

Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" Instituto de Geociências e Ciências Exatas Câmpus de Rio Claro - SP

Kadu Vinicius Toledo Paulino

Teoria Qualitativa das Equações Diferenciais Aplicada a Modelos Epidemiológicos



Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" Instituto de Geociências e Ciências Exatas Câmpus de Rio Claro - SP

Teoria Qualitativa das Equações Diferenciais Aplicada a Modelos Epidemiológicos

Kadu Vinicius Toledo Paulino

Dissertação apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Matemática, junto ao Programa de Pós-Graduação em Matemática, mestrado profissional, do Instituto de Geociências e Ciências Exatas da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Câmpus de Rio Claro - SP.

Orientadora Profa. Dra. Suzete Maria Silva Afonso

> Rio Claro - SP 2023

P328t

Paulino, Kadu Vinicius Toledo

Teoria qualitativa das equações diferenciais aplicada a modelos epidemiológicos / Kadu Vinicius Toledo Paulino. -- Rio Claro, 2023

94 f.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Rio Claro

Orientadora: Suzete Maria Silva Afonso

1. Análise. 2. Epidemiologia. 3. Hiperbolicidade. 4. Número Básico Reprodutivo. 5. Matriz da Próxima Geração. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca do Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Rio Claro. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

TERMO DE APROVAÇÃO

Kadu Vinicius Toledo Paulino

Teoria Qualitativa das Equações Diferenciais Aplicada a Modelos Epidemiológicos

Dissertação APROVADA como requisito parcial para a obtenção do grau de Mestre no Curso de Pós-Graduação em Matemática, mestrado profissional, do Instituto de Geociências e Ciências Exatas da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", pela seguinte banca examinadora:

Profa. Dra. Suzete Maria Silva Afonso Orientadora

Prof. Dr. Vinícius Francisco Wasques CNPEM / Campinas (SP)

Profa. Dra. Josemeri Aparecida Jamielniak CTC / Piracicaba (SP)



Agradecimentos

A Deus, por me dar forças para seguir sempre em frente.

A meus pais, Andréa e Fabiano, minha eterna gratidão. Sempre acreditaram em minha capacidade.

A minha avó Glória e a minha tia Lúcia, por me ouvirem e por estarem junto de mim nos anos do mestrado.

Ao meu irmão Kayki e ao meu primo Mario, pelo apoio.

A minha orientadora, Profa. Dra. Suzete Maria Silva Afonso, por sua dedicação, paciência, apoio e ensinamentos ao longo desta jornada.

Aos professores do PGMAT que ministraram disciplinas para a minha turma. Em especial, ao Prof. Dr. Vinícius Francisco Wasques por se disponibilizar a me ajudar com tamanha boa vontade nos conteúdos e conceitos e à Profa. Dra. Marta Cilene Gadotti, pelas sugestões.

Ao meu amigo Francisco, pelas valiosas conversas motivacionais.

A minha namorada Bruna, pelo apoio e por me fazer acreditar que sou capaz.

À turma do mestrado 2021, pelas conversas e trocas de conhecimentos nas aulas e reuniões de estudo.

Às bancas examinadoras deste trabalho das fases de qualificação e defesa, pelas valiosas sugestões e pela dedicação à avaliação do mesmo.

E a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para que esta dissertação se tornasse realidade, o meu "obrigado".



Resumo

Neste trabalho, com o auxílio da teoria qualitativa das equações diferenciais ordinárias, analisamos cinco modelos epidemiológicos expressos como sistemas de equações diferenciais, a saber, Modelos SIS, SIR, SIRS, SEIR com nascimentos e mortes naturais e Covid-19, que representa o modelo SEIR com a adição de compartimentos. O método algébrico da matriz da próxima geração para o modelo Covid-19 é descrito para determinar o número básico reprodutivo, R_0 , que é o número médio de indivíduos infectados por um indivíduo infectado quando a Covid-19 é introduzida na população completamente suscetível.

Palavras-chave: Análise, Epidemiologia, Hiperbolicidade, Número Básico Reprodutivo, Matriz da Próxima Geração.

Abstract

In this work, with the aid of the qualitative theory of ordinary differential equations, we analyze five epidemiological models written as systems of differential equations, namely SIS, SIR, SIRS, SEIR with natural births and deaths and Covid-19, which represents the SEIR model with the addition of compartments. The next generation matrix algebraic method for the Covid-19 model is described to determine a basic reproductive number, R_0 , which is the average number of individuals infected by an infected individual when Covid-19 is introduced into the population completely susceptible.

Keywords: Analysis, Epidemiology, Hyperbolicity, Basic Reproductive Number, Next Generation Matrix.

Lista de Figuras

1.1	Sela, $(\lambda_1 = -1 \text{ e } \lambda_2 = 1)$	25
1.2	Atrator, $(\lambda_1 = -2 \text{ e } \lambda_2 = -1)$	25
1.3	Repulsor, $(\lambda_1 = 1 \text{ e } \lambda_2 = 2)$	
1.4	Centro, $(\lambda = \pm i)$	
1.5	Retratos de fase, considerando $\lambda = \alpha \pm i\beta$	29
1.6	Retratos de fase, considerando autovalores repetidos	30
1.7	Plano determinante de traços	32
1.8	Soluções dos sistemas não linear e linearizado, respectivamente	38
1.9	Retrato de fase para $\epsilon = 1$ e $\epsilon = -1$, respectivamente	39
0.1	Eluvergrama de medele CIC	46
2.1	Fluxograma do modelo SIS	
2.2	Linha de fase para $\frac{\gamma}{\beta} < 1$	48
2.3	$R_0 < 1 \text{ e } R_0 > 1$, respectivamente	52
3.1	Fluxograma do modelo SIR	53
3.2	$R_0 < 1$ e $R_0 > 1$, respectivamente	
3.3	Uma órbita do modelo SIR.	57
3.4	Variação de S , I e R - Modelo SIR	58
· -		
4.1	Fluxograma do modelo SIRS	59
4.2	$R_0 < 1 \text{ e } R_0 > 1$, respectivamente	60
4.3	Variação de S, I e R - Modelo SIRS	64
5.1	Fluxograma do modelo para a Covid-19	66
6.1	Fluxograma do modelo SEIR	83
6.2		

Sumário

Introdução							
1	Res	ultados da teoria qualitativa de EDOs Sistemas Planares					
		1.1.1 Sistemas Lineares Planares					
		1.1.2 Retrato de fase para sistemas planares	24				
		1.1.3 O plano determinante de traços	30				
	1.2	Sistemas não lineares					
	1.3	Hiperbolicidade e estabilidade					
	1.4	Ôrbitas fechadas e conjuntos limites	41				
2	Mo	delo SIS	45				
	2.1	A constante β	46				
	2.2	A constante γ	46				
	2.3	Dedução do modelo SIS	47				
	2.4	Equilíbrios do modelo SIS					
	2.5	Linha de fase para o sistema SIS	48				
	2.6	O número básico reprodutivo R_0	49				
	2.7	Soluções do modelo SIS	49				
	2.8	Discussão dos Resultados	51				
3	Modelo SIR 5;						
	3.1	Retrato de Fase					
	3.2	Equilíbrios do modelo SIR					
	3.3	Órbitas do modelo SIR					
	3.4	Discussão dos Resultados					
4	Mod	delo SIRS	59				
4	4.1	Retrato de Fase					
	4.2	Equilíbrios do modelo SIRS					
	4.3	Estabilidade global do modelo SIRS					
	4.4	Discussão dos Resultados					
5	Modelo para a Covid-19 65						
J	5.1	Espaço de fase	66				
	5.2	Equilíbrios do modelo para a Covid-19	67				
	\mathcal{O} . Δ		01				
	5.3	Linearização	67				

	5.5	A matriz da próxima geração	70		
	5.6	A matriz da próxima geração do modelo para a Covid-19	76		
	5.7	Soluções locais do modelo Covid-19	79		
	5.8	Discussão dos resultados	79		
6	Mo	delo SEIR com nascimentos e mortes naturais	83		
	6.1	Equilíbrios do modelo SEIR	84		
	6.2	Linearização	85		
	6.3	Autovalores do modelo SEIR	85		
	6.4	A matriz da próxima geração do modelo SEIR	86		
	6.5	Soluções locais do modelo SEIR	87		
	6.6	Discussão dos Resultados	87		
7	Cor	nclusão	89		
\mathbf{R}	Referências				

Introdução

As equações diferenciais têm uma capacidade notável de descrever o mundo que nos rodeia. Elas nos auxiliam a entender fenômenos que envolvem taxas de variação. Algumas dessas equações podem ser resolvidas fazendo uso de métodos de integração do cálculo diferencial, muitas exigem ferramentas mais sofisticadas e outras simplesmente não podem ser resolvidas explicitamente. As equações diferenciais podem ser encontradas, entre outras áreas, em:

- medicina, para modelar o crescimento de cânceres ou a propagação de uma doença;
- química, para modelar reações químicas;
- economia, para encontrar melhores estratégias de investimento;
- física, para descrever o movimento de ondas, pêndulos ou sistemas caóticos.

Em especial, por meio de ferramentas da teoria qualitativa das equações diferenciais ordinárias (EDOs) a serem exploradas, neste trabalho vamos analisar modelos epidemiológicos dos tipos SIS (Suscetíveis, Infectados, Suscetíveis), SIR (Suscetíveis, Infectados, Recuperados), proposto primeiramente por Kermack e McKendrick em 1927 (veja [7]) e SEIR (Suscetíveis, Expostos, Infectados, Recuperados), que são expressos como sistemas de equações diferenciais ordinárias e são utilizados para modelar a propagação de doenças como a gripe e as causadas pelo coronavírus. Vamos trabalhar com diferentes modelos de compartimentos retirados de [4]. Ao sistema de compartimentos, associamos um sistema de equações diferenciais ordinárias autônomas, que chamamos de sistema autônomo e que será o modelo matemático para a descrição da dinâmica das soluções. Vale observar que as siglas para os modelos de epidemiologia são frequentemente baseados nos padrões de fluxo entre as classes em que a população é dividida. Existem outros tipos de modelos matemáticos utilizados em epidemiologia que não iremos discutir, a saber:

- Modelos Estocásticos, que possuem um aspecto probabilístico das epidemias. Para estudá-los, uma boa referencia é [1].
- Modelos de redes, que representam os indivíduos não por compartimentos, mas por nós numa rede e o contato entre eles por arestas que ligam os nós, veja [8].
- Modelos de EDPs (equações diferenciais parciais), nos quais as variáveis são funções do tempo e do espaço, veja [16].

Ao longo do texto, daremos uma atenção maior às soluções de equilíbrio e ao número básico reprodutivo de uma doença, denotado por R_0 , que é definido como sendo o número de infecções produzidas por um indivíduo infectado, em uma população totalmente

suscetível. Este número permite estimar o impacto de uma infecção. Sob determinadas condições, R_0 pode ser obtido por meio de uma matriz denominada matriz da próxima geração (MPG), conceito introduzido por Diekmann, Heesterbeek e Metz (veja [3]). Essa técnica é útil principalmente em sistemas de vários compartimentos, onde não é possível utilizar resultados que são provados somente em \mathbb{R}^2 .

Durante o desenvolvimento do trabalho, optamos por trabalhar com uma base teórica rica em demonstrações e exemplos para facilitar a compreensão do leitor. Também elaboramos figuras, gráficos e retratos de fase sempre que possível, utilizando softwares como *Pycharm*, *Pplane* e a própria biblioteca TikZ do LATEX.

O texto está estruturado da seguinte forma:

- Capítulo 1: Possui alguns resultados da teoria qualitativa das EDOs, explorando as soluções de equilíbrio, os conceitos de hiperbolicidade, estabilidade e órbitas periódicas que serão utilizados para entender a dinâmica dos modelos.
- Capítulo 2: Estudo do modelo SIS (Suscetível, Infectado, Suscetível) explorando
 o comportamento de suas soluções por meio do conceito de hiperbolicidade, estabilidade dos pontos equilíbrios e soluções encontradas explicitamente.
- Capítulo 3: Estudo do modelo SIR (Suscetível, Infectado, Recuperado) explorando o comportamento das soluções por meio de suas órbitas.
- Capítulo 4: Estudo do modelo SIRS cujos indivíduos recuperados possuem perda de imunidade com o passar do tempo. Neste caso, utilizamos o conceito de hiperbolicidade, estabilidade e resultados que garantem a não existência de órbitas periódicas onde as soluções estão definidas. A partir disso, mostramos que o comportamento das soluções próximas aos equilíbrios pode ser estendido globalmente.
- Capítulo 5: Estudo de um modelo para a Covid-19 e a utilização da matriz da próxima Geração para o cálculo de R_0 . Estudamos o comportamento local das soluções próximas aos pontos de equilíbrios do sistema, além de medidas de controle que podem ser utilizadas para evitar a propagação da doença.
- Capítulo 6: Estudo do comportamento local das soluções do modelo SEIR (Suscetível, Exposto, Infectado, Recuperado) próximas a um equilíbrio, por meio do cálculo de R_0 utilizando a matriz da próxima geração associada ao sistema.

1 Resultados da teoria qualitativa de EDOs

Neste capítulo apresentamos alguns resultados fundamentais da teoria qualitativa das equações diferenciais ordinárias que se aplicam a sistemas lineares planares e sistemas não lineares do tipo $\dot{x}=F(x),\ x\in\mathbb{R}^n,$ autônomos (que não dependem explicitamente da variável t). Estamos interessados no que se refere à hiperbolicidade e estabilidade dos pontos de equilíbrio de tais sistemas, bem como na existência de órbitas periódicas. Neste sentido, primeiramente apresentamos alguns resultados envolvendo sistemas planares e posteriormente damos algunas definições e relembramos resultados importantes da teoria de equações diferenciais ordinárias, como o Teorema de Hartman-Grobman e o Teorema de Poincaré-Bendixson. Alguns resultados são válidos apenas para \mathbb{R}^2 , e quando for o caso, será especificado.

As principais referências para a elaboração deste capítulo foram [2], [11], [13], [14] e [15].

1.1 Sistemas Planares

Um sistema em \mathbb{R}^2 da forma

$$\begin{cases} \dot{x} = f(x, y), \\ \dot{y} = g(x, y). \end{cases}$$
(1.1)

é dito planar e pode ser reescrito como:

$$\dot{X} = F(X), \tag{1.2}$$

com X = (x, y), F(X) = F(x, y) = F(f(x, y), g(x, y)), e $f, g : \mathbb{R}^2 \to \mathbb{R}^2$. F é dito um campo vetorial em \mathbb{R}^2 associado às equações diferenciais ordinárias presentes em (1.1).

Definição 1.1. Dizemos que X_0 é um ponto de equilíbrio de $\dot{X} = F(X)$, se $F(X_0) = 0$.

