambos os modelos, adicionando duas pessoas infectadas. Ressaltando que o interesse neste trabalho é de analisar o comportamento dos modelos propostos na região metropolitana do Estado do Amapá.



# Aplicações

Nesta seção é apresentada aplicações dos modelos propostos SIR e SIRS na população da região metropolitana do Estado do Amapá, conforme apresentado no modelo SIR e SIRS. Utilizando o MATLAB foi desenvolvido um código por meio das equações discretizadas que foram testadas para a utilização dos pontos de equilíbrio de ambos os modelos. A partir desse código, foram observados vários parâmetros de dados reais fornecidos pelo Governo do Estado do Amapá e da Secretária de Vigilância Sanitária, e as condições iniciais foram baseadas em uma suposição do qual todas as populações tenham uma distribuição normal no intervalo  $[0, 1]$ . Desse modo, as condições iniciais para os modelos SIR e SIRS são  $S^0 = 0.9e^{(-kx)^2}$ ,  $I^0 = 0.3e^{-k(x-0.8)^2}$  e  $R^0 = e^{-k(x-0.6)^2}$ . Os gráficos apresentados neste capítulo mostram a distribuição inicial juntamente com a distribuição no tempo.

## 6.1 Análise do Modelo SIR Proposto

Pretende-se analisar o comportamento do modelo proposto SIR em relação a dispersão do vírus da SARS-COV-2 na região metropolitana do Estado do Amapá. Para isso, foram realizadas simulações numéricas para os municípios que pertencem a esta região utilizando este modelo. Considerando as populações dos municípios em relação ao último censo do IBGE (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística), e as informações da Secretária de Vigilância Sanitária do Estado do Amapá para gerar os gráficos com auxílio da ferramenta computacional MATLAB. A data utilizada para as simulações são do dia 17 de abril de 2020, onde a propagação da SARS ainda estava em seu início.

Baseando-se nos dados compartilhados pelo Governo do Estado do Amapá, na data de 17 de abril havia no estado um número expressivo de infectados com a SARS-COV-2 e a região metropolitana contava com pelo menos 2 infectados por município. E, ainda, segundo dados da UNIFAP (Universidade Federal do Amapá), a taxa de recuperados que se encontrava vigente no período era  $\gamma = 0.102$  e a taxa de crescimento da doença  $\beta = 0.216$ , obtendo uma taxa de reprodução básica ou basal maior que 1, fazendo com que a contaminação de pessoas suscetíveis contraíssem a doença.

### 6.1.1 Capital Macapá

O maior município em termos populacionais do Amapá contendo mais de 60% da população de todo o Estado, nesse período estava em vigor o lockdown que não foi levado em consideração nas simulações.



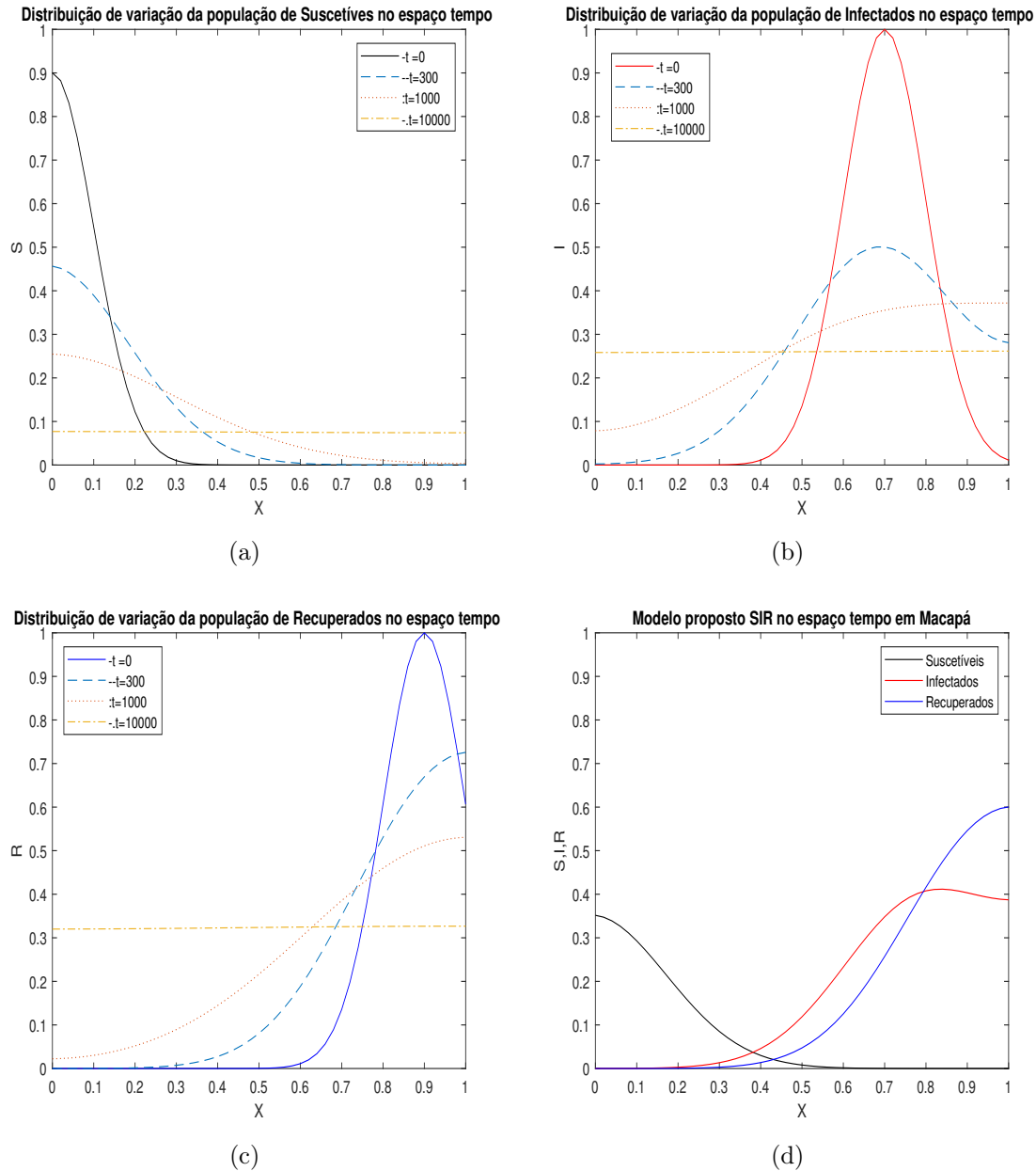


Figura 6.1: Modelo proposto SIR aplicado na população do município de Macapá.

Os parâmetros utilizados na Figura 6.1 são de uma população de suscetíveis que segundo o IBGE estima-se em 522.357 pessoas, o número de pessoas infectadas na data do dia 17 de abril era de 312. Não foi levado em consideração pessoas recuperadas devido não constar na data em vigor, adotou-se a taxa de crescimento da doença  $\beta = 0.216$ , a taxa de recuperados  $\gamma = 0.102$ ,  $R_0 = 2.11$ , a distribuição de parâmetros normais  $k = 50$  e para os termos difusivos e advectivos. Precisou-se ter cuidado devido suas variações não serem boas para  $\alpha > 0.7$  e  $\vartheta > 0.8$ , sendo assim, os valores para os termos foram de  $\alpha = 0.5$  e  $\vartheta = 0.5$ , ressaltando que os dados utilizados são reais e compartilhados pelo Governo do Estado no período.