Note que X_0 é solução de (1.2), pois $\dot{X}_0 = 0 = F(X_0)$.

1.1.1 Sistemas Lineares Planares

Um sistema linear planar autônomo tem a forma

$$\begin{cases} \dot{x} = ax + by, \\ \dot{y} = cx + dy, \end{cases}$$
 (1.3)

onde a, b, c e d são constantes reais. Sua forma abreviada é $\dot{X} = AX$, com $A = \begin{pmatrix} a & b \\ c & d \end{pmatrix}$ e X = (x, y).

Dizemos que X é solução de (1.3) se X satisfaz a equação $\dot{X} = AX$.

Note que (0,0) sempre é ponto de equilíbrio do sistema (1.3). Para encontrar os demais, deve-se resolver o sistema:

$$\begin{cases} ax + by = 0, \\ cx + dy = 0. \end{cases}$$

Teorema 1.2. Seja $\dot{X} = AX$ um sistema linear planar autônomo.

- (0,0) é o único ponto de equilíbrio do sistema, se $\det A \neq 0$.
- Existe uma linha reta de pontos de equilíbrios, se $\det A = 0$ e A não é a matriz nula.

Demonstração. Vamos resolver o sistema

$$\begin{cases} ax + by = 0, & (I) \\ cx + dy = 0. & (II) \end{cases}$$

Se a=0, então y=0 e a única solução de equilíbrio possível é (0,0).

Consideremos, portanto, $a \neq 0$.

Por (I), temos que $x = \frac{-b}{a}y$ e substituindo em (II), encontramos:

$$-c\frac{b}{a}y + dy = 0$$
$$-cby + ady = 0$$
$$y(ad - bc) = 0.$$

Agora, se $\det A = ad - bc \neq 0$, então y = 0 e a única solução de equilíbrio possível é (0,0). Em contrapartida, se $\det A = ad - bc = 0$, então $y \neq 0$ e $(x,y) = \left(\frac{-b}{a}y,y\right)$ são equilíbrios do sistema.

A seguir veremos como encontrar soluções do sistema (1.3) que não são pontos de equilíbrio.

Teorema 1.3. Se $V_0 \neq 0$ é um autovetor da matriz A que satisfaz $AV_0 = \lambda V_0$, em que $\lambda \in \mathbb{R}$ é um autovalor de A, então $X(t) = e^{\lambda t}V_0$ é solução de $\dot{X} = AX$.

Demonstração. Como $X(t)=e^{\lambda t}V_0$ satisfaz a equação $\dot{X}=AX$, segue o resultado. De fato,

$$\dot{X}(t) = \lambda e^{\lambda t} V_0 = e^{\lambda t} \lambda V_0 = e^{\lambda t} A V_0 = A e^{\lambda t} V_0 = A X(t).$$

Como estamos em \mathbb{R}^2 , se encontrarmos dois autovalores λ_1 e λ_2 de A tais que $\lambda_1 \neq \lambda_2$, encontraremos consequentemente um par de soluções $X_i(t) = e^{\lambda_i t} V_i$, com i = 1, 2.

Note que se Re $(\lambda_i) > 0$:

- para $t \to \infty$, $\lim_{t \to \infty} |e^{\lambda_i t} V_i| = \infty$;
- para $t \to -\infty$, $\lim_{t \to -\infty} |e^{\lambda_i t} V_i| = (0, 0)$.

A situação oposta ocorre se Re (λ_i) < 0, pois

- para $t \to \infty$, $\lim_{t \to \infty} |e^{\lambda_i t} V_i| = (0, 0)$;
- para $t \to -\infty$, $\lim_{t \to -\infty} |e^{\lambda_i t} V_i| = \infty$.

Se Re $(\lambda_i) = 0$, teremos uma solução periódica ou constante.

No próximo resultado veremos como encontrar todas as soluções do sistema dado um par especial de soluções.

Teorema 1.4. Suponha que A tenha um par de autovalores $\lambda_1, \lambda_2 \in \mathbb{R}$, tais que $\lambda_1 \neq \lambda_2$, e autovetores associados V_1 e V_2 . Então, a solução geral do sistema linear $\dot{X} = AX$ é dada por:

$$X(t) = \alpha e^{\lambda_1 t} V_1 + \beta e^{\lambda_2 t} V_2, \quad t \in \mathbb{R}$$

onde $X_i(t) = e^{\lambda_i t} V_i$, i = 1, 2, são soluções do sistema e α, β são constantes reais.

Demonstração. Definimos $Z(t) = \alpha X_1(t) + \beta X_2(t)$, com $X_i(t)$, i = 1, 2, sendo soluções por hipótese. Temos:

$$\dot{Z}(t) = \alpha \dot{X}_1(t) + \beta \dot{X}_2(t) = \alpha A X_1(t) + \beta A X_2(t) = A(\alpha X_1(t) + \beta X_2(t)) = A Z(t).$$

Por meio do próximo teorema, poderemos inferir que

$$X(t) = \alpha e^{\lambda_1 t} V_1 + \beta e^{\lambda_2 t} V_2, \quad t \in \mathbb{R},$$

é, na verdade, a única solução do sistema $\dot{X} = AX$ que satisfaz $X(0) = \alpha V_1 + \beta V_2$, caso $\lambda_1, \lambda_2 \in \mathbb{R}$ sejam autovalores de A e V_1 e V_2 sejam seus respectivos autovetores associados.

Teorema 1.5 (Princípio da Linearidade). [13, Teorema 2.7] Seja $\dot{X} = AX$ um sistema planar. Se $X_1(t)$ e $X_2(t)$ são soluções desse sistema e $X_1(0)$ e $X_2(0)$ são vetores linearmente independentes, então $X(t) = \alpha X_1(t) + \beta X_2(t)$, onde α, β são constantes reais, é a única solução do sistema $\dot{X} = AX$ que satisfaz $X(0) = \alpha X_1(0) + \beta X_2(0)$.

Corolário 1.6. Suponha que A tenha um par de autovalores $\lambda_1, \lambda_2 \in \mathbb{R}$, tais que $\lambda_1 \neq \lambda_2$, e autovetores associados V_1 e V_2 . Então, solução do sistema linear $\dot{X} = AX$ é expressa de forma única por

$$X(t) = \alpha e^{\lambda_1 t} V_1 + \beta e^{\lambda_2 t} V_2, \quad t \in \mathbb{R}$$

onde $X_i(t) = e^{\lambda_i t} V_i$, i = 1, 2, são soluções do sistema e α, β são constantes reais.

Demonstração. Por hipótese, $X_1(t) = e^{\lambda_1 t} V_1$ e $X_2(t) = e^{\lambda_2 t} V_2$ são soluções do sistema $\dot{X} = AX$. Sabemos que $X_1(0) = V_1$ e $X_2(0) = V_2$ são vetores linearmente independentes. Portanto, o Teorema 1.5 garante que

$$X(t) = \alpha e^{\lambda_1 t} V_1 + \beta e^{\lambda_2 t} V_2, \quad t \in \mathbb{R},$$

onde α, β são constantes reais, é a única solução do sistema que satisfaz $X(0) = \alpha X_1(0) + \beta X_2(0)$.

1.1.2 Retrato de fase para sistemas planares

Sela.

Considere o sistema planar $\dot{X}=AX$, quando a matriz A está na forma canônica, isto é, $A=\begin{pmatrix}\lambda_1&0\\0&\lambda_2\end{pmatrix}$, com $\lambda_1<0<\lambda_2$. Como det $A=\lambda_1\lambda_2\neq 0$, pelo Teorema 1.2, (0,0) é o único ponto de equilíbrio do sistema. Então, considerando o polinômio característico para encontrar os autovalores e autovetores correspondentes, para λ_1 temos $V_1=(1,0)$, e para λ_2 temos $V_2=(0,1)$. Logo, pelo Teorema 1.4, a solução geral do sistema é dada por:

$$X(t) = \alpha e^{\lambda_1 t} \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \end{pmatrix} + \beta e^{\lambda_2 t} \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix}, \quad t \in \mathbb{R}.$$
 (1.4)

A respeito de (1.4) podemos tecer os comentários descritos abaixo.

- Para $\lambda_1 < 0$, soluções da forma $\alpha e^{\lambda_1 t} \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \end{pmatrix} \operatorname{com} \beta = 0$ tendem ao ponto de equilíbrio através do eixo x (chamado $linha\ est\'{a}vel$).
- Para $\lambda_2 > 0$, soluções da forma $\beta e^{\lambda_2 t} \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix}$ com $\alpha = 0$ se afastam do equilíbrio através do eixo y (chamado $linha\ instável$).
- Considerando $\alpha, \beta \neq 0$, se $t \to \infty$, X(t) se aproxima da linha instável.
- Se $t \to -\infty$, X(t) tende a linha estável.

Se plotarmos todas as soluções do sistema planar, considerando $\lambda_1 < 0$ e $\lambda_2 > 0$, obtemos o retrato de fase do sistema, cujo ponto de equilíbrio é chamado sela - veja a Figura 1.1.

Atrator

Seja $\dot{X}=AX$, onde a matriz dos coeficientes A está na forma canônica, $A=\begin{pmatrix}\lambda_1&0\\0&\lambda_2\end{pmatrix},$ com $\lambda_1<\lambda_2<0.$

Prosseguindo como acima, a solução geral do sistema também é dada por (1.4), onde (0,0) é o único ponto de equilíbrio.

Com isso:

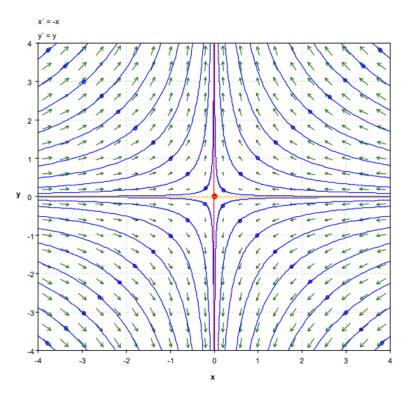
• se $t \to \infty$, como λ_1 , $\lambda_2 < 0$, $X(t) \to (0,0)$, ou seja, todas as soluções do sistema tendem ao equilíbrio.

O ponto de equilíbrio de sistemas com essa característica é chamado *atrator*. Veja a Figura 1.2.

Nesse caso, é interessante saber como as soluções se aproximam da origem. Para isso, calculamos a inclinação $\frac{dy}{dx}$ de uma solução qualquer com $\alpha \neq 0$. Por (1.4), como $x(t) = \alpha e^{\lambda_1 t}$ e $y(t) = \beta e^{\lambda_2 t}$, temos

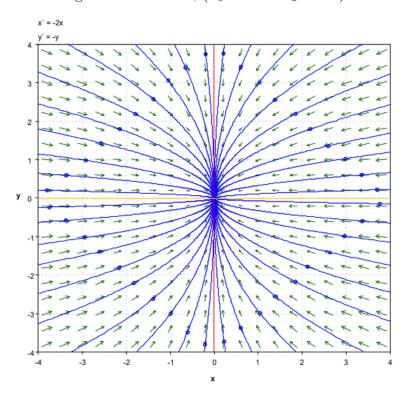
$$\frac{dy}{dx} = \frac{\frac{dy}{dt}}{\frac{dx}{dt}} = \frac{\lambda_2 \beta e^{\lambda_2 t}}{\lambda_1 \alpha e^{\lambda_1 t}} = \frac{\lambda_2 \beta}{\lambda_1 \alpha} e^{(\lambda_2 - \lambda_1)t}.$$

Figura 1.1: Sela, $(\lambda_1 = -1 \text{ e } \lambda_2 = 1)$.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Figura 1.2: Atrator, $(\lambda_1 = -2 \ e \ \lambda_2 = -1)$.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Por hipótese $\lambda_2 - \lambda_1 > 0$ e esses declives vão pra $\pm \infty$, conforme o tempo aumenta. Se $|\lambda_1| > |\lambda_2|$, soluções na coordenada x tendem a origem mais rapidamente do que na coordenada y.

Repulsor

Seja $\dot{X}=AX$, onde a matriz dos coeficientes A está na forma canônica, isto é, $A=\begin{pmatrix}\lambda_1&0\\0&\lambda_2\end{pmatrix}$, com $0<\lambda_1<\lambda_2$. Novamente pelo Teorema 1.2, (0,0) é o único ponto de equilíbrio de $\dot{X}=AX$, que neste caso é chamado de repulsor.

Agora, nosso campo vetorial pode ser considerado como o negativo do caso antecessor. A solução geral e o retrato de fase são similares, exceto pelo fato de que todas as soluções agora se afastam de (0,0) ao longo dos mesmos caminhos. Veja a Figura 1.3.

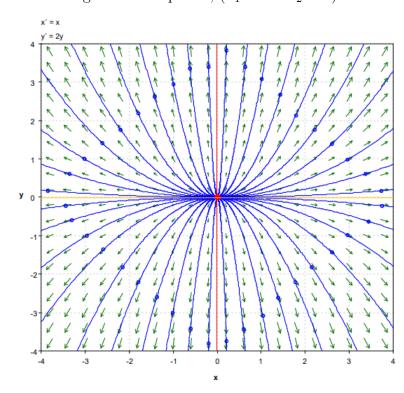


Figura 1.3: Repulsor, $(\lambda_1 = 1 \text{ e } \lambda_2 = 2)$.

Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Centro

Considere $\dot{X}=AX$, onde a matriz A está na forma canônica $A=\begin{pmatrix} 0 & \beta \\ -\beta & 0 \end{pmatrix}$. Os autovalores $\lambda=\pm i\beta$, são conjugados com a parte real nula. Considerando $\lambda=i\beta$, encontramos o autovetor correspondente $V=\begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix}$. Como os autovalores são conjugados, se usássemos $\lambda=-i\beta$, o resultado do autovetor seria o mesmo. Logo, temos uma solução dada por:

 $X(t) = e^{i\beta t} \begin{pmatrix} 1\\ i \end{pmatrix}. \tag{1.5}$

Nesse caso, precisamos de duas soluções para combiná-las e encontrar todas as soluções do sistema. Elas podem ser encontradas utilizando a fórmula de Euler na solução acima. Substituindo $e^{i\beta t} = \cos\beta t + i \sin\beta t$ em (1.5), temos:

$$X(t) = e^{i\beta t} \begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix} = (\cos \beta t + i \sin \beta t) \begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} \cos \beta t + i \sin \beta t \\ i \cos \beta t - \sin \beta t \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \beta t + i \sin \beta t \\ -\sin \beta t + i \cos \beta t \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} \cos \beta t \\ -\sin \beta t \end{pmatrix} + i \begin{pmatrix} \sin \beta t \\ \cos \beta t \end{pmatrix}$$

$$= x_{re}(t) + ix_{im}(t). \tag{1.6}$$

Lema 1.7. $x_{re}(t)$ e $x_{im}(t)$ são soluções reais de $\dot{X} = AX$.

Demonstração. Substituindo (1.6) em (1.3), temos que

$$\dot{X}(t) = \dot{x}_{re}(t) + i\dot{x}_{im}(t) = AX = A(x_{re}(t) + ix_{im}(t)) = Ax_{re}(t) + iAx_{im}(t).$$

Igualando parte real com parte real e imaginária com imaginária, encontramos:

$$\dot{x}_{re}(t) = Ax_{re}(t), \quad \dot{x}_{im}(t) = Ax_{im}(t),$$

concluindo que ambas são soluções reais do sistema.

Combinando essas soluções, obtemos a solução geral de $\dot{X} = AX$:

$$x(t) = a \begin{pmatrix} \cos \beta t \\ -\sin \beta t \end{pmatrix} + b \begin{pmatrix} \sin \beta t \\ \cos \beta t \end{pmatrix}, \quad a, b, t \in \mathbb{R}.$$
 (1.7)

Cada uma dessas soluções é periódica de período $t = \frac{2\pi}{\beta}$. O retrato de fase (1.4) mostra que todas as soluções são circunferências centradas na origem. Se $\beta > 0$ as circunferências são percorridas no sentido horário.

Note que det $A = \beta^2 \neq 0$ e, portanto, o sistema possui um único ponto de equilíbrio que é (0,0), que neste caso é denominado *centro*.

Foco Atrator e Foco Repulsor

Seja $\dot{X}=AX$, com a matriz dos coeficientes A na forma canônica, $A=\begin{pmatrix} \alpha & \beta \\ -\beta & \alpha \end{pmatrix}$, com $\alpha,\beta\neq 0$. Os autovalores de A são $\lambda=\alpha\pm i\beta$, ou seja, complexos conjugados. Considerando $\lambda=\alpha+i\beta$, encontramos o autovetor correspondente $V=\begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix}$. Portanto, uma solução para o sistema é dada por:

$$x(t) = e^{(\alpha + i\beta)t} \begin{pmatrix} 1\\ i \end{pmatrix}. \tag{1.8}$$

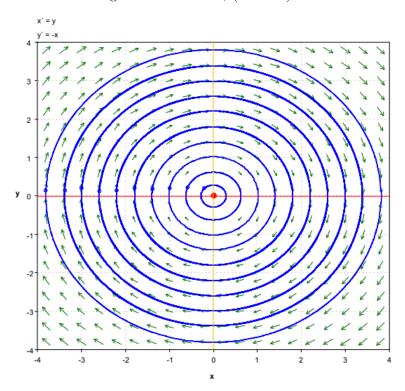


Figura 1.4: Centro, $(\lambda = \pm i)$.

Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Aplicando a formula de Eüler em (1.8), obtemos

$$x(t) = e^{(\alpha + i\beta)t} \begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix} = e^{\alpha t} e^{i\beta t} \begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix}$$

$$= e^{\alpha t} (\cos \beta t + i \sin \beta t) \begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix}$$

$$= e^{\alpha t} \begin{pmatrix} \cos \beta t + i \sin \beta t \\ i \cos \beta t - \sin \beta t \end{pmatrix}$$

$$= e^{\alpha t} \begin{pmatrix} \cos \beta t + i \sin \beta t \\ -\sin \beta t + i \cos \beta t \end{pmatrix}$$

$$= e^{\alpha t} \begin{pmatrix} \cos \beta t \\ -\sin \beta t \end{pmatrix} + e^{\alpha t} \begin{pmatrix} i \sin \beta t \\ i \cos \beta t \end{pmatrix}$$

$$= e^{\alpha t} \begin{pmatrix} \cos \beta t \\ -\sin \beta t \end{pmatrix} + i e^{\alpha t} \begin{pmatrix} \sin \beta t \\ \cos \beta t \end{pmatrix}$$

$$= e^{\alpha t} [x_{re}(t) + ix_{im}(t)]. \tag{1.9}$$

Lema 1.8. $e^{\alpha t}x_{re}(t)$ e $e^{\alpha t}x_{im}(t)$ são soluções reais de $\dot{X}=AX$.

Demonstração. Por (1.9), temos que

$$\dot{X}(t) = e^{\dot{\alpha}t} [\dot{x}_{re}(t) + i\dot{x}_{im}(t)] = Ax = Ae^{\alpha t} [x_{re}(t) + ix_{im}(t)] = Ae^{\alpha t} x_{re}(t) + iAe^{\alpha t} x_{im}(t).$$

Igualando parte real com parte real e imaginária com imaginária, obtemos

$$e^{\dot{\alpha}t}\dot{x}_{re}(t) = Ae^{\alpha t}x_{re}(t), \quad e^{\dot{\alpha}t}\dot{x}_{im}(t) = Ae^{\alpha t}x_{im}(t),$$

provando o resultado.

Novamente, combinando essas soluções, encontramos a solução geral do sistema $\dot{X}=AX$, dada por:

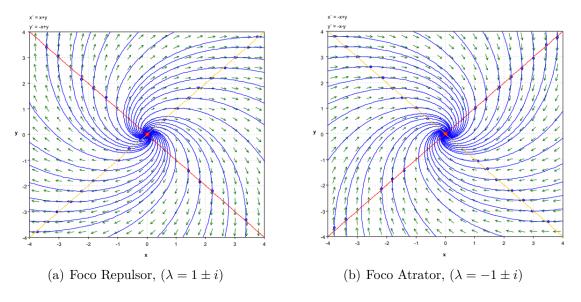
$$X(t) = ae^{\alpha t} \begin{pmatrix} \cos \beta t \\ -\sin \beta t \end{pmatrix} + be^{\alpha t} \begin{pmatrix} \sin \beta t \\ \cos \beta t \end{pmatrix}, \quad a, b, t \in \mathbb{R}.$$
 (1.10)

Também, det $A = \alpha^2 + \beta^2 \neq 0$, e o único ponto de equilíbrio do sistema é (0,0), sobre o qual podemos fazer as observações a seguir.

- Se $\alpha > 0$, quando $t \to \infty$, as soluções se afastam da origem. Neste caso, o ponto de equilíbrio é chamado foco repulsor.
- Se $\alpha < 0$, quando $t \to \infty$ as soluções tendem a origem em espiral. Neste caso, o ponto de equilíbrio é chamado foco atrator.

Os retratos de fase de ambos estão representados na Figuras 1.5.

Figura 1.5: Retratos de fase, considerando $\lambda = \alpha \pm i\beta$.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Autovalores repetidos

Ocorrem quando A tem autovalores reais e repetidos, ou seja, $A = \begin{pmatrix} \lambda & 0 \\ 0 & \lambda \end{pmatrix}$. Neste caso, todo vetor $V \neq 0$ é um autovetor, desde que

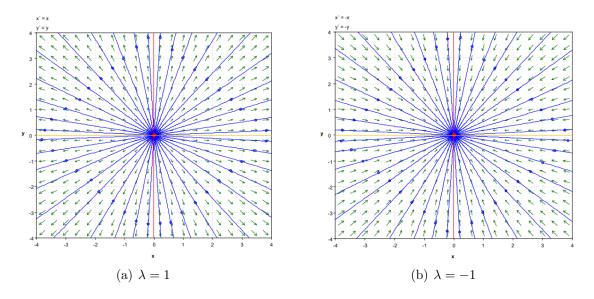
$$AV = \lambda V$$
,

para qualquer $V \in \mathbb{R}^2$. Portanto, temos soluções da forma

$$X(t) = \alpha e^{\lambda t} V, \quad \alpha \in \mathbb{R}.$$

São linhas retas que se afastam do equilíbrio se $\lambda>0$ e tendem ao equilíbrio se $\lambda<0$. Veja a Figura 1.6.

Figura 1.6: Retratos de fase, considerando autovalores repetidos.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

1.1.3 O plano determinante de traços

Seja $A = \begin{pmatrix} a & b \\ c & d \end{pmatrix}$ uma matriz 2×2 qualquer. A fim de encontrar os autovalores de A, procedemos da seguinte forma:

$$\det \begin{pmatrix} a - \lambda & b \\ c & d - \lambda \end{pmatrix} = 0$$
$$(a - \lambda)(d - \lambda) - bc = 0$$
$$ad - a\lambda - d\lambda + \lambda^2 - bc = 0$$
$$\lambda^2 - Tr(A)\lambda + \det A = 0,$$

onde T = Tr(A) = a + d é a soma da diagonal principal e $D = \det(A) = ad - bc$ é o determinante da matriz A. Aplicando o discriminante para encontrar os autovalores,

temos:

$$\Delta = T^2 - 4D$$

$$\lambda_{\pm} = \frac{T \pm \sqrt{T^2 - 4D}}{2}.$$

Note que:

•
$$\lambda_{+} + \lambda_{-} = \frac{T + \sqrt{T^2 - 4D}}{2} + \frac{T - \sqrt{T^2 - 4D}}{2} = \frac{2T}{2} = T = Tr(A),$$

•
$$\lambda_+ \cdot \lambda_- = \frac{T + \sqrt{T^2 - 4D}}{2} \cdot \frac{T - \sqrt{T^2 - 4D}}{2} = \frac{4D}{4} = D = \det(A).$$

Encontrando T e D de A, podemos saber tudo sobre a geometria do sistema $\dot{X} = AX$. Para exibir essa geometria, definimos o plano determinante de traços. Nessa figura, as coordenadas são os pontos (T, D), definindo o plano-TD. O local onde se encontra o ponto determina o retrato de fase correspondente.

Seja
$$\Delta = T^2 - 4D$$
.

- Se $T^2 4D < 0$, obtemos autovalores complexos.
- Se $T^2 4D = 0$ obtemos autovalores reais e iguais.
- Se $T^2 4D > 0$ obtemos autovalores reais e diferentes.

Com isso, a localização de (T,D) em relação à parábola definida acima nos diz tudo sobre os autovalores. Agora, considerando o retrato de fase, temos as considerações a seguir.

(I) Se
$$T^2 - 4D < 0$$
, então $Re(\lambda_+, \lambda_-) = \frac{T}{2}$ e com isso:

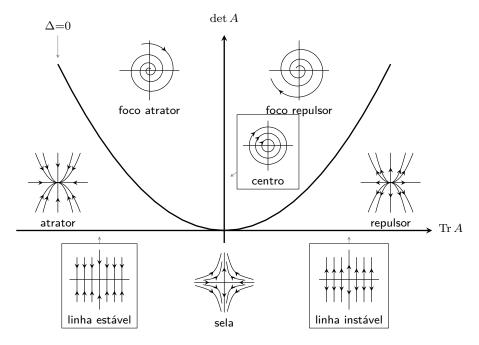
- a) T < 0 resulta em foco atrator;
- b) T > 0 resulta em foco repulsor;
- c) T = 0 resulta em centro.

(II) Se
$$T^2 - 4D > 0$$
, então

- a) D<0 resulta em sela, pois $D=\lambda_+\cdot\lambda_-<0$ e, com isso, um autovalor é positivo e outro negativo;
- b) D > 0 e T < 0 resulta em atrator, pois os dois autovalores são negativos;
- c) D > 0 e T > 0 resulta em repulsor, pois os dois autovalores são positivos;
- d) quando D = 0 e $T \neq 0$, temos um autovalor nulo;
- e) quando D = T = 0, temos os dois autovalores nulos.

Exemplo 1.9. Seja
$$\dot{X} = AX$$
 com $A = \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & 0 \end{pmatrix}$.

Figura 1.7: Plano determinante de traços.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Encontrando o polinômio característico de A, temos

$$\det \begin{pmatrix} 1 - \lambda & 1 \\ 1 & \lambda \end{pmatrix} = 0$$
$$(1 - \lambda)(-\lambda) - 1 = 0$$
$$\lambda^2 - \lambda - 1 = 0.$$

Aplicando o discriminante:

$$\Delta = 1 - 4(1)(-1)$$

 $\Delta = 5$.

Note que $\Delta=5>0$ e $D=\det A=-1<0$. Pela discussão acima, podemos inferir que o ponto de equilíbrio do sistema é do tipo sela.

1.2 Sistemas não lineares

Sejam $D\subset\mathbb{R}^n$ e $f:D\to\mathbb{R}^n$ uma função. Uma equação da forma

$$\dot{x} = f(x) \tag{1.11}$$

é dita equação diferencial ordinária autônoma de primeira ordem.

• O termo "primeira ordem" se refere ao fato de só existirem primeiras derivadas e não existirem derivadas mais altas.

- O termo "autônoma" significa que a derivada depende apenas do estado do sistema x e não depende do tempo t.
- O termo "ordinária" remete ao fato de só existirem derivadas ordinárias e não existirem derivadas parciais.

Uma equação diferencial $\dot{x} = f(x)$ em \mathbb{R}^n , com n > 1, escrita na forma

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = f_1(x_1, \dots, x_n) \\ \vdots \\ \dot{x}_n = f_n(x_1, \dots, x_n) \end{cases}$$

é denominada sistema de equações diferenciais.

Para usar a equação diferencial $\dot{x} = f(x)$ para realizar previsões sobre o que acontecerá, ou seja, para prever x(t), é necessário resolver o problema de valor inicial

$$\dot{x} = f(x), \quad x(t_0) = x_0.$$

Nem sempre é possível encontrar a solução analítica de tal problema. Mas, em muitos problemas de aplicação não se faz necessário saber a expressão algébrica da solução da equação diferencial, é suficiente saber se a equação admite solução, para posteriormente estudar suas propriedades qualitativas. Por isso, o próximo resultado é de grande valia.

Teorema 1.10. [4, Teorema 1.1] Sejam $D \subset \mathbb{R}^n$ um conjunto aberto, $f: D \to \mathbb{R}^n$ uma função continuamente diferenciável e $p \in D$.

(i) Então, o problema do valor inicial

$$\dot{x} = f(x), \quad x(t_0) = p$$

tem solução única.

(ii) Se x(t) permanecer em um conjunto compacto (fechado e limitado) de D quanto t aumentar (ou diminuir), então x(t) estará definido para $t_0 \le t \le \infty$ (respectivamente, para $-\infty \le t \le t_0$).

As equações diferenciais $\dot{x} = f(x)$ com as quais trabalharemos terão sempre funções f continuamente diferenciáveis, portanto o Teorema 1.10 sempre se aplicará.

Recordamos que um ponto x_0 no qual $\dot{x} = 0$, ou seja, $f(x_0) = 0$, é um equilibrio da equação diferencial $\dot{x} = f(x)$.