- Em (a) podemos observar como ocorre a dispersão da população de suscetíveis por meio de suas curvas em determinados tempos selecionados, nota-se que está sempre em decréscimo devido a todo momento existir uma pessoa da população sendo infectada.

- (b) mostra a dispersão da população de infectados (I) sempre em crescimento, no entanto, atinge um máximo e decai novamente, devido as pessoas irem se recuperando com o tempo.
- Na figura (c), tem-se a dispersão da população de recuperados em maneira crescente, pois a todo momento pessoas infectadas estão se recuperando da doença, lembrando que considera-se que a pessoa fica doente apenas uma vez neste modelo.
- (d) mostra o encontro das curvas de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) em determinado tempo.

### 6.1.2 Santana

O segundo maior município em termos populacionais do Amapá contendo mais de 120.000 pessoas que residem no município, existem pessoas que trabalham no município de Macapá e residem em Santana, e vice-versa. Essa transferência de pessoas entre os dois municípios não é levada em consideração nas simulações.

Em relação aos parâmetros da Figura 6.2 utilizou-se uma população de pessoas suscetíveis que segundo o IBGE estima-se em 124.808 pessoas, o número de pessoas infectadas na data do dia 17 de abril no município de Santana era de 50 pessoas, a taxa de crescimento da doença  $\beta = 0.216$ , a taxa de recuperados  $\gamma = 0.102$ ,  $R_0 = 2.11$ , e a distribuição de parâmetros normais  $k = 50$  manteve-se os mesmos do município vizinho, e para os termos difusivos e advectivos foram de  $\alpha = 0.5$  e  $\vartheta = 0.5$ , ressaltando que os dados utilizados são reais e compartilhados pelo Governo do Estado no período.

- Em (a) nota-se que a dispersão da população de suscetíveis é de decréscimo análogo ao anterior.
- Na imagem (b) a dispersão da população de infectados (I) se encontra em crescimento até atingir um ponto máximo e decai novamente, validando assim o teorema também para este modelo.
- em (c), a dispersão da população de recuperados está crescente, pois a todo tempo pessoas passam de uma população para outra.
- Em (d) tem-se o encontro das curvas de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R).

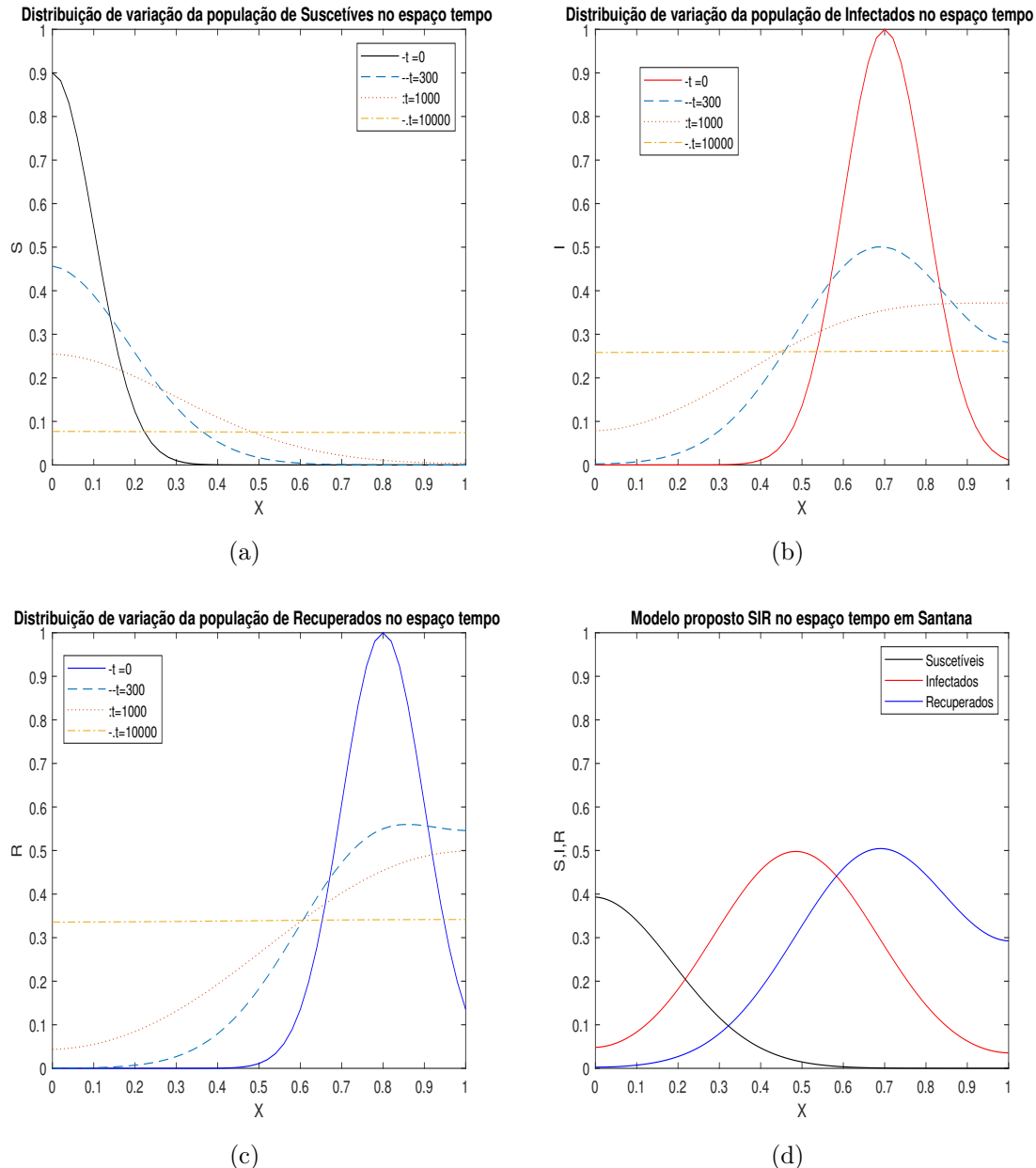


Figura 6.2: Modelo proposto SIR aplicado na população do município de Santana.

### 6.1.3 Mazagão

O terceiro município em termos populacionais do Amapá com pouco mais de 22 mil pessoas, a transição entre as pessoas deste município para os dois municípios anteriores é enorme, uma vez que este município não apresenta um alto índice de empregos para seus cidadãos, fazendo com que pessoas dos demais municípios migrem para outros. Mazagão é dividido em duas pequenas cidades, chamadas de Mazagão Velho e Mazagão Novo, a distinção entre eles é que, Mazagão Velho é marcado pelo início do município, o lugar marca um ponto pouco conhecido do Brasil colonial, quando uma colônia portuguesa no Marrocos, na África, foi desativada e transferida para a Amazônia brasileira. Os primeiros habitantes de Mazagão foram aproximadamente 160 famílias que chegaram na região em 1769. A vila de Nova Mazagão, hoje Mazagão Velho, que fica a aproximadamente 70 quilômetros da capital.