Corolário 1.11. Sejam $D \subset \mathbb{R}^n$ um conjunto aberto e $f: D \to \mathbb{R}^n$ uma função continuamente diferenciável. Se x_0 é um equilíbrio de $\dot{x} = f(x)$, então a única solução do problema de valor inicial

$$\dot{x} = f(x), \quad x(t_0) = x_0$$

$$\acute{e} x(t) = x_0 \ para - \infty < t < \infty.$$

Demonstração. Basta verificar que $x(t_0) = x_0$ é uma solução do problema de valor inicial, e relembrar que a solução é única pelo Teorema 1.10.

Como consequência imediata do Corolário 1.11, temos o seguinte resultado.

Corolário 1.12. Sejam $D \subset \mathbb{R}^n$ um conjunto aberto $e f : D \to \mathbb{R}^n$ uma função continuamente diferenciável. Seja x(t) uma solução de $\dot{x} = f(x)$. Se no instante t_0 , $x(t_0)$ não é um equilíbrio da equação, isto é, $f(x(t_0)) \neq 0$, então x(t) não é um equilíbrio para todos os valores de t, isto é, $f(x(t)) \neq 0$ para todos os valores de t.

Os conceitos e resultados expostos na sequência serão referenciados durante o trabalho. Por isso, eles se fazem presentes neste capítulo.

Definição 1.13. Denominamos fluxo qualquer família de transformações $\varphi_t : \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}^n$, com $t \in \mathbb{R}$, tal que $\varphi_0 = Id$ e

$$\varphi_{t+s} = \varphi_t \circ \varphi_s, \quad t, s \in \mathbb{R}.$$

Proposição 1.14. Se $f: \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}^n$ é uma função contínua e cada problema de valor inicial

$$\begin{cases} \dot{x} = f(x), \\ x(0) = p \end{cases} \tag{1.12}$$

tem uma solução única x(t,p) que está definida para todo $t \in \mathbb{R}$, então a família de transformações definidas por

$$\varphi_t(p) = x(t, p) \tag{1.13}$$

é um fluxo.

Demonstração. Dado $s \in \mathbb{R}$, consideremos a função $y : \mathbb{R} \to \mathbb{R}^n$ definida por

$$y(t) = x(t+s, p).$$

Note que y(0) = x(s, p) e

$$\dot{y}(t) = \dot{x}(t+s,p) = f(x(t+s,p)) = f(y(t))$$

para $t \in \mathbb{R}$. Assim, y(t) também é solução de (1.12). Mas como, por hipótese, cada problema de valor inicial tem solução única, podemos deduzir que

$$y(t) = x(t, y(0)) = x(t, x(s, p)),$$

ou seja,

$$x(t+s,p) = x(t,x(s,p))$$
 (1.14)

para quaisquer $t, s \in \mathbb{R}$ e $p \in \mathbb{R}^n$. Usando a definição de φ_t dada em (1.13) em (1.14), obtemos

$$\varphi_{t+s}(p) = \varphi_t \circ \varphi_s(p),$$

para quaisquer $t, s \in \mathbb{R}$ e $p \in \mathbb{R}^n$.

Adicionalmente, como $\varphi_0(p) = x(0, p) = p$, concluímos que a família de transformações φ_t é um fluxo.

Definição 1.15. Se x(t) é uma solução de (1.11) com intervalo maximal I_x (máximo domínio conexo da solução), então o conjunto $\gamma = \{x(t) : t \in I_x\} \subset D$ diz-se uma *órbita* do sistema.

Definição 1.16. Uma órbita $\gamma = \{x(t) : t \in [a, b]\}$ que não é ponto de equilíbrio diz-se:

• periódica se existe $\tau > 0$ tal que $x(t+\tau) = x(t)$, sempre que $t, t+\tau \in]a,b[$;

- homoclínica se existe um ponto de equilíbrio p tal que $x(t) \to p$ quando $t \to a^+$ e quando $t \to b^-$;
- heteroclínica se existem pontos de equilíbrios p e q tais que $x(t) \to p$ quando $t \to a^+$ e $x(t) \to q$ quando $t \to b^-$.

Definição 1.17. Dado $x \in \mathbb{R}^n$, dizemos que

$$\gamma^{+}(x) = \left\{ \varphi_{t}(x) : t \in I_{x} \cap \mathbb{R}^{+} \right\}$$

é a semiórbita positiva de x e que

$$\gamma^-(x) = \left\{ \varphi_t(x) : t \in I_x \cap \mathbb{R}^- \right\}$$

Definição 1.18. O retrato de fase da equação (1.11) é obtido representando as órbitas no conjunto D, juntamente com a indicação do sentido de movimento.

Definição 1.19. Para o sistema da forma

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = f_1(x_1, \dots, x_n) \\ \vdots \\ \dot{x}_n = f_n(x_1, \dots, x_n) \end{cases}$$

a x_j -nulóclina é um conjunto de pontos onde $x_j = 0$, ou seja, $f_j(x_1, \ldots, x_n) = 0$, para $j \in \{1, \ldots, n\}$.

As x_j -nulóclinas separam \mathbb{R}^n em uma coleção de regiões nas quais as componentes x_j do campo vetorial apontam na direção positiva ou negativa. A determinação de todas as nulóclinas nos permitirá decompor \mathbb{R}^n em uma coleção de conjuntos abertos, em cada um dos quais o campo vetorial apontará em uma certa direção. Cabe observar que as interseções das x_j -nulóclinas representam os pontos do equilíbrio do sistema.

Definição 1.20. Considere a equação diferencial $\dot{x} = f(x)$ em \mathbb{R}^n e x(t) uma solução dessa equação. Se $V: \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}$ é uma função continuamente diferenciável, então V(x(t)) fornece o valor de V ao longo da solução em função de t. De acordo com a Regra da Cadeia, a taxa de variação de V ao longo da solução x(t) é dada por

$$\dot{V}(x(t)) = \frac{\partial V}{\partial x_1}(x(t))\dot{x}_1(t) + \dots + \frac{\partial V}{\partial x_n}(x(t))\dot{x}_n(t)$$

$$= \nabla V(x(t)) \cdot \dot{x}(t)$$

$$= \nabla V(x(t)) \cdot f(x(t)),$$

onde $\nabla V(x) = \left(\frac{\partial V}{\partial x_1}(x), \frac{\partial V}{\partial x_2}(x), \dots, \frac{\partial V}{\partial x_n}(x)\right)$ é o gradiente de V no ponto x e "·" representa o produto interno canônico em \mathbb{R}^n .

Teorema 1.21. [4, Teorema 2.1] Suponha que sempre que V(x) = c se tenha $\nabla V(x) \neq 0$ e $\dot{V}(x) = 0$. Então, o conjunto V(x) = c é invariante sobre $\dot{x} = f(x)$, ou seja, uma solução de $\dot{x} = f(x)$ que começa no conjunto V(x) = c permanece no conjunto V(x) = c.

1.3 Hiperbolicidade e estabilidade

Definição 1.22. Considere o sistema de classe C^1 :

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = f_1(x_1, \dots, x_n) \\ \vdots \\ \dot{x}_n = f_n(x_1, \dots, x_n) \end{cases}$$

associado a $F(x) = (f_1(x_1, \dots, x_n), \dots, f_n(x_1, \dots, x_n))$, com $x = (x_1, \dots, x_n) \in \mathbb{R}^n$. Dizemos que

$$DF(x) = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1}(x) & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n}(x) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1}(x) & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n}(x) \end{bmatrix},$$

é a linearização do campo F em x. A matriz DF(x) é chamada matriz Jacobiana. Se x_0 for um ponto de equilíbrio do sistema $\dot{x} = F(x)$, dizemos que

$$\dot{y} = DF(x_0)y$$

 \acute{e} o sistema linearizado aplicado em x_0 .

Definição 1.23. Um ponto de equilíbrio x_0 é dito hiperbólico se todos os autovalores de $DF(x_0)$ possuem parte real diferente de zero.

Definição 1.24. Sejam D_1 e D_2 abertos em \mathbb{R}^n e $F_1: D_1 \to \mathbb{R}^n$ e $F_2: D_2 \to \mathbb{R}^n$ funções, tais que os sistemas de equações

$$\dot{x} = F_1(x), \quad \dot{x} = F_2(x),$$

geram fluxos $\varphi_1 \colon D_1 \to \mathbb{R}^n$ e $\varphi_2 \colon D_2 \to \mathbb{R}^n$, respectivamente.

Dizemos que F_1 é topologicamente conjugado a F_2 quando existe um homeomorfismo¹ $h: D_1 \to D_2$ tal que

$$h(\varphi_1(t,x)) = \varphi_2(t,h(x))$$

para todo $x \in D_1$.

Muitas vezes é impossível escrever soluções explícitas de sistemas não lineares de equações diferenciais. A única exceção a isso ocorre quando temos soluções de equilíbrio. Desde que possamos resolver as equações algébricas, podemos escrever os equilíbrios explicitamente. Frequentemente, essas são as soluções mais importantes de um determinado sistema não linear. Geralmente, podemos usar a técnica de linearização para determinar o comportamento de soluções próximas a pontos de equilíbrio.

Na sequência, exibiremos um exemplo em \mathbb{R}^2 onde soluções próximas a um ponto de equilíbrio em um sistema não linear podem ser aproximadas àquelas do sistema linearizado, além de um exemplo onde esse fato não é observado.

¹Dizemos que $h: D_1 \to D_2$ é um homeomorfismo quando h é uma bijeção contínua, com inversa $h^{-1}: D_2 \to D_1$ contínua.

Exemplo 1.25. Consideremos o sistema não linear

$$\begin{cases} \dot{x} = \frac{1}{2}x - y - \frac{1}{2}(x^3 + y^2x) \\ \dot{y} = x + \frac{1}{2}y - \frac{1}{2}(y^3 + x^2y) \end{cases}$$
(1.15)

Temos um ponto de equilíbrio em (0,0). O sistema linearizado em (0,0) é dado por

$$\begin{cases} \dot{x} = \frac{1}{2}x - y \\ \dot{y} = x + \frac{1}{2}y \end{cases}$$
 (1.16)

Como $D = \frac{5}{4} > 0$, T = 1 > 0 e $\Delta = -4 < 0$, o ponto de equilíbrio é um foco repulsor.

Podemos mudar o sistema não linear para coordenadas polares e estudar seu compor-

tamento. Fazendo $\begin{cases} x = r \cos \theta \\ y = r \sin \theta \end{cases}$ em (1.15), encontramos

$$\begin{cases} \dot{r} = \frac{r(1 - r^2)}{2} \\ \dot{\theta} = 1 \end{cases}$$
 (1.17)

Procedendo de maneira geométrica, temos algumas considerações a fazer:

- Da equação $\dot{\theta}=1$, concluímos que todas as soluções não nulas sempre espiralizam em torno da origem.
- Da equação $\dot{r} = \frac{r(1-r^2)}{2}$, extraímos as seguintes conclusões:
 - se r=1, então $\dot{r}=0$ e todas as soluções que começam na circunferência unitária permanecem nela, movendo-se periodicamente;
 - se 0 < r < 1, então $\dot{r} > 0$ e todas as soluções partem da origem de maneira espiralada até a circunferência unitária;
 - se r>1,então $\dot{r}<0$ e as soluções tendem a circunferência unitária, de maneira espiralada.

Note que não existe um sistema linear com essa representação geométrica, mas, próximo à origem, as soluções do sistema não linear e linear se assemelham (veja a Figura (1.8)).

Consideremos então o sistema linearizado em coordenadas polares:

$$\begin{cases} \dot{r} = \frac{r}{2} \\ \dot{\theta} = 1 \end{cases} \tag{1.18}$$

Definimos Φ_t e φ_t fluxos de (1.17) e (1.18), respectivamente. Vamos encontrar uma conjugação entre esses dois fluxos no disco $D = \{(r, \theta) : r < 1\}$. Fixando $r_0 \in D$, para qualquer ponto $(r, \theta) \in D$, com r > 0, existe um único $t = t(r, \theta)$ para o qual $\Phi_t(r, \theta)$ pertence ao círculo $r = r_0$. Com isso, basta considerar:

$$h(r,\theta) = \varphi_{-t}\Phi_t(r,\theta).$$

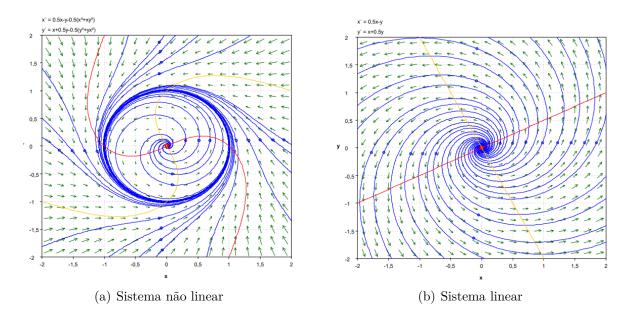


Figura 1.8: Soluções dos sistemas não linear e linearizado, respectivamente.

Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

com $t = t(r, \theta)$. Dessa forma:

$$h \circ \Phi_s(r,\theta) = h(\Phi_s(r,\theta)) = \varphi_{-t}\Phi_t(\Phi_s(r,\theta)) = \varphi_{-t} \circ \Phi_{t+s}(r,\theta).$$

Por outro lado:

$$\varphi_s \circ h(r,\theta) = \varphi_s(h(r,\theta)) = \varphi_s(\varphi_{-t}\Phi_t(r,\theta)) = \varphi_{s-t} \circ \Phi_t(r,\theta).$$

Das igualdades acima, concluímos que

$$h \circ \Phi_s(r,\theta) = \varphi_s \circ h(r,\theta), \quad (r,\theta) \in D.$$

Dessa forma, apesar dos sistemas não serem equivalentes em todo o plano, numa vizinhança da origem ambos possuem comportamento similar.

Exemplo 1.26. Agora, consideremos o sistema:

$$\begin{cases} \dot{x} = -y + \epsilon x(x^2 + y^2) \\ \dot{y} = x + \epsilon y(x^2 + y^2) \end{cases}$$
(1.19)

Aqui, o parâmetro ϵ pode ser um inteiro positivo ou negativo. O sistema linearizado em (0,0) é dado por

$$\begin{cases} \dot{x} = -y \\ \dot{y} = x, \end{cases} \tag{1.20}$$

onde a origem é um ponto de equilíbrio do tipo centro, pois $D=1>0,\ T=0$ e $\Delta=-4<0$ e todas as soluções possuem sentido anti-horário e são centradas na origem. Em coordenadas polares, o sistema (1.19) se reduz ao seguinte:

$$\begin{cases} \dot{r} = \epsilon r^3 \\ \dot{\theta} = -1 \end{cases} \tag{1.21}$$

Portanto, quando $\epsilon > 0$, todas as soluções espiralam para longe da origem, enquanto quando $\epsilon < 0$, todas as soluções espiralam em direção à origem.

Neste caso, a adição de termos não lineares, não importando o quão próximo da origem, modifica o retrato de fase do sistema linearizado drasticamente. Com isso, não podemos usar a linearização para determinar o comportamento desse sistema próximo ao ponto de equilíbrio (veja as Figuras (1.9)).

Figura 1.9: Retrato de fase para $\epsilon = 1$ e $\epsilon = -1$, respectivamente.

Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

A seguir, enunciamos um teorema que, sob determinadas hipóteses, garante que um sistema não linear possui o mesmo comportamento de um sistema linearizado em uma vizinhança de um ponto de equilíbrio.

Teorema 1.27 (Hartman-Grobman). [13, Teorema 8.2] Suponha que o sistema ndimensional $\dot{x} = F(x)$ tenha um ponto de equilíbrio x_0 que é hiperbólico. Então, o fluxo do sistema não linear é topologicamente conjugado ao fluxo do sistema linearizado em uma vizinhança de x_0 .

Definição 1.28. Uma variedade é um espaço topológico que se parece localmente com um espaço euclidiano nas vizinhanças de cada ponto. Cada ponto de uma variedade de dimensão n tem uma vizinhança que é homeomorfa ao espaço euclidiano de dimensão n.

Definição 1.29. Suponha que a equação diferencial $\dot{x} = F(x)$ em \mathbb{R}^n tenha um subespaço k-dimensional ξ de equilíbrios. Um equilíbrio x^0 em ξ é normalmente hiperbólico se a matriz $DF(x^0)$ tiver exatamente k autovalores iguais a zero e os n-k autovalores restantes tiverem a parte real diferente de zero.

Teorema 1.30. [4, Teorema 4.1] Suponha que a equação diferencial $\dot{x} = F(x)$ em \mathbb{R}^n tenha um subespaço k-dimensional ξ de equilíbrios. Seja ξ_0 um subconjunto aberto de ξ tal que todos os equilíbrios em ξ_0 são normalmente hiperbólicos. Suponha que para todos os x^0 em ξ_0 , $DF(x^0)$ tem l autovalores com a parte real negativa e m autovalores com a parte real positiva, onde k + l + m = n (l ou m pode ser zero). Então, pode-se afirmar que:

- cada x^0 em ξ_0 tem uma variedade estável $W^s(x^0)$ de dimensão l;
- cada x^0 em ξ_0 tem uma variedade instável $W^u(x^0)$ de dimensão m;
- a união das variedades $W^s(x^0)$ é uma variedade de dimensão k+l chamada $W^s(\xi_0)$;
- a união das variedades $W^u(x^0)$ é uma variedade de dimensão k+m chamada $W^u(\xi_0)$.

Sejam $D \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ um aberto e $F: D \to \mathbb{R}^n$ uma função. Uma equação da forma

$$\dot{x} = F(t, x),\tag{1.22}$$

é dita equação diferencial ordinária de primeira ordem.

Na equação (1.22), a derivada depende do estado do sistema x e do tempo t.

Definição 1.31. Dada uma função contínua $F:D\to\mathbb{R}^n$ num aberto $D\subset\mathbb{R}\times\mathbb{R}^n$, consideramos a equação

$$\dot{x} = F(t, x),\tag{1.23}$$

e admitimos que, para cada $(t_0, x_0) \in D$, existe uma solução única $x(t, t_0, x_0)$ do problema de valor inicial (PVI)

$$\begin{cases} \dot{x} = F(t, x), \\ x(t_0) = x_0. \end{cases}$$

Uma solução $x(t, t_0, x_0)$ da equação (1.23) definida para $t > t_0$ diz-se estável se dado $\epsilon > 0$, existe $\delta > 0$ tal que se $||x_0 - \bar{x_0}|| < \delta$, então:

- a) a solução $x(t, t_0, x_0)$ está definida para $t > t_0$;
- b) $||x(t, t_0, x_0) x(t, t_0, \bar{x_0})|| < \epsilon \text{ para } t > t_0.$

Caso contrário, a solução é dita *instável*.

Definição 1.32. Uma solução $x(t, t_0, x_0)$ da equação (1.23) definida para $t > t_0$ diz-se assintoticamente estável se:

- a) $x(t, t_0, \bar{x_0})$ é estável;
- b) existe $\alpha > 0$ tal que se $||x_0 \bar{x_0}|| < \alpha$, então:

$$||x(t, t_0, x_0) - x(t, t_0, \bar{x_0})|| \to 0, \quad t \to \infty.$$

Definição 1.33. Um ponto de equilíbrio x_0 de um sistema autônomo

$$\dot{x} = F(x), \quad x \in D \subset \mathbb{R}^n.$$

é estável quando, para toda vizinhança O de x_0 , existe uma vizinhança O_1 de x_0 tal que toda solução x(t) do sistema autônomo com $x(0) \in O_1$ está definida e contida em O para todo $t \geq 0$. Se, além disso, $\lim_{t \to +\infty} x(t) = x_0$, então x_0 é assintoticamente estável.

Podemos concluir, portanto, que pontos de equilíbrio do tipo

- atrator e foco atrator são assintoticamente estáveis;
- centro são estáveis;
- repulsor e foco repulsor são instáveis.

Logo, se o ponto de equilíbrio for hiperbólico, então imediatamente seremos capazes de determinar sua estabilidade.

1.4 Órbitas fechadas e conjuntos limites

Nos resultados anteriores nos concentramos nas soluções de equilíbrio de sistemas de equações diferenciais. Mas, existem outros tipos de soluções que são importantes para um sistema. Soluções periódicas ocorrem para $\dot{x} = F(x)$ se temos um ponto x regular (que não é de equilíbrio) e um tempo τ para o qual $\varphi_{\tau}(x) = x$. Disso, se $\varphi_{\tau+t}(x) = \varphi_{t}(x)$ para todo t, então φ_{t} é uma solução periódica (órbita periódica) de período τ . Assim como os pontos de equilíbrio, soluções periódicas também podem atrair outras soluções.

Definição 1.34. Sejam $F: D \subset \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}^n$ um campo vetorial de classe C^k , $1 \leq k < \infty$, definido no aberto D e $\varphi(t) = \varphi(t,p)$ a órbita de F passando por p e definida no seu intervalo maximal $I_p = (\omega_-(p), \omega_+(p))$. Se $\omega_-(p) = -\infty$ e $\omega_+(p) = +\infty$, definimos os conjuntos ω -limite e α -limite de p por

- $\omega(p) = \{ q \in D : \exists (t_n), \text{ com } t_n \to \infty \ e \ \varphi(t_n) \to q, \text{ quando } n \to \infty \};$
- $\alpha(p) = \{ q \in D : \exists (t_n), \text{ com } t_n \to -\infty \ e \ \varphi(t_n) \to q, \text{ quando } n \to \infty \}.$

A partir de agora, até o final desta subseção, restringir-nos-emos a conceitos e resultados em \mathbb{R}^2 .

Definição 1.35. Sejam D um aberto de \mathbb{R}^2 e $F:D\to\mathbb{R}^2$ um campo vetorial de classe C^1 . Uma órbita periódica γ chama-se *ciclo limite* se existe uma vizinhança V de γ tal que γ é a única órbita fechada de F que intersecta V.

Proposição 1.36. Existem apenas os seguintes tipos de ciclos limites:

- i) Estável, quando $\lim_{t\to\infty}d(\varphi(t,q),\gamma)=0,$ para todo $q\in V;$
- ii) Instável, quando $\lim_{t\to -\infty} d(\varphi(t,q),\gamma) = 0$, para todo $q\in V$;
- $\begin{array}{l} \emph{iii)} \ \ \text{Semiest\'avel}, \ quando \lim_{t \to \infty} d(\varphi(t,q),\gamma) = 0 \ \textit{para todo} \ q \in V \cap \text{Ext}(\gamma) \ e \lim_{t \to -\infty} d(\varphi(t,q),\gamma) = 0 \ \textit{para todo} \ q \in V \cap \text{Int}(\gamma), \ \textit{ou o contr\'ario}.^2 \end{array}$

Teorema 1.37 (Poincaré-Bendixson). [2, Teorema 7.11] Seja $F : \mathbb{R}^2 \to \mathbb{R}^2$ uma função de classe C^1 . Para a equação $\dot{x} = F(x)$, se a semiórbita positiva $\gamma^+(x)$ de um ponto $x \notin limitada e \omega(x)$ não contém pontos de equilíbrio, então $\omega(x) \notin limitada$ eriódica.

Exemplo 1.38. Consideremos o sistema de equações diferenciais em coordenadas polares:

$$\begin{cases} \dot{r} = r(1-r) \\ \dot{\theta} = 1 \end{cases} \tag{1.24}$$

É fácil observar que o único ponto de equilíbrio de (1.24) é (0,0). Se considerarmos o conjunto $S = \{x \in \mathbb{R}^2 : ||x|| = 1\}$, então

- para $x \in \{(0,0)\} \cup S$, temos $\alpha(x) = \omega(x) = \gamma^{+}(x) = \gamma^{-}(x) = \gamma(x)$;
- para $x \in \mathbb{R}^2$ com 0 < ||x|| < 1, temos $\alpha(x) = \{(0,0)\}$ e $\omega(x) = S$;

²As notações Int (γ) e Ext (γ) denotam as partes interna e externa de γ , respectivamente.

• para $x \in \mathbb{R}^2$ com ||x|| > 1, temos $\alpha(x) = \emptyset$ e $\omega(x) = S$.

Agora, considere o anel

$$D = \left\{ x \in \mathbb{R}^2 \colon 1/2 < ||x|| < 2 \right\}.$$

Note que para r=1/2, temos $\dot{r}=1/4>0$ e para r=2, temos $\dot{r}=-2<0$. Logo, para tempos positivos, qualquer órbita que entra em D permanece em D. Se considerarmos a semiórbita positiva $\gamma^+(x)$ passando por $x\in D$, verificamos que $\gamma^+(x)\subset D$ e, portanto, é limitada. Além disso, $\omega(x)$ com $x\in D$ não contém pontos de equilíbrio. Portanto, pelo Teorema 1.37, concluímos que $\omega(x)$ é uma órbita periódica.

A seguir temos um resultado que generaliza o Teorema 1.37 para o caso em que $\omega(x)$ contém pontos de equilíbrio.

Teorema 1.39. [2, Teorema 7.15] Seja $F: \mathbb{R}^2 \to \mathbb{R}^2$ uma função de classe C^1 . Para o sistema (1.11), se a semiórbita positiva $\gamma^+(x)$ de um ponto x está contida num compacto onde existe apenas um número finito de pontos de equilíbrio, então temos uma das seguintes alternativas:

- a) $\omega(x)$ é um ponto de equilíbrio;
- b) $\omega(x)$ é uma órbita periódica;
- c) $\omega(x)$ é a união de um número finito de pontos de equilíbrio e órbitas homoclínicas e heteroclínicas.

Em geral, não é possível determinar se um sistema possui órbitas periódicas ou não, mas existem alguns critérios que permitem excluir a existência de órbitas periódicas, conforme veremos na sequência.

Definição 1.40. Consideremos

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = f_1(x_1, x_2) \\ \dot{x}_2 = f_2(x_1, x_2) \end{cases},$$

com $F(x_1, x_2) = (f_1(x_1, x_2), f_2(x_1, x_2)), \dot{x} = (\dot{x}_1, \dot{x}_2),$ um campo vetorial definido em um conjunto aberto $D \subset \mathbb{R}^2$. O divergente de F, denotado por $\nabla \cdot F$, é definido por

$$\nabla \cdot F(x_1, x_2) = \frac{\partial f_1}{\partial x_1}(x_1, x_2) + \frac{\partial f_2}{\partial x_2}(x_1, x_2).$$

Teorema 1.41 (Critério de Bendixson). [11, Teorema 1] Seja $F: D \to \mathbb{R}^2$ uma função de classe C^1 . Suponha que

- i) D seja uma região simplesmente conexa³ de \mathbb{R}^2 ;
- ii) $\nabla \cdot F$ seja sempre positivo em D ou sempre negativo em D.

Então, o sistema $\dot{x} = F(x)$ não possui órbitas periódicas.

 $^{^3}$ Uma região D é simplesmente conexa em \mathbb{R}^2 se, para toda curva fechada simples em D, a região delimitada por ela está inteiramente contida em D. Intuitivamente, uma região simplesmente conexa não possui buracos.

Teorema 1.42 (Critério de Dulac). [11, Teorema 2] Seja $F: D \to \mathbb{R}^2$ uma função de classe C^1 . Suponha que

- i) D seja uma região simplesmente conexa em \mathbb{R}^2 ;
- ii) existe uma função $g \colon D \to \mathbb{R}$, de classe C^1 , sempre positiva em D, tal que $\nabla \cdot gF$ é sempre positivo em D, ou sempre negativo em D.

Então, o sistema $\dot{x} = F(x)$ não possui órbitas periódicas em D.

Exemplo 1.43. Consideremos o sistema

$$\begin{cases} \dot{x} = y \\ \dot{y} = -x - y + x^2 + y^2 \end{cases}$$
 (1.25)

Vamos mostrar (1.25) não possui órbitas periódicas em \mathbb{R}^2 .

Definimos $g \colon \mathbb{R}^2 \to \mathbb{R}$ por g(x,y) = 1 e calculamos:

$$\nabla \cdot gF(x,y) = \frac{\partial}{\partial x}(y) + \frac{\partial}{\partial y}(-x - y + x^2 + y^2) = -1 + 2y.$$

Note que

- se $y < \frac{1}{2}$, então $\nabla \cdot gF(x,y) > 0$;
- se $y > \frac{1}{2}$, então $\nabla \cdot gF(x,y) < 0$.

Aplicando o Critério de Dulac, podemos atestar que nos semiplanos $y < \frac{1}{2}$ e $y > \frac{1}{2}$ não existem órbitas periódicas.

Por outro lado, para $y = \frac{1}{2}$, temos $\nabla \cdot gF(x,y) = 0$. Assim, não podemos afirmar se o sistema possui ou não órbita periódica para $y = \frac{1}{2}$.

Vamos definir uma nova função, a saber, $g: \mathbb{R}^2 \xrightarrow{\mathcal{L}} \mathbb{R}$ por $g(x,y) = e^{\alpha x}$. Temos:

$$\nabla \cdot gF(x,y) = \frac{\partial}{\partial x}(e^{\alpha x}y) + \frac{\partial}{\partial y}\left[e^{\alpha x}(-x-y+x^2+y^2)\right] = e^{\alpha x}\left[(\alpha+2)y-1\right].$$

Se escolhermos $\alpha = -2$, reduziremos a expressão acima em $\nabla \cdot gF(x,y) = -e^{-2x} < 0$ em \mathbb{R}^2 . Com isso, pelo Critério de Dulac, o sistema (1.25) não possui órbita periódica.

Nos próximos capítulos utilizaremos a teoria explorada aqui para analisar modelos de doenças infecciosas que podem ser expressos como sistemas de equações diferenciais ordinárias.