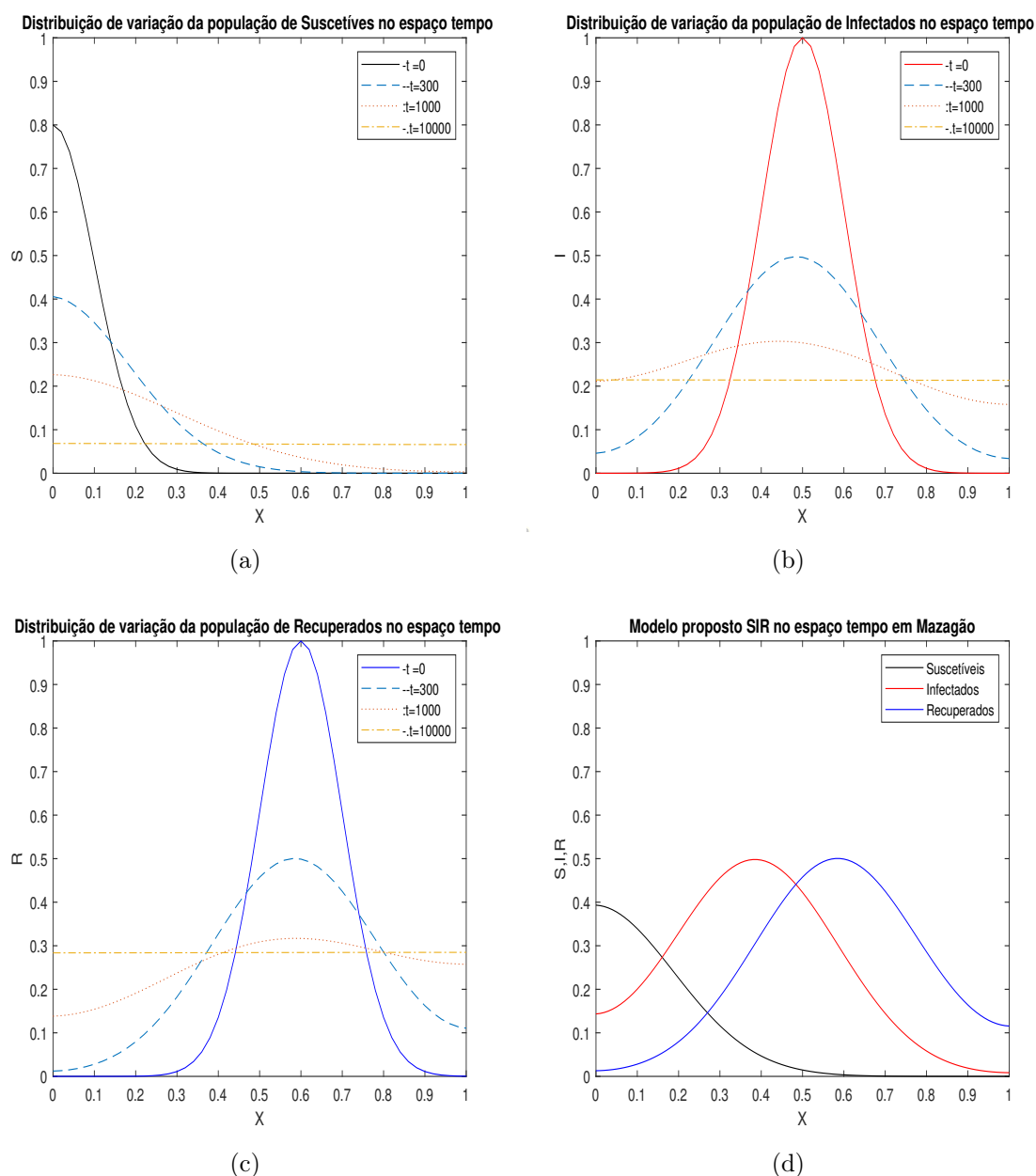


Figura 6.3: Modelo proposto SIR aplicado na população do município de Mazagão.

Na Figura 6.3 considerou-se a população que segundo o IBGE estima-se em 22.468 pessoas, o total de pessoas infectadas na data vigente no município de Mazagão era de 2 pessoas, no entanto, uma vez que uma pessoa infectada é introduzida em uma população de suscetíveis, estima-se que esse número seja maior nesse período, levando em consideração a distância e recursos escassos deste município. Os parâmetros adotados foram a taxa de crescimento da doença  $\beta = 0.216$ , a taxa de recuperados  $\gamma = 0.102$ ,  $R_0 = 2.11$ , manteve a mesma dos outros dois municípios vizinhos, a distribuição de parâmetros normais  $k = 50$ , e os termos difusivos e advectivos foram respectivamente  $\alpha = 0.5$  e  $\vartheta = 0.5$ . Vale ressaltar que os dados utilizados são reais e compartilhados pelo Governo do Estado no período.

- Na imagem (a) pode-se observar a dispersão da população de suscetíveis sendo a mesma decrescente, ou seja, a partir do momento que se tem uma pessoa infectada nesta população essa curva tende decrescer.

- Em (b) a dispersão da população de infectados (I) se encontra em constante crescimento, no entanto, volta a decrescer devido a parcela de pessoas que estão se recuperando.
- (c) a imagem mostra que a dispersão da população de recuperados está em processo crescente, pois a todo tempo pessoas passam de uma população para outra, e a tendência é que todos acabem terminando nessa população ao final, uma vez que considerou-se que cada pessoa só pode se infectar uma vez.
- Em (d) nota-se que existe um esboço das curvas de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) em um determinado tempo para confirmar as curvas dos gráficos anteriores.

#### 6.1.4 Região Metropolitana

A região metropolitana do Estado Amapá, segundo o censo do IBGE contém um número de 669.633 pessoas vivendo nos municípios que a compõem, isso é mais de 80% do total da população do Estado todo. Estes municípios foram escolhidos, pois além de estarem contidos na região metropolitana os habitantes dos mesmos transitam entre eles diariamente, e analisando ambos juntos podem nos auxiliar em uma colocação para todo o Estado do Amapá.

Na Figura 6.4 considerou-se as populações dos três municípios para as pessoas suscetíveis, o total de pessoas infectadas foi de 364 pessoas, e estima-se ainda que esse número fosse maior nesse período. A taxa de crescimento considerada da doença foi  $\beta = 0.216$ , a taxa de recuperados  $\gamma = 0.102$ ,  $R_0 = 2.11$ , e mantendo todos os demais parâmetros incluindo a distribuição de parâmetros normais  $k = 50$ , e os termos difusivos e advectivos foram de  $\alpha = 0.5$ , e  $\vartheta = 0.5$ , podendo assim, visualizar e analisar os municípios como um todo.

Nota-se nas projeções para Região metropolitana a difusão nos demais municípios, dessa vez de maneira generalizada, não existe uma diferença gigantesca entre as simulações, isto é, como o modelo proposto SIR mostra a propagação do vírus, a difusão de cada população em determinado tempo e espaço deve permanecer constante no entanto com um fluxo levemente maior devido a utilização de um número de pessoas suscetíveis maiores, e conseqüentemente infectados e recuperados também. Este modelo considera que a pessoa só pode contrair o vírus da SARS-COV-2 apenas uma vez, no entanto, em estudos recentes foram descobertas evidências que a pessoa poderia contrair novamente.