2 Modelo SIS

Sabe-se que na população humana uma doença infecciosa, como a gripe ou a Covid-19, propaga-se devido à combinação de características patogênicas e ao comportamento humano. As características patogênicas determinam as circunstâncias sob as quais uma pessoa contagiosa pode infectar outra. O comportamento humano determina a frequência com que essas circunstâncias ocorrem.

Um indivíduo infectado pode ser ou não capaz de transmitir a doença; caso seja capaz, é chamado contagioso, infectante ou infeccioso.

Vamos considerar uma doença infecciosa, para a qual ninguém tem, nem ganha imunidade. Como exemplo, podemos citar as doenças causadas por agentes bacterianos como a Meningite Meningocócica, a Peste, doenças sexualmente transmissíveis e também por protozoários, como a Malária.

Consideremos uma população de pessoas de tamanho N (constante), que pode ser dividida em dois compartimentos:

- S Suscetíveis: indivíduos que não possuem a doença e podem contraí-la.
- I Infectados: indivíduos que possuem a doença e podem contaminar outra pessoa.

Um indivíduo suscetível pode contrair a doença de uma pessoa infectada. O indivíduo suscetível torna-se infectado e mantém-se infectado até ficar curado. Posteriormente, o infectado volta a ser suscetível, haja vista que não existe imunidade a essa doença. Também não consideraremos a dinâmica vital.

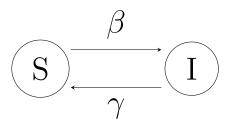
Vamos supor que:

- a taxa com a qual os suscetíveis ficam doentes é proporcional ao produto da fração de suscetíveis pela fração de infectados (Lei de ação das massas);
- a taxa com a qual os infectados se recuperam é proporcional a fração de infectados.

Seja S(t) a fração da população que é suscetível no instante t e I(t) a fração da população que está infectada no instante t. Temos que $S(t) \geq 0$, $I(t) \geq 0$ e S(t) + I(t) = 1. Por simplicidade, vamos adotar S(t) = S e I(t) = I. Podemos entender tal situação no fluxograma abaixo:

46 Modelo SIS

Figura 2.1: Fluxograma do modelo SIS.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Neste caso, β e γ são constantes de proporcionalidades positivas. Tal modelo é descrito pelo seguinte sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI + \gamma I \\ \dot{I} = \beta SI - \gamma I \end{cases}$$
 (2.1)

Somando as equações de (2.1), obtemos $\dot{S} + \dot{I} = 0$. Assim, se S + I = 1 inicialmente, então S + I = 1 posteriormente. Isto tem sentido dado que S e I são frações da população.

Além disso, como S + I = 1, temos S = 1 - I e reescrevendo a segunda equação de (2.1), obtemos

$$\dot{I} = \beta SI - \gamma I = \beta (1 - I)I - \gamma I = (\beta - \gamma)I - \beta I^2. \tag{2.2}$$

Nesse caso, reduzir o sistema em uma dimensão nos permite encontrar uma solução geral para o modelo SIS, além de facilitar no entendimento do comportamento das soluções.

2.1 A constante β

Em modelos epidemiológicos, a constante β é chamada de coeficiente de transmissão e é a taxa de novas infecções quando todas as pessoas contatadas são suscetíveis. Simbolicamente:

$$\beta = \frac{\text{pessoas contatadas}}{\text{pessoa infectada} \cdot \text{dia}} \cdot \text{probabilidade de transmissão}.$$

Por definição, β é o produto de dois termos, no qual o primeiro depende do modo de vida da população e pode ser mais alto para pessoas que moram na zona urbana, onde indivíduos entram em contato com mais pessoas. Já o segundo é uma propriedade da própria doença, o quão contagiosa ela é. Neste caso, para o modelo (2.1) a unidade de β é $\frac{1}{\text{dia}}$.

2.2 A constante γ

Sabemos que o fenômeno associado a γ é a recuperação dos infectados. Inicialmente, vamos supor que toda a população esteja infectada, ou seja:

$$\dot{I} = -\gamma I, \quad I(0) = 1.$$
 (2.3)

Sabemos que a solução da equação acima é $I(t) = e^{-\gamma t}$. Além disso, $\dot{I} = -\gamma e^{-\gamma t}$ é a taxa com a qual I varia, sendo negativa por conta das pessoas estarem se curando. Com isso, podemos pensar ao contrário e considerar $-\dot{I} = \gamma e^{-\gamma t}$ como sendo a taxa com a qual as pessoas se curam, que é positiva. No fim, todos se curam, pois

$$\int_0^\infty -\dot{I}dt = \lim_{a \to \infty} \int_0^a \gamma e^{-\gamma t} dt = \gamma \lim_{a \to \infty} \int_0^a e^{-\gamma t} dt = \gamma \lim_{a \to \infty} \left(\frac{e^{-\gamma t}}{-\gamma} \right)_0^a = \lim_{a \to \infty} -(e^{-\gamma t})_0^a = 1.$$

Então, pelo valor da integral acima, sabemos que $-\dot{I}$ é uma função densidade de probabilidade, com $-\dot{I}(t) \geq 0$, $\forall t$. Como as pessoas que ficam curadas no tempo t estiveram doentes durante um tempo t, podemos calcular o tempo médio que as pessoas ficam doentes no intervalo $0 \leq t \leq \infty$, que é dado por:

$$\int_0^\infty -t\dot{I}dt = \lim_{a \to \infty} \int_0^a t\gamma e^{-\gamma t}dt = \gamma \lim_{a \to \infty} \left(\int_0^a t e^{-\gamma t}dt \right) = \frac{\gamma}{\gamma^2} \lim_{a \to \infty} (-\gamma e^{-\gamma t}t - e^{-\gamma t})_0^a = \frac{1}{\gamma}.$$

Assim, $\frac{1}{\gamma}$ indica o tempo médio que as pessoas ficam doentes. Da mesma forma, a unidade de γ para esse modelo é $\frac{1}{\text{dia}}$.

2.3 Dedução do modelo SIS

Definimos s(t) como o número de indivíduos suscetíveis e i(t) como o número de infectados no instante t, de modo que s(t) + i(t) = N.

A taxa de novas infecções na população inteira no instante t é obtida da seguinte forma:

$$\frac{\text{novas pessoas infectadas}}{\text{dia}} = \beta \cdot \frac{s(t)}{N} \cdot i(t).$$

A infecção se alastra a uma taxa proporcional ao produto entre o número das populações de infectados e suscetíveis. Cabe mencionar que essa suposição advém da Lei de Ação das Massas, da Química. A taxa com a qual os infectados se recuperam é proporcional a i(t), com constante de proporcionalidade γ . Com isso, obtém-se o sistema:

$$\begin{cases}
\dot{s} = \frac{-\beta}{N} si + \gamma i \\
\dot{i} = \frac{\beta}{N} si - \gamma i
\end{cases}$$
(2.4)

Fazendo s=SN e i=IN em (2.4), obtém-se (2.1).

2.4 Equilíbrios do modelo SIS

Fazendo $\dot{I} = 0$ em (2.2), encontramos:

$$(\beta - \gamma)I - \beta I^2 = (\beta - \gamma - \beta I)I = 0,$$

ou seja, I=0 ou $I=1-\frac{\gamma}{\beta}$ são equilíbrios do modelo.

48 Modelo SIS

2.5 Linha de fase para o sistema SIS

Vamos ver o que se passa com as soluções do sistema desenhando a linha de fase do modelo, representada pelo eixo I, com pontos que representam os equilíbrios e setas mostrando onde as soluções crescem e decrescem. O gráfico de (2.2) é uma parábola e podemos utilizá-lo para desenhar a linha de fase e ter uma melhor visualização da variação de I.

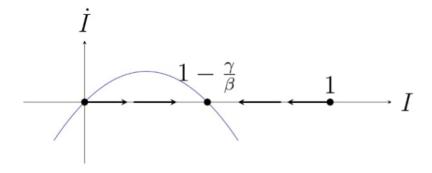
Restringindo a linha de fase do modelo ao intervalo $\mathcal{I} = \{I : 0 \leq I \leq 1\}$, lembrando que γ e β são constantes positivas e reescrevendo (2.2) como:

$$\dot{I} = (\beta - \gamma - \beta I)I = \beta \left(1 - \frac{\gamma}{\beta} - I\right)I,$$

vemos que existem dois casos:

- Se $\frac{\gamma}{\beta} > 1$, $1 \frac{\gamma}{\beta}$ não está em \mathcal{I} e todas as soluções em \mathcal{I} tendem a 0 quando $t \to \infty$, pois $\dot{I} < 0$.
- Se $\frac{\gamma}{\beta}$ < 1, 1 $\frac{\gamma}{\beta}$ está em \mathcal{I} e interpretaremos a linha de fase da seguinte forma:
 - Todas as soluções em \mathcal{I} , com $0 < I(0) < 1 \frac{\gamma}{\beta}$, tendem a $1 \frac{\gamma}{\beta}$ quando $t \to \infty$, pois $\dot{I} > 0$. Por outro lado, se $t \to -\infty$, todas as soluções nesse intervalo tendem a 0.
 - Todas as soluções em \mathcal{I} , com $1 \frac{\gamma}{\beta} < I(0) \le 1$, tendem a $1 \frac{\gamma}{\beta}$ quando $t \to \infty$, pois $\dot{I} < 0$. Por outro lado, se $t \to -\infty$, todas as soluções nesse intervalo tendem a 1.

Figura 2.2: Linha de fase para $\frac{\gamma}{\beta} < 1$.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

2.6 O número básico reprodutivo R_0

O número básico reprodutivo, R_0 , é o número médio de indivíduos infectados por cada indivíduo infectado quando uma doença é introduzida em uma população, pressupondo que todos os indivíduos que se encontram com indivíduos infectados são suscetíveis à doença. No modelo SIS, R_0 representa o número de novas infecções causadas por dia, por cada indivíduo infectado, vezes o tempo médio de dias que um indivíduo permanece infectado. Simbolicamente, temos:

$$R_0 = \beta \cdot \frac{1}{\gamma} = \frac{\beta}{\gamma},$$

ou seja, um indivíduo durante o período médio de infecção $\frac{1}{\gamma}$ infectará β novos indivíduos. A seguir, vamos mostrar o comportamento das soluções de (2.2) em função de R_0 .

Teorema 2.1. Considerando a equação (2.2), pode-se atestar que:

- (i) Se $R_0 < 1$, então o equilíbrio I = 0 é um atrator.
- (ii) Se $R_0 > 1$, então o equilíbrio I = 0 é um repulsor, e o equilíbrio $I = 1 \frac{\gamma}{\beta}$ é um atrator.

Demonstração. Seja $\dot{I} = f(I) = (\beta - \gamma)I - \beta I^2$. Utilizando a linearização, temos $\dot{f}(I) = \beta - \gamma - 2\beta I$. Podemos verificar que $\dot{f}(0) = \beta - \gamma$ e $\dot{f}\left(1 - \frac{\gamma}{\beta}\right) = -(\beta - \gamma)$. Portanto,

- se $R_0<1$, então $\beta<\gamma$ e $\dot{f}(0)=\beta-\gamma<0$. Dessa forma, pelo Teorema de Hartman-Grobman (Teorema 1.27), o equilíbrio I=0 é um atrator.
- Se $R_0 > 1$, então $\beta > \gamma$ e $\dot{f}(0) = \beta \gamma > 0$. Logo, pelo Teorema de Hartman-Grobman (Teorema 1.27), o equilíbrio I = 0 é um repulsor. Além disso, $1 \frac{\gamma}{\beta} \in \mathcal{I}$ e $\dot{f}\left(1 \frac{\gamma}{\beta}\right) = -(\beta \gamma) < 0$, de onde segue que o equilíbrio $1 \frac{\gamma}{\beta}$ é um atrator.

Pelo resultado acima, epidemiologicamente conseguimos controlar a doença através do valor de R_0 . Para isso, basta controlarmos o valor do parâmetro β (que é o coeficiente de transmissão) através de medidas de controle, diminuindo o contato entre as pessoas infectadas e suscetíveis.

2.7 Soluções do modelo SIS

Para a maioria das equações diferenciais é difícil escrever a forma explícita de suas soluções. No entanto, podemos escrever explicitamente a solução do modelo SIS para entender seu comportamento.

Vamos considerar a equação (2.2) com $\beta=2$ e $\gamma=1$. Assim, $R_0=\frac{2}{1}=2>1$. Escrevendo $\dot{I}=\frac{dI}{dt}$, temos:

$$\frac{dI}{dt} = I - 2I^2. (2.5)$$

50 Modelo SIS

No intervalo $0 < I(t) < \frac{1}{2}$, vamos encontrar a solução geral da equação acima usando separação de variáveis e frações parciais. Escolhemos um intervalo onde os argumentos dos logaritmos que vão aparecer são positivos, não necessitando tomar os valores absolutos. Resolvendo (2.5), temos:

$$\frac{dI}{dt} = I - 2I^{2}$$

$$\frac{dI}{I - 2I^{2}} = dt$$

$$\int \frac{dI}{I - 2I^{2}} = \int dt$$

$$\int \frac{dI}{I - 2I^{2}} = t + c_{1}.$$
(2.6)

Decompondo o integrando $\frac{1}{I-2I^2}$ em frações parciais, obtemos

$$\frac{1}{I-2I^2} = \frac{1}{I(1-2I)} = \frac{A}{I} + \frac{B}{1-2I} = \frac{A(1-2I)+BI}{I(1-2I)} = \frac{A-2AI+BI}{I(1-2I)}.$$

Daí, pela igualdade acima

$$I(-2A+B) + A = 1,$$

o que implica A = 1 e B = 2.

Pelo primeiro membro de (2.6):

$$\int \frac{dI}{I - 2I^2} = \int \left(\frac{1}{I} + \frac{2}{1 - 2I}\right) dI$$
$$= \int \frac{1}{I} dI + \int \frac{2}{1 - 2I} dI$$
$$= \ln I - \ln(1 - 2I) + c_2.$$

Portanto, resolver a equação (2.6) equivale a resolver a equação

$$ln I - ln(1 - 2I) + c_2 = t + c_1,$$

cuja solução é

$$I(t) = \frac{A}{e^{-t} + 2A},\tag{2.7}$$

com $A = e^c > 0$ e $c = c_1 - c_2$.

Por substituição na equação diferencial, vamos verificar que todas as funções da forma (2.7) são soluções do sistema, independente de A ser maior ou menor que zero. A constante A é determinada pela condição inicial $I(0) = I_0$. Pois bem, substituindo (2.7) em (2.5), temos do lado esquerdo:

$$\frac{dI}{dt} = \frac{-A(-e^{-t})}{(e^{-t} + 2A)^2} = \frac{Ae^{-t}}{(e^{-t} + 2A)^2}.$$

Em contrapartida, do lado direito temos

$$I - 2I^{2} = \frac{A}{e^{-t} + 2A} - 2\left(\frac{A}{e^{-t} + 2A}\right)^{2}$$

$$= \frac{A}{e^{-t} + 2A} - 2\frac{A^{2}}{(e^{-t} + 2A)^{2}}$$

$$= \frac{A(e^{-t} + 2A) - 2A^{2}}{(e^{-t} + 2A)^{2}}$$

$$= \frac{Ae^{-t} + 2A^{2} - 2A^{2}}{(e^{-t} + 2A)^{2}}$$

$$= \frac{Ae^{-t}}{(e^{-t} + 2A)^{2}}.$$

Usando a expressão (2.7), podemos calcular o limite quando o tempo aumenta e retrocede, para ver o que acontece com a solução no intervalo $0 < I(t) < \frac{1}{2}$. Com efeito:

•
$$\lim_{t \to \infty} I(t) = \lim_{t \to \infty} \frac{A}{e^{-t} + 2A} = \frac{A}{2A} = \frac{1}{2};$$

•
$$\lim_{t \to -\infty} I(t) = \lim_{t \to -\infty} \frac{A}{e^{-t} + 2A} = 0.$$

Esses limites são observados na linha de fase (reveja a Figura (2.2)) do modelo. Ou seja, as soluções se aproximam do equilíbrio $I=\frac{1}{2}$ conforme o tempo aumenta.

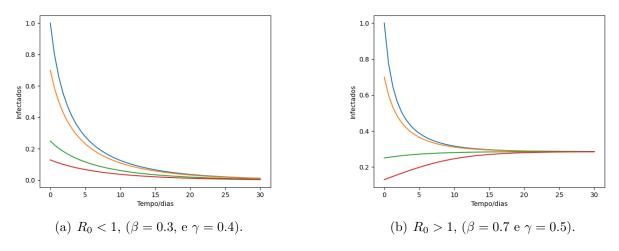
2.8 Discussão dos Resultados

Estudando o modelo qualitativamente, verificamos que, por uma condição inicial, a doença extinguir-se-á ou o número de infectados poderá tender a uma constante positiva (tornando-se endêmica), dependendo do valor de R_0 . Se $R_0 < 1$ o número de infectados decresce e a doença extingue-se, mas, se $R_0 > 1$, o número de infectados cresce ou decresce (dependendo da condição inicial) até um equilíbrio, com $I \neq 0$. Pelos resultados, basta um único indivíduo contrair a doença para que esta se espalhe até o equilíbrio endêmico ser atingido. É claro que na prática devemos pensar na probabilidade de um único indivíduo infectar alguém e, caso infecte, em quantas pessoas pode infectar. Modelos estocásticos são usados para quantificar a probabilidade de uma doença que é inicialmente contraída por um pequeno número de pessoas efetivamente se espalhar.

Mudanças no comportamento da população interferem diretamente no valor de R_0 , pois pode-se controlar o valor de β por meio de medidas de controle, como o uso de máscaras e quarentena, que ajudam a diminuir o número de pessoas contatadas por pessoa infectada. Exemplos de soluções para diferentes condições iniciais são mostrados nas figuras abaixo.

52 Modelo SIS

Figura 2.3: $R_0 < 1$ e $R_0 > 1$, respectivamente.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

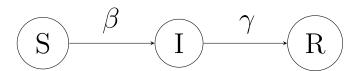
3 Modelo SIR

Consideremos uma doença infecciosa da qual as pessoas se recuperam e ficam com imunidade completa. Como exemplo podemos citar a Hepatite A, causada pelo vírus da Hepatite A (VHA). Assumindo que a imunidade é permanente e a população é constante, vamos dividi-la em três compartimentos:

- S Suscetíveis: sem doença e sem imunidade.
- I Infectados: que possuem a doença e são contagiosos.
- R Recuperados: sem a doença e imunes.

Quando alguma fração da população não é suscetível à doença por alguma razão genética, comportamental, imunológica etc, podemos incluir essa fração no compartimento de recuperados desde o início. Vamos representar o fluxograma do modelo SIR da seguinte forma:

Figura 3.1: Fluxograma do modelo SIR.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

O modelo SIR é descrito pelo sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI \\ \dot{I} = \beta SI - \gamma I \\ \dot{R} = \gamma I \end{cases}$$
 (3.1)

As constantes β e γ têm o mesmo significado do modelo SIS. Portanto, podemos definir o número básico reprodutivo, R_0 , como anteriormente:

$$R_0 = \beta \cdot \frac{1}{\gamma} = \frac{\beta}{\gamma}.$$

Temos que $S(t) \ge 0$, $I(t) \ge 0$ e $R(t) \ge 0$. Somando as três equações de (3.1), verificamos que $\dot{S} + \dot{I} + \dot{R} = 0$, portanto, se inicialmente S + I + R = 1, posteriormente a igualdade se mantém. Assim, podemos reduzir o sistema (3.1) para duas equações, pois

54 Modelo SIR

encontramos R(t) por meio da equação R(t) = 1 - S(t) - I(t). Reescrevendo as equações, encontramos:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI \\ \dot{I} = \beta SI - \gamma I \end{cases}$$
 (3.2)

Isso faz com que possamos visualizar o retrato de fase do sistema no plano, ajudando-nos a entender o comportamento das soluções.

3.1 Retrato de Fase

Vamos restringir o retrato de fase do sistema ao triângulo

$$\Delta = \{ (S, I) \colon S \ge 0, I \ge 0, S + I \le 1 \},\,$$

que é a nossa região biologicamente viável. Para desenhar o retrato de fase, vamos utilizar as nulóclinas do sistema. Note que

- se $\dot{S}=0$, então S=0 ou I=0;
- se $\dot{I} = 0$, então $S = \frac{\gamma}{\beta}$ ou I = 0.

Quando as taxas são nulas simultaneamente, encontramos os pontos de equilíbrio do sistema. Com isso, para $\dot{S} = \dot{I} = 0$, concluímos que a reta I = 0 representa os equilíbrios do modelo (3.2).

As nulóclinas dividem o plano em regiões abertas nas quais \dot{S} e \dot{I} têm sinal constante. Os sinais em cada região vão determinar em que quadrante os vetores se encontram. Para observar o comportamento do sistema, vamos reescrever (3.2) como:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI \\ \dot{I} = \left(S - \frac{\gamma}{\beta}\right) I\beta \end{cases}$$

Considerando o espaço de fase Δ , há dois casos $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} < 1$ e $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} > 1$. No primeiro caso, $\frac{\gamma}{\beta} > 1$ e no segundo $\frac{\gamma}{\beta} < 1$.

Para $\frac{\gamma}{\beta} > 1$, observamos que

- se I > 0 e S = 0, então $\dot{I} < 0$ e $\dot{S} = 0$;
- se I > 0 e S > 0, então $\dot{I} < 0$ e $\dot{S} < 0$.

Agora, considerando $\frac{\gamma}{\beta} < 1$, vemos que

- se I > 0 e S = 0, então $\dot{I} < 0$ e $\dot{S} = 0$;
- se I > 0 e $0 < S < \frac{\gamma}{\beta}$, então $\dot{I} < 0$ e $\dot{S} < 0$;
- se I>0 e $\frac{\gamma}{\beta} < S \le 1$, então $\dot{I}>0$ e $\dot{S}<0$.

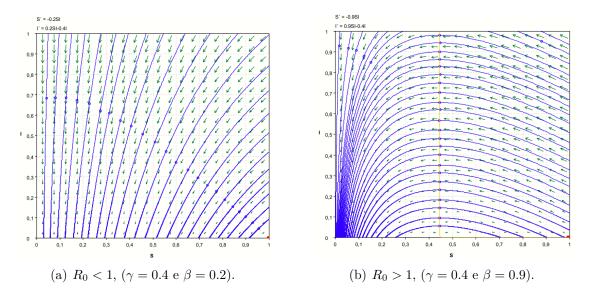


Figura 3.2: $R_0 < 1$ e $R_0 > 1$, respectivamente.

Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Analisemos o campo vetorial de (3.2) para $R_0 < 1$ e $R_0 > 1$.

- Se $R_0 < 1$, soluções (S, I) começando em $\Delta^+ = \{(S, I) : S > 0, I > 0, S + I \le 1\}$ tendem a linha de equilíbrio I = 0.
- Se $R_0 > 1$, Δ^+ é dividido em dois pela nulóclina $S = \frac{\gamma}{\beta}$. Podemos verificar que
 - se $S > \frac{\gamma}{\beta}$, a fração de infectados cresce e a de suscetíveis decresce;
 - se $S < \frac{\gamma}{\beta}$, a fração de infectados e suscetíveis decresce.

Podemos verificar o comportamento descrito acima na Figura (3.2). Nos resultados presentes na próxima seção vamos verificar que isso realmente acontece para o modelo SIR.

3.2 Equilíbrios do modelo SIR

Vamos, agora, estudar o comportamento local das soluções próximas aos equilíbrios do sistema (3.2).

Teorema 3.1. O ponto de equilíbrio (S,0) do sistema (3.2) possui

- i) uma variedade estável, quando $R_0 < 1$ ou $R_0 > 1$ e $S < \frac{\gamma}{\beta}$;
- ii) uma variedade instável, quando $R_0 > 1$ e $S > \frac{\gamma}{\beta}$.

Demonstração. Para o modelo SIR (3.2), a matriz de linearização é dada por:

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial S}{\partial S} & \frac{\partial S}{\partial I} \\ \frac{\partial I}{\partial S} & \frac{\partial I}{\partial I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\beta I & -\beta S \\ \beta I & \beta S - \gamma \end{bmatrix}. \tag{3.3}$$

Modelo SIR

Substituindo o equilíbrio (S,0) em (3.3), obtemos

56

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial \dot{S}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{S}}{\partial I} \\ \frac{\partial \dot{I}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{I}}{\partial I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & -\beta S \\ 0 & \beta S - \gamma \end{bmatrix}. \tag{3.4}$$

Os autovalores de (3.4) são $\lambda_1 = 0$ e $\lambda_2 = \beta S - \gamma$. Desconsiderando o caso em que $S = \frac{\gamma}{\beta}$, sabemos que os equilíbrios não são hiperbólicos e sim normalmente hiperbólicos, pois o sistema (3.2) tem um subespaço unidimensional de equilíbrios (k = 1) e exatamente 1 autovalor igual a zero. Para o sistema SIR, n = 2 e

- se $R_0 < 1$ ou $R_0 > 1$ e $S < \frac{\gamma}{\beta}$, temos que $\beta S < \gamma$ e, consequentemente, $\lambda_2 < 0$. Então, l = 1 (autovalores com parte real negativa) e m = 0 (autovalores com parte real positiva). Logo, pelo Teorema 1.30, o equilíbrio (S, 0) tem uma variedade estável unidimensional.
- Se $R_0 > 1$ e $S > \frac{\gamma}{\beta}$, temos que $\beta S > \gamma$ e $\lambda_2 > 0$. Então, l = 0 e m = 1. Com isso, pelo Teorema 1.30, o equilíbrio (S, 0) tem uma variedade instável unidimensional.

3.3 Órbitas do modelo SIR

O comportamento de soluções próximas ao equilíbrio (S,0) é provado analiticamente neste caso, pois podemos calcular explicitamente uma função que é constante ao longo das curvas de solução. Inicialmente, escrevemos (3.2) como:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \end{cases}$$
(3.5)

Observe que a inclinação do campo vetorial do espaço SI é encontrada dividindo a segunda equação de (3.5) pela primeira:

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\beta SI - \gamma I}{-\beta SI} = -1 + \frac{\gamma}{\beta S}.$$
 (3.6)

Integrando ambos os lados de (3.6), encontramos:

$$I = I(S) = -S + \frac{\gamma}{\beta} \ln S + c, \quad c \in \mathbb{R}.$$
(3.7)

Aqui, encontramos uma função que é constante ao longo das curvas de solução. As funções encontradas em (3.7) são chamadas curvas invariantes, pois uma solução que começa na curva permanece nela. Neste caso, as curvas invariantes são uniões das órbitas do modelo (3.2). Portanto, existe uma única curva conectando cada ponto de equilíbrio no intervalo $\frac{\gamma}{\beta} < S < 1$ a um equilíbrio no intervalo $0 < S < \frac{\gamma}{\beta}$.

3.4 Discussão dos Resultados

Estudando qualitativamente o modelo para $R_0 < 1$, todas as soluções do sistema tendem a linha estável de equilíbrio I = 0.

Se $R_0 > 1$, vamos supor que uma epidemia comece num estado populacional $(S, I) = (S_1, 0)$, com $\frac{\gamma}{\beta} < S_1 \le 1$, em que S_1 é a fração inicial de suscetíveis. Quando a doença é introduzida, I se torna ligeiramente positivo, digamos I_1 , fazendo com que o número de infectados aumente e o número de suscetíveis diminua. Com o tempo, o número de suscetíveis se torna $\frac{\gamma}{\beta}$ e posteriormente fica menor do que esse valor. A fração populacional recuperada mais infectada quando $S = \frac{\gamma}{\beta}$ é chamada *imunidade de rebanho* e definida por:

$$R + I = 1 - \frac{\gamma}{\beta}.$$

Quando essa fração populacional já não é mais suscetível à doença, ela começa a extinguir-se. A partir daí, o número de suscetíveis é menor do que $\frac{\gamma}{\beta}$ e o número de infectados começa a diminuir também. No final da epidemia, a fração da população suscetível é S_2 , com $0 < S_2 < \frac{\gamma}{\beta}$.

A figura abaixo ilustra o comportamento descrito acima para $S_1 = 0.93$.

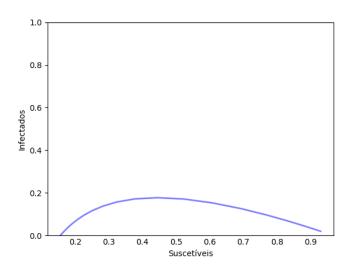


Figura 3.3: Uma órbita do modelo SIR.

Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Analiticamente, se a curva (3.7) passa por $(S_1, 0)$, então

$$0 = -S_1 + \frac{\gamma}{\beta} \ln S_1 + c$$
$$c = S_1 - \frac{\gamma}{\beta} \ln S_1.$$

58 Modelo SIR

Como a curva também passa por $(S_2, 0)$ temos:

$$0 = -S_2 + \frac{\gamma}{\beta} \ln S_2 + c$$

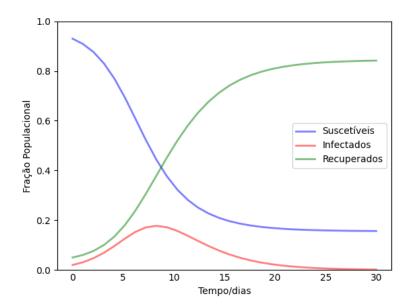
$$0 = -S_2 + \frac{\gamma}{\beta} \ln S_2 + S_1 - \frac{\gamma}{\beta} \ln S_1$$

$$0 = -(S_2 - S_1) + \frac{\gamma}{\beta} (\ln S_2 - \ln S_1) = F(S_2).$$

Logo, dado S_1 , também podemos encontrar o valor de S_2 pela equação acima.