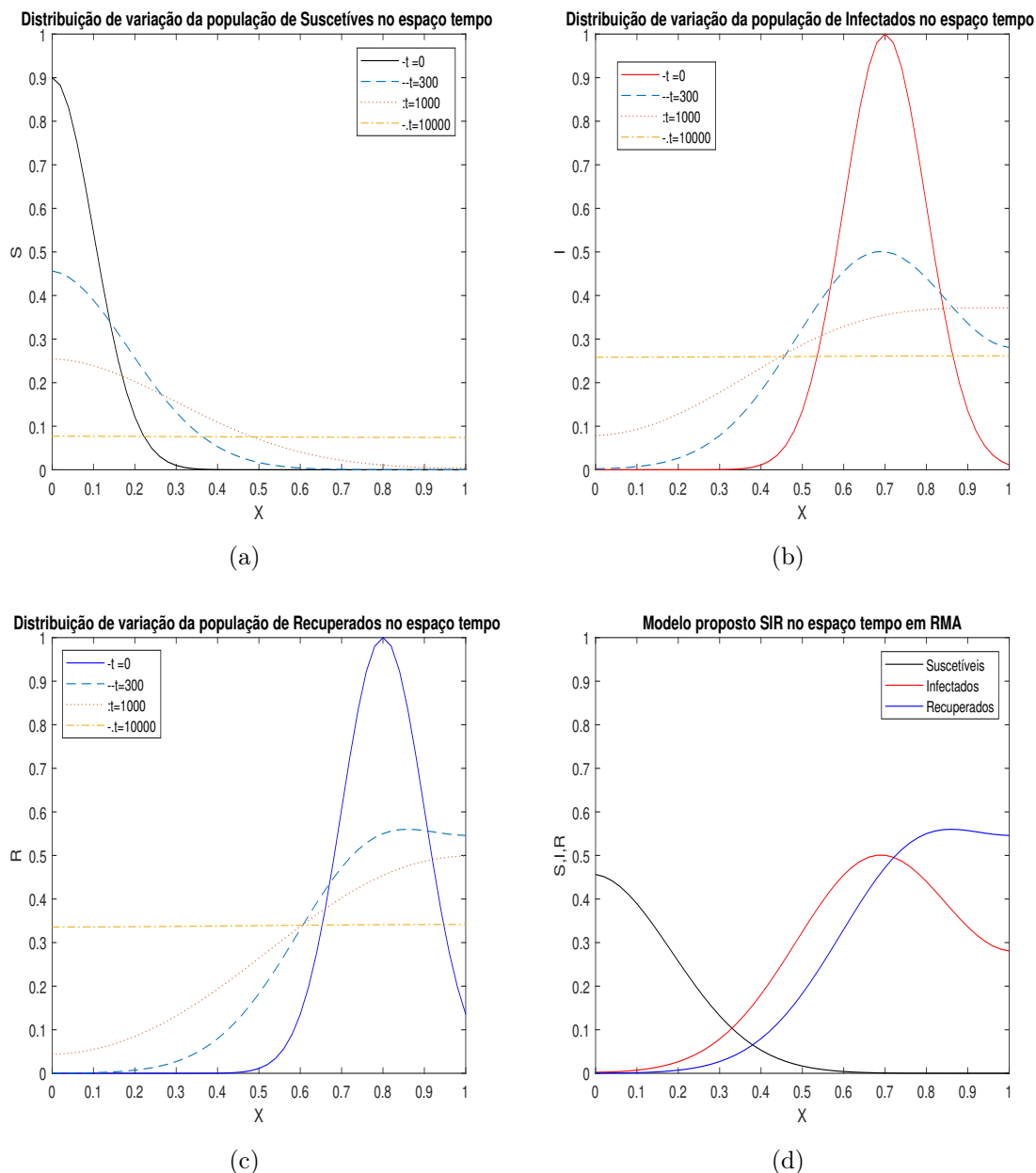


Figura 6.4: Modelo proposto SIR aplicado na população da região metropolitana do Estado do Amapá.

## 6.2 Análise do Modelo SIRS Proposto

O modelo proposto SIRS como apresentado na seção 4, propõe um acoplamento das equações de difusão e advecção em um modelo epidemiológico SIRS com objetivo de analisar a propagação do vírus da SARS-COV-2 na região metropolitana do Estado do Amapá, e visa também estudar o comportamento do modelo epidemiológico com esses acoplamentos, ou seja, quando trabalha com difusão e advecção deve-se ter um certo cuidado com os fatores difusivos e advectivos. O modelo SIRS difere do modelo SIR devido a parcela de pessoas recuperadas (R) que retornam para a população de suscetíveis (S) igualmente ao inicial, o que difere do modelo proposto para o SIRS inicial é que, o modelo proposto mostrará a difusão das populações e com isso, algumas curvas podem aparecer próximas de zero, enquanto as demais mostrará exatamente como segue a difusão.

Os dados para as simulações são baseados em parâmetros reais compartilhados pelo Governo do Estado do Amapá e atribuídos a Secretária de Vigilância Sanitária para uma boa análise e comparação com o modelo SIR proposto, e utilizou-se a mesma data do dia 17 de abril de 2020. As simulações não levam em consideração as medidas de restrições impostas pela Organização Mundial da Saúde (OMS) e pelo Governo do Estado do Amapá.

### 6.2.1 Capital Macapá

Como estudado desde o início do trabalho, o município de Macapá é o mais populoso do Estado com mais 60% de sua população habitando no mesmo, e que o município possui um fluxo muito grande de pessoas de outros municípios durante o dia facilitando o transporte do vírus da SARS-COV-2 para os municípios. Os parâmetros utilizados para as simulações não diferem do modelo SIR proposto, pois o objetivo também é propor uma comparação entre os dois modelos e assim, lembrando os dados tem-se que  $\beta = 0.216$ ,  $\gamma = 0.102$ , a distribuição em parâmetros normais da população  $k = 30$ , o cuidado com o termo difusivo e advectivo foram mantidos, sendo  $\alpha = 0.5$  e  $\vartheta = 0.5$ , e acrescentando o fator de parcela de recuperados que passam para a população de suscetíveis  $\rho = 8.0820$ , que podem ser vistos na Figura 6.5.

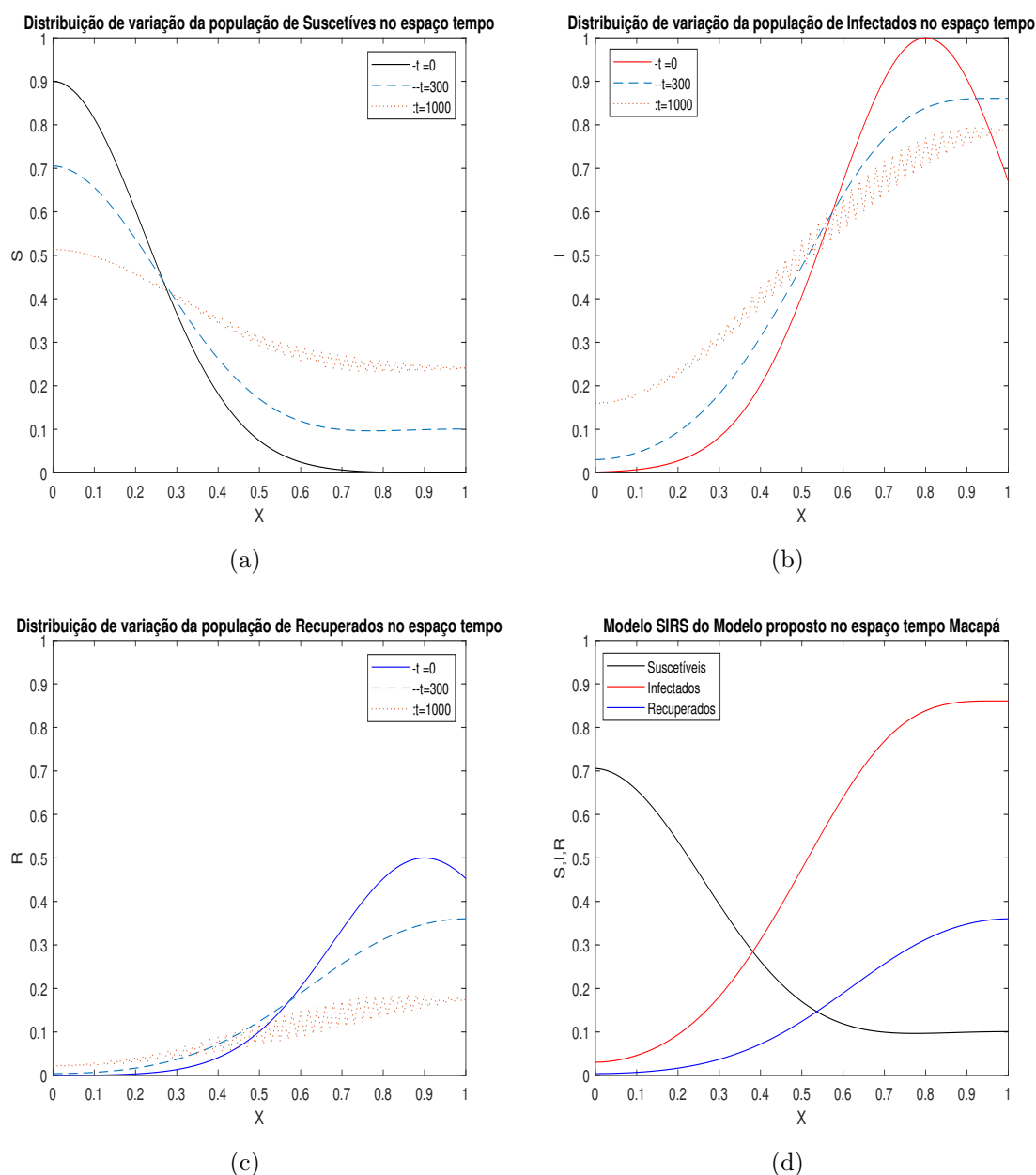


Figura 6.5: Modelo proposto SIRS aplicado na população do município de Macapá.

- Na imagem (a) observa-se a dispersão da população de suscetíveis sendo a mesma decrescente, no entanto, ressalta-se que as curvas não estão todas tendenciando para zero, e sim permanecendo constantes devido a parcela de pessoas que retornam da recuperação e tornam-se suscetíveis novamente.
- Em (b) a dispersão da população de infectados (I) se encontra em constante crescimento, no entanto, nota-se que tende a se manter crescente a todo instante, pois sempre existirá pessoas para se infectar novamente.
- (c) A imagem mostra que a dispersão da população de recuperados está em processo crescente, mas vale ressaltar que a curva já não possui uma curva mais alta devido a parcela de recuperados retirados que se tornam suscetíveis a doença novamente.
- Em (d) nota-se que existe um esboço das curvas de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) em um determinado tempo para confirmar as curvas dos gráficos anteriores, e pode-se notar que a curva de suscetíveis não tende a zero, a infectados



permanece em alta e recuperados segue uma constante não tão crescente, isso ocorre devido a parcela de recuperados que transitam nas populações.

### 6.2.2 Município de Santana

As simulações numéricas para o município de Santana do modelo SIRS proposto segue os dados utilizados para o município vizinho, uma vez que se conhece o município descrito devido as seções anteriores, sendo assim, tem-se que  $\beta = 0.216$ ,  $\gamma = 0.102$ , a distribuição em parâmetros normais da população  $k = 25$ , o termo difusivo e advectivo  $\alpha = 0.5$  e  $\vartheta = 0.5$ , e a parcela de recuperados  $\rho = 7.4943$ , conforme mostra a Figura 6.6.

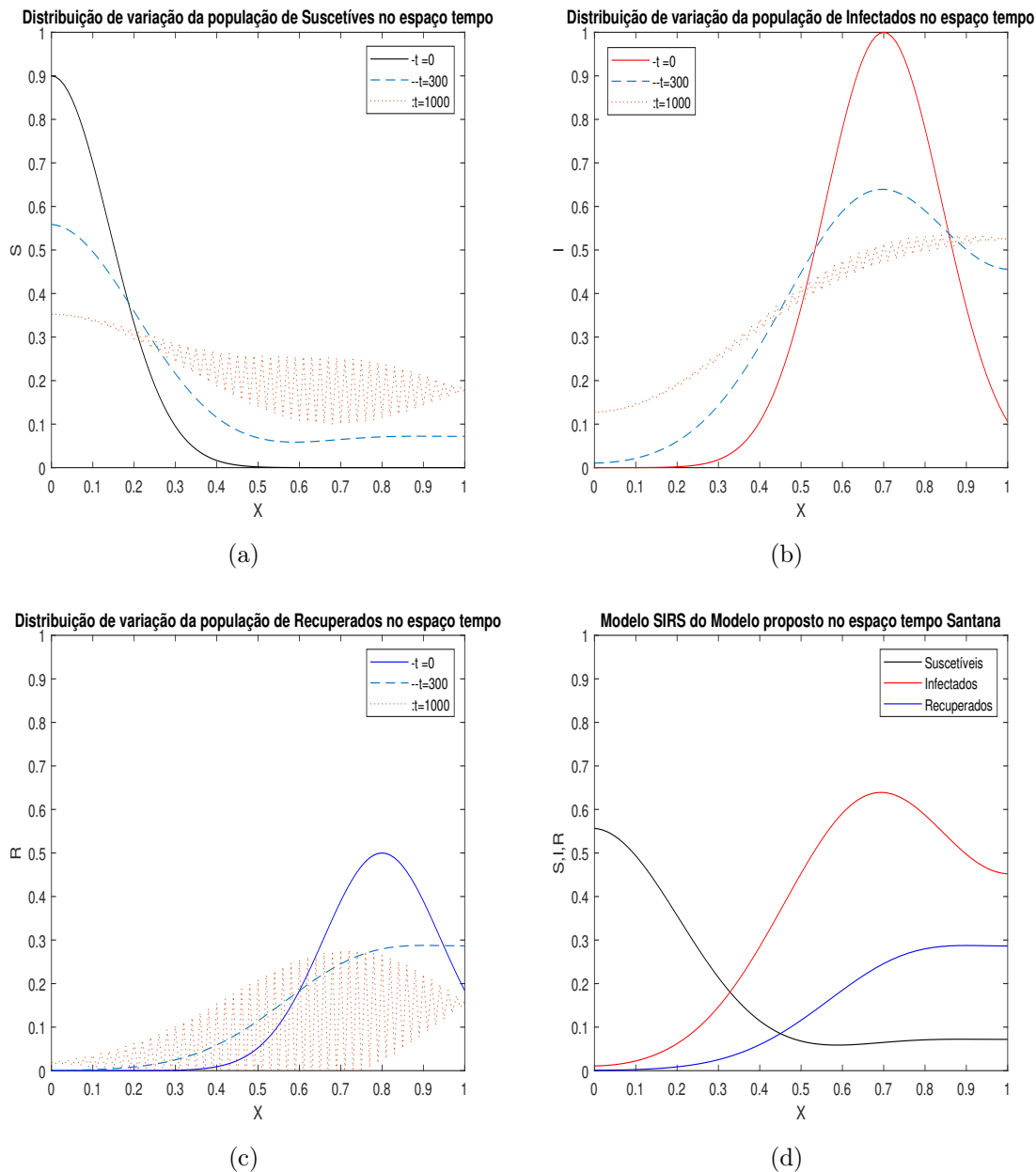


Figura 6.6: Modelo proposto SIRS aplicado na população do município de Santana.

- o primeiro gráfico (a) é possível notar a dispersão da população de suscetíveis (S) sendo a mesma decrescente, e as curvas não tendem a irem diretamente para zero, pois leva-se em consideração a parcela de recuperados que retornam a população de suscetíveis.

- (b) nota-se que a dispersão da população de infectados (I) se encontra em constante crescimento e que tende a permanecer assim devido as pessoas sempre se recuperarem e voltarem a se infectar novamente.
- (c) a dispersão da população de recuperados se mantém constante, com um detalhe importante, o seu fluxo tende a se manter um pouco mais baixo que o modelo SIR proposto, devido a parcela de recuperados que se tornam suscetíveis ao vírus da SARS novamente.
- no gráfico (d) é possível observar exatamente o comportamento das curvas de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) não tenderem a zero, e o ciclo da doença permanece até encontrarem algo eficaz contra o vírus, como uma vacina.

### 6.2.3 Município de Mazagão

O município de Mazagão como visto anteriormente, é o menor em termos populacionais em relação aos demais municípios que compõem a região metropolitana do Estado do Amapá. Os dados para as simulações do modelo SIRS proposto são os mesmos dos municípios vizinhos, sendo assim, tem-se que  $\beta = 0.216$ ,  $\gamma = 0.102$ , a distribuição em parâmetros normais da população  $k = 10$ , o termo difusivo e advectivo  $\alpha = 0.5$  e  $\vartheta = 0.5$ , e a parcela de recuperados  $\rho = 6.2942$ , como pode ser visto na Figura 6.7.

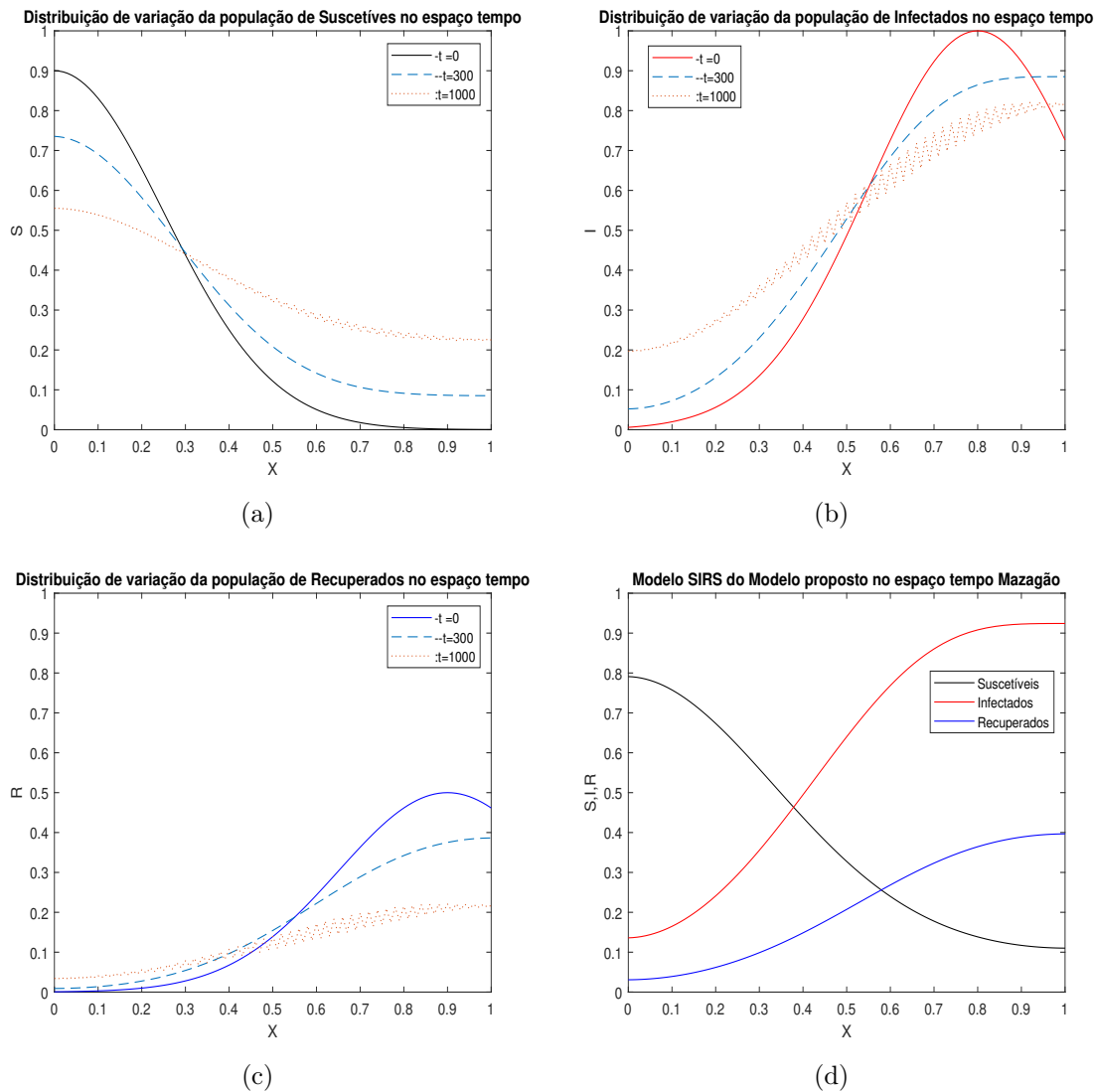


Figura 6.7: Modelo proposto SIRS aplicado na população do município de Mazagão.

- o primeiro gráfico (a) observa-se que a dispersão da população de suscetíveis ( $S$ ) segue de maneira decrescente, no entanto, não tendenciando para zero devido a parcela de recuperados que se tornam suscetíveis ao vírus novamente.
- (b) No município de Mazagão nota-se que a dispersão da população de infectados ( $I$ ) cresce e se mantém em crescente, pois as pessoas podem contrair o vírus mais de uma vez neste modelo.
- em (c) a dispersão da população de recuperados ocorre se mantendo constante em crescimento, no entanto, acaba por se estagnar devido sempre ser retirado a parcela que se torna suscetível a contrair o vírus novamente.

- para este município tem-se em (d) que as curvas de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) não tendem a zero, e um detalhe para a curva de infectados que aparece acima da curva de suscetíveis, isso ocorre devido ter pessoas se infectando novamente, enquanto outras não estão recuperadas.

### 6.2.4 Região Metropolitana

Conforme as seções anteriores sabe-se que a região metropolitana é composta por três municípios que são: Macapá que é a capital, Santana e Mazagão, os três municípios são de extrema importância para o comércio e economia do estado e devido a isso existe durante o dia transições de pessoas entre esses municípios que foram citados, sendo aqui o objetivo apresentar graficamente os três municípios para uma melhor visualização. Diante disso, considerando as populações dos três municípios para as pessoas suscetíveis sendo um total de 669.633 pessoas, e o número de infectadas era de 364 pessoas, a taxa de crescimento considerada da doença foi  $\beta = 0.216$ , a taxa de recuperados  $\gamma = 0.102$ ,  $R_0 = 2.11$ , e mantendo todos os demais parâmetros incluindo a distribuição de parâmetros normais  $k = 30$ , e os termos difusivos e advectivos foram de  $\alpha = 0.5$ , e  $\vartheta = 0.5$ ,  $\rho = 59.7181$ . Observando que não foi levado em consideração as restrições impostas pela OMS e SVS do Estado do Amapá.

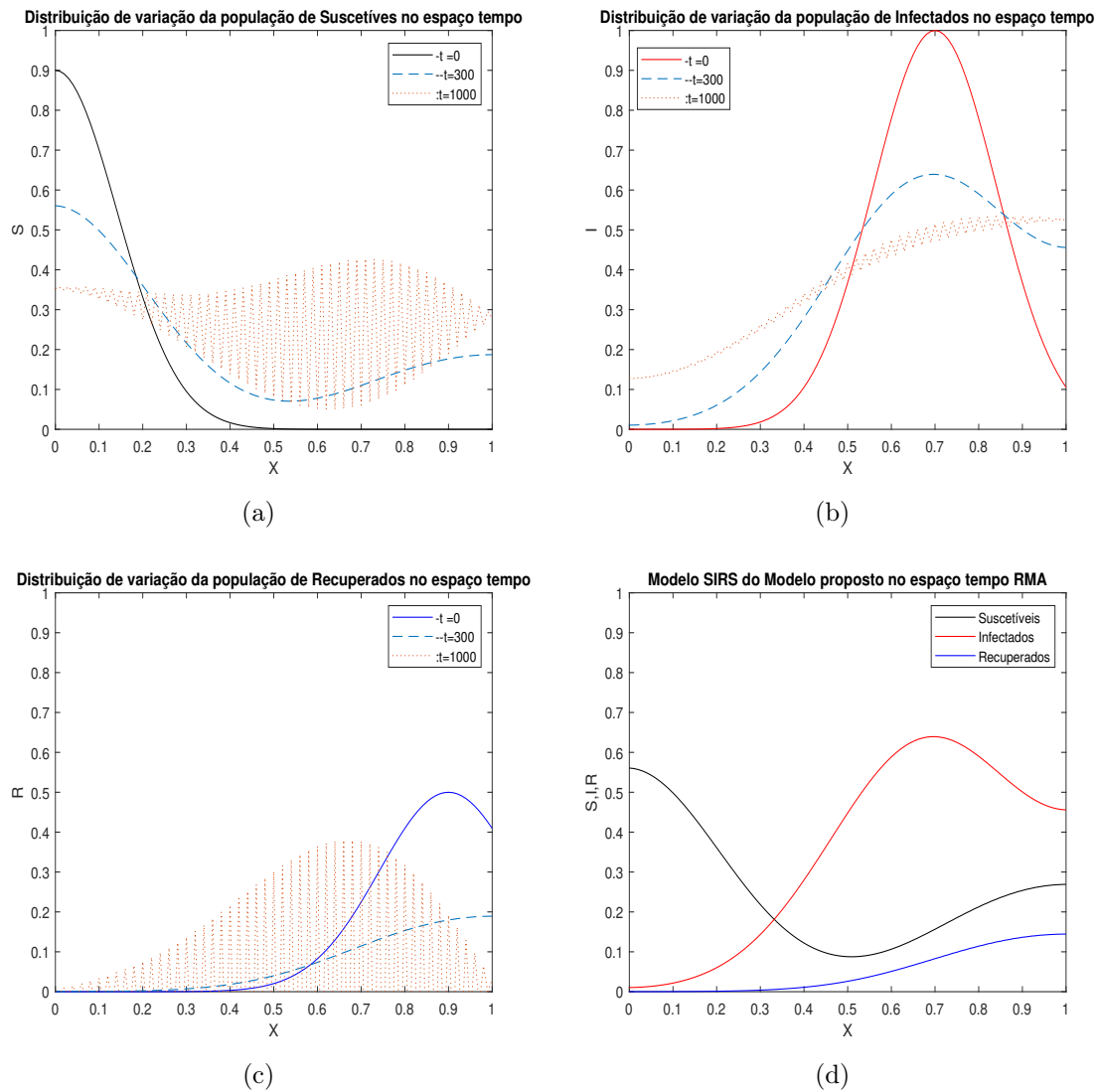


Figura 6.8: Modelo proposto SIRS aplicado na região metropolitana do Estado do Amapá.

Nos gráficos da figura 6.8 para região metropolitana, pode-se observar que o comportamento das populações de suscetíveis (S), infectados (I) e recuperados (R) possuem o mesmo comportamento e com um fluxo maior em relação a determinados tempos para suscetíveis e recuperados, as curvas se encontram e se mantêm constantes, ou seja, o ciclo da doença permanece até que seja descoberto uma vacina para controlar o vírus nas pessoas. Atualmente, o Estado conta com mais de 2.128 mortes por COVID-19, o que se torna um número altamente expressivo, pois o Estado é o menor do Brasil em termos populacionais.

## Conclusão e Perspectivas

Neste trabalho apresentamos uma análise da propagação do vírus da SARS-COV-2, ou simplesmente COVID-19, na região metropolitana do Estado do Amapá. Para isso, as equações dos modelos epidemiológicos SIR e SIRS foram estudadas, além de apresentar resultados teóricos importantes dos modelos SIR e SIRS.

Os modelos epidemiológicos propostos SIR e SIRS foram apresentados com o objetivo de investigar a propagação do vírus na região metropolitana do Estado do Amapá e discutir os resultados encontrados em sua teoria. As equações de difusão e advecção foram apresentadas de modo básico e resumido, uma vez que o foco do trabalho é a utilização do modelo proposto com o auxílio do método de discretização de diferenças finitas, para o investigar a contaminação do vírus em uma determinada região por meio dos modelos propostos acoplados aos modelo epidemiológicos.

Os resultados obtidos foram para o modelo epidemiológico SIR, do qual analisou-se as soluções empregadas para a simulação de propagação em uma determinada população. Posteriormente, uma adaptação do modelo epidemiológico inicial SIR para SIRS foi realizada, analisando o comportamento de pessoas que se reinfectam, e retornam para a população de suscetíveis. O modelo SIRS apresentou-se de maneira eficaz para a análise de contaminação de uma população.

A partir desses resultados, os modelos propostos SIR e SIRS foram estudados com as equações da difusão e advecção discretizadas, e com o auxílio do MATLAB simulações numéricas foram realizadas com o objetivo de analisar os modelos na região metropolitana do Estado do Amapá. A eficácia dos modelos foi observada via comparações dos resultados numéricos, dos gráficos apresentados nas seções 6.1 e 6.2, sendo possível interpretar as curvas das populações de suscetíveis, infectados e recuperados nos municípios.

Com o intuito de dar continuidade ao trabalho, seguem as perspectivas para trabalhos futuros:

- Melhorar a análise dos parâmetros dos modelos propostos SIR e SIRS. A ideia é observar como os parâmetros  $\alpha$ ,  $\vartheta$ ,  $\gamma$ ,  $\beta$  e  $\rho$  interferem na propagação do vírus na região.
- Aprofundar os estudos dos modelos propostos levando em consideração as restrições de segurança para um melhor resultado.
- Melhorar a análise dos parâmetros dos modelos propostos SIR e SIRS.
- Aperfeiçoar os resultados obtidos dos modelos propostos SIR e SIRS.

- 
- Realizar uma aplicação expandindo o modelo de maneira a mapear municípios de um Estado por seus bairros.
  - Incluir uma equação de partícula aos modelos propostos para investigar o comportamento das populações.
  - Realizar uma análise mais teórica dos modelos.

# Referências

---

- [1] R. C. Bassanezi. *Ensino de Aprendizagem com Modelagem Matemática*. Number 1. SBM, 2002.
- [2] C. B. Beggs. The airborne transmission of infection in hospital buildings: Fact or fiction? Aerobiological Research Group, School of Civil Engineering, University of Leeds. 2003.
- [3] L. Bourouiba. Turbulent gas clouds and respiratory pathogen emissions potential implications for reducing transmission of covid-19. *Journal JAMA Insights*, 323:1837–1837, 2020.
- [4] P. R. Celine. Estudo experimental da influência de sistema de ventilação personalizada instalado na poltrona na dispersão de partículas expiratórias em cabine de aeronave. 2017. Dissertação de Mestrado.
- [5] C. Y. H. Chao and M. P. Wan. A study of the dispersion of expiratory aerosols in unidirectional downward and ceiling-return type airflows using a multiphase approach. *Journal compilation a Blackwell Munksgaard*, (16):296–312, 2006.
- [6] X. B. Chen, P. Yu, S. H. Winoto, and H. T. Low. Free convection in a porous wavy cavity based on the darcy-brinkman-forchheimer extended model. *Numerical Heat Transfer; Part A: Applications*, 52(4):377–397, 2007.
- [7] Ministério da Saúde. Informe técnico - MERS-COV (novo coronavírus). SBM. 2014.
- [8] J. P. Duguid. The size and the duration of air-carriage of respiratory droplets and droplet-nuclei. *Epidemiology & Infection*, (6):471–479, 1946.
- [9] K. T. Estevan, T. Jefferson, and M. Rosemeri. Calculation of reproductive ratio (R0) by simplifying the SIR model applied to the 2009 influenza a epidemic in Brazil. *Revista de epidemiologia e Controle de infecção*. 2017.
- [10] M. Jianxin and C. Flagan. Exhaled breath is a significant source of SARS-CoV-2 emission. MedRxiv: The Preprint for health sciences. 2. Jun. Yale. 2020.
- [11] M. M. Junior and J. A. Cuminato. *Discretização de equações diferenciais parciais: Técnicas de Diferenças Finitas*. Number 1. SBM, 2013.
- [12] T. Kukkonen, T. Vesala, and M. Kulmal. The interdependence of evaporation and settling for airborne freely falling droplets. *Journal of Aerosol Science*, (7):749–763, 1989.
- [13] S. Leal, N. Dias, and E. Silva. Nota técnica para propagação da SARS-COV-2 no amapá por modelagem matemática - SIR. Universidade Federal do Amapá. 2020.



- [14] Y. Li and H. Quian. Role of air distribution in sars transmission during the largest nosocomial outbreak in Hong Kong. *Journal compilation a Blackwell Munksgaard*, (15):83–95.
- [15] B. O. Marc and S. S. Kyle. Direct numerical simulation of turbulence modulation by particles in isotropic turbulence. *Journal Fluid Mechanics*, 375:235–263, 1998.
- [16] M. M. F. Marta. Endemias com espalhamento geográfico: Modelagem matemática e simulações computacionais, um estudo sobre malária na província de Sofala, Moçambique. Universidade Estadual de Campinas. São Paulo. 2017.
- [17] M. M. F. Marta. Modelos epidemiológicos alternativos da malária. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual de Campinas. São Paulo. 2011.
- [18] L. Morawska. Droplet fate in indoor environments, or can we prevent the spread of infection? School of Physical and Chemical Sciences, and International Laboratory for Air Quality and Health, Queensland University of Technology, Brisbane, Qld, Australia. 2006.
- [19] J. V. D. Nogueira and C. M. Silva. Conhecendo a origem da SARS-COV-2 (covid-19). Saúde e Meio Ambiente. 2020.
- [20] M. H. Oliveira. Análise do modelo SIR: Comportamento da curva de infectados em relação à inclusão de novas semanas epidemiológicas. Monografia. Universidade de São Paulo. 2018.
- [21] A. Sandes and S. Freitas. SIR model with exposure rate for the study of the projection of covid-19 cases in Sergipe. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Sergipe. 2020.
- [22] L. F. L. R. Silva. Modelo epidêmico discreto SIR com estrutura etária e aplicação da vacinação em pulsos constantes. Universidade Federal de Pernambuco. Recife 2011.
- [23] K. Toledo. Reinfecção por coronavírus em manaus pode ter chegado em 31%. page 1, May 2021.
- [24] A. G. Troyo. Modelo SIR em rede e parâmetro de infecção que depende periodicamente do tempo. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Rio de Janeiro. 2013.
- [25] R. Vilain. Análise experimental e numérica da concentração e dinâmica de partículas em sala de cirurgia e quarto de isolamento hospitalar. 2016. Tese de Doutorado.
- [26] J. Wei and Y. Li. Enhancer spread of expiratory droplets by turbulence in a cough jet. *Journal Elsevier*, 93:86–96, 2015.
- [27] W. P. Wells. On air-borne infection: Study II. droplets and droplet nuclei. *American Journal of Epidemiology*, pages 611–618. Society fo Epidemiologic Research. 1934.
- [28] C. Wenzhao and Y. LI. Ethe short-range air route dominates the exposure of respiratory infection during close contact. *Journal Elsevier*, 176:106–122, 2020.