Verifiquemos o comportamento das frações populacionais para $R_0 > 1$, com $\beta = 0.9$ e $\gamma = 0.4$, sob a condição inicial (S, I, R) = (0.93, 0.02, 0.05), lembrando que R inicial contém a fração da população imune à doença por questões genéticas, imunológicas etc.

Figura 3.4: Variação de S, I e R - Modelo SIR.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Na Figura 3.4, o valor de saída para a fração de suscetíveis é $S_2 \approx 0$, 18. Além disso, a imunidade de rebanho é dada por $1-\frac{0.4}{0.9}\approx 0.55$. Quando $S=\frac{0.4}{0.9}\approx 0.45$, se repararmos na curva de I, ela atinge seu pico e começa a decrescer. Neste caso, a vacinação é uma ótima medida de controle para reduzir o número de infectados de doenças modeladas pelo sistema (3.1), pois a fração de suscetíveis diminui e, por conseguinte, a imunidade de rebanho é atingida.

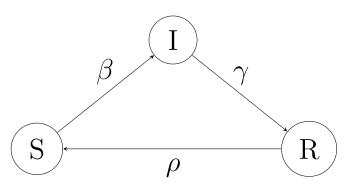
4 Modelo SIRS

Consideremos uma doença infecciosa para a qual a imunidade pode ser perdida com o tempo, como exemplo podemos citar a Influenza A(H1N1) causada pelo vírus H1N1. Neste capítulo, vamos estudar o modelo SIRS, que comparado ao modelo anterior, possui alguns termos adicionais:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI + \rho R \\ \dot{I} = \beta SI - \gamma I \\ \dot{R} = \gamma I - \rho R \end{cases}$$
(4.1)

O fluxograma do modelo está representado abaixo:

Figura 4.1: Fluxograma do modelo SIRS.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

A perda de imunidade é representada pelos indivíduos que se transferem do compartimento R (onde estão imunes) para o compartimento S a uma taxa proporcional a R. Aqui, $\frac{1}{\rho}$ representa o tempo médio antes da perda de imunidade.

É fácil verificar que $\dot{S} + \dot{I} + \dot{R} = 0$. Então, se S + I + R = 1 inicialmente, teremos S + I + R sempre igual a 1. Logo, vamos reduzir o modelo para duas equações e obter R(t) de R(t) = 1 - S(t) - I(t). Reescrevendo (4.1), temos

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI + \rho (1 - S - I) \\ \dot{I} = \beta SI - \gamma I \end{cases}$$
 (4.2)

Assim como nos modelos SIS e SIR, definimos:

$$R_0 = \beta \cdot \frac{1}{\gamma} = \frac{\beta}{\gamma}.$$

4.1 Retrato de Fase

Vamos restringir o retrato de fase do sistema (4.2) ao triângulo

$$\Delta = \{ (S, I) \colon S \ge 0, I \ge 0, S + I \le 1 \},\,$$

que é o nossa região biologicamente viável.

Comecemos por encontrar as nulóclinas de (4.2). Temos:

•
$$\dot{S} = 0$$
 quando $I = \frac{\rho - \rho S}{\rho + \beta S}$;

•
$$\dot{I} = 0$$
 quando $I = 0$ ou $S = \frac{\gamma}{\beta}$.

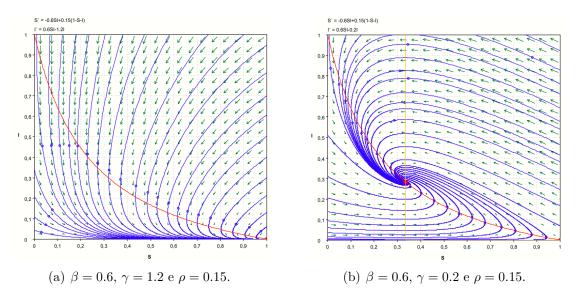
No primeiro caso temos uma hipérbole com dois ramos, já no segundo, duas retas. Há pontos de equilíbrio onde as nulóclinas se intersectam, ou seja, quando $\dot{S} = \dot{I} = 0$.

Com isso, identificamos que (1,0) e $\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta-\gamma)}{\beta(\rho+\gamma)}\right)$ são equilíbrios do sistema.

Como estamos interessados na região Δ , devemos considerar $R_0 < 1$ com $\frac{\gamma}{\beta} > 1$ e $R_0 > 1$ com $\frac{\gamma}{\beta} < 1$.

Vamos analisar o campo vetorial de (4.2) para $R_0 < 1$ e $R_0 > 1$, respectivamente.

Figura 4.2: $R_0 < 1$ e $R_0 > 1$, respectivamente.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

- Para o caso em que $R_0 < 1$, todas as soluções tem $\dot{I} < 0$ para I > 0. Todas estão tendendo para o equilíbrio (1,0). Neste caso, o equilíbrio $\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta \gamma)}{\beta(\rho + \gamma)}\right)$ não está em Δ , pois $\frac{\gamma}{\beta} > 1$.
- Para o caso em que $R_0 > 1$, as soluções circulam em torno do equilíbrio $\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta \gamma)}{\beta(\rho + \gamma)}\right)$ espiralando em direção a ele.

4.2 Equilíbrios do modelo SIRS

Inicialmente, analisemos a estabilidade do ponto de equilíbrio (1,0) para os casos em que $R_0 < 1$ e $R_0 > 1$.

Teorema 4.1. O ponto de equilíbrio (1,0) do sistema (4.2) é do tipo

- i) at rator, quando $R_0 < 1$;
- ii) sela, quando $R_0 > 1$.

Demonstração. Para o modelo SIRS (4.2), a matriz de linearização é dada por:

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial \dot{S}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{S}}{\partial I} \\ \frac{\partial \dot{I}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{I}}{\partial I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\beta I - \rho & -\beta S - \rho \\ \beta I & \beta S - \gamma \end{bmatrix}. \tag{4.3}$$

Substituindo (S, I) = (1, 0) em (4.3), temos

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial \dot{S}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{S}}{\partial I} \\ \frac{\partial \dot{I}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{I}}{\partial I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\rho & -\beta - \rho \\ 0 & \beta - \gamma \end{bmatrix}. \tag{4.4}$$

Os autovalores da matriz (4.4) são $\lambda_1 = -\rho$ e $\lambda_2 = \beta - \gamma$. Temos que λ_1 é negativo. Já λ_2 é negativo quando $R_0 < 1$, pois $\beta < \gamma$, e positivo se $R_0 > 1$, pois $\beta > \gamma$. Portanto, (1,0) é um ponto de equilíbrio hiperbólico e pelo Teorema de Hartman-Grobman (Teorema 1.27), é atrator quando $R_0 < 1$ e sela quando $R_0 > 1$.

Pelo resultado acima, se $R_0 < 1$, epidemiologicamente a doença vai se extinguir, ao contrário de quando $R_0 > 1$, onde a doença pode persistir.

Agora, estudemos a estabilidade do ponto de equilíbrio $\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta - \gamma)}{\beta(\rho + \gamma)}\right)$.

Teorema 4.2. O ponto de equilíbrio $\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta - \gamma)}{\beta(\rho + \gamma)}\right)$ do sistema (4.2) é atrator quando $R_0 > 1$.

Demonstração. Em $(S, I) = \left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta - \gamma)}{\beta(\rho + \gamma)}\right)$, a matriz de linearização é dada por:

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial \dot{S}}{\partial S} & \frac{\partial \dot{S}}{\partial I} \\ \frac{\partial I}{\partial S} & \frac{\partial I}{\partial I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\rho \frac{\beta - \gamma}{\rho + \gamma} - \rho & -\gamma - \rho \\ \rho \frac{\beta - \gamma}{\rho + \gamma} & 0 \end{bmatrix}. \tag{4.5}$$

Pelo plano determinante de traços, sabemos que a soma dos autovalores é o traço da matriz e a multiplicação dos autovalores é o determinante. Assim, tem-se:

$$Tr \begin{bmatrix} -\rho \frac{\beta - \gamma}{\rho + \gamma} - \rho & -\gamma - \rho \\ \rho \frac{\beta - \gamma}{\rho + \gamma} & 0 \end{bmatrix} = -\rho \frac{\beta - \gamma}{\rho + \gamma} - \rho \tag{4.6}$$

е

$$\det \begin{bmatrix} -\rho \frac{\beta - \gamma}{\rho + \gamma} - \rho & -\gamma - \rho \\ \rho \frac{\beta - \gamma}{\rho + \gamma} & 0 \end{bmatrix} = \rho(\beta - \gamma). \tag{4.7}$$

Se $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} > 1$, por (4.6) e (4.7) vemos que Tr < 0 e det > 0. Com isso:

- λ_1 e λ_2 são ambos negativos e pelo Teorema de Hartman-Grobman (Teorema 1.27), o ponto de equilíbrio $\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta \gamma)}{\beta(\rho + \gamma)}\right)$ é atrator;
- λ_1 e λ_2 são um par conjugado complexo $\alpha \pm i\beta$, com $\alpha < 0$, e portanto, pelo Teorema de Hartman-Grobman (Teorema 1.27), o ponto de equilíbrio $\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta \gamma)}{\beta(\rho + \gamma)}\right)$ é um foco atrator.

Os teoremas acima fornecem informações sobre o comportamento das soluções do sistema (4.2) próximas a seus pontos de equilíbrio. Contudo, podemos analisar se mais soluções definidas em $\Delta^+ = \{(S,I) \colon S>0, I>0, S+I\leq 1\}$ possuem comportamento similar. É o que faremos na próxima seção.

4.3 Estabilidade global do modelo SIRS

Considere Δ um subconjunto fechado e limitado do plano, positivamente invariante. Para o sistema (4.2), as soluções que começam em Δ permanecem em Δ . Para ver isso, basta verificar se as soluções não podem escapar dos limites.

Uma solução que começa em S+I=1 aponta para dentro de Δ . Para constatar esse fato, considere a função V(S,I)=S+I e escreva o sistema (4.2) na forma vetorial

$$(\dot{S}, \dot{I}) = F(S, I) = (-\beta SI + \rho(1 - S - I), \beta SI - \gamma I)$$

e calcule \dot{V} :

$$\nabla V(S,I) \cdot F(S,I) = (1,1) \cdot (-\beta SI + \rho(1-S-I), \beta SI - \gamma I)$$

$$= -\beta SI + \rho(1-S-I) + \beta SI - \gamma I$$

$$= \rho(1-S-I) - \gamma I$$

$$= -\rho(S+I-1) - \gamma I$$

$$= -\gamma I < 0, \text{ se } I > 0.$$

Assim, a taxa de variação de V(S,I) ao longo das soluções do sistema SIR diminui na região I>0. Portanto, se uma solução começar em Δ^+ com S+I=1, então S+I vai diminuir imediatamente e a solução entrará em Δ .

Para o caso I=0 (respectivamente S=0), podemos considerar V(S,I)=I (respectivamente V(S,I)=S) e pelo Teorema 1.21, I=0 e S=0 são invariantes, ou seja, qualquer solução que comece em I=0 (respectivamente em S=0) permanecerá em I=0 (respectivamente em S=0).

A seguir temos um resultado que nos garante a não existência de órbita periódica em $\Delta^+.$

Teorema 4.3. O sistema (4.2) não possui órbitas periódicas.

Demonstração. Consideremos a função $g(S,I)=\frac{1}{I}$, para I>0. Multiplicando o segundo membro das equações do sistema (4.2) por g(S,I), encontramos:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta S + \frac{\rho}{I} (1 - S - I) \\ \dot{I} = \beta S - \gamma \end{cases}$$
 (4.8)

A divergência de (4.8) é dada por:

$$\frac{\partial \dot{S}}{\partial S}(S,I) + \frac{\partial \dot{I}}{\partial I}(S,I) = -\left(\beta + \frac{\rho}{I}\right),\,$$

que é negativa para I>0. Logo, o Critério de Dulac (Teorema 1.42), garante que o sistema (4.2) não possui órbitas periódicas em Δ^+ .

Sendo assim, pela Definição (1.16) não existem soluções homoclínicas e heteroclínicas e pelo teorema 1.39:

- todas as soluções do sistema (4.2) em Δ^+ se aproximam do equilíbrio (1,0), quando $R_0 < 1$ e $t \to \infty$;
- todas as soluções do sistema (4.2) em Δ^+ se aproximam do equilíbrio $\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\rho(\beta \gamma)}{\beta(\rho + \gamma)}\right)$, quando $R_0 > 1$ e $t \to \infty$.

Para $R_0 = 1$ temos a ocorrência de uma bifurcação, ou seja, uma pequena mudança suave feita nos valores dos parâmetros de R_0 causa uma mudança drástica no comportamento das soluções.

4.4 Discussão dos Resultados

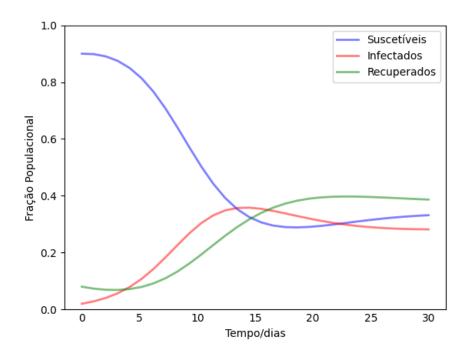
Anteriormente, foram estudados a estabilidade dos equilíbrios do modelo (3.2) e o comportamento local (próximo aos pontos de equilíbrio) e global das soluções. Pensando no número de reprodução básico, se $R_0 < 1$, todas as soluções do sistema se aproximam do equilíbrio trivial (S,I)=(1,0) que é um atrator global. Para $R_0>1$, o ponto de equilíbrio endêmico existe e é globalmente assintoticamente estável. Isso indica que quando o coeficiente de transmissão β da doença é alto, o modelo epidemiológico tende a um valor constante de infectados I>0 e a doença persiste na população. Por outro lado, se β for pequeno o suficiente para que $\beta<\gamma$, independente da condição inicial, o número de infectados decresce até I=0 e a doença desaparece.

Na Figura 4.3, ilustramos o comportamento das frações populacionais para $R_0 > 1$, com $\beta = 0.6$, $\gamma = 0.2$ e $\rho = 0.15$, sob a condição inicial (S, I, R) = (0.9, 0.02, 0.07).

 $Modelo\ SIRS$

64

Figura 4.3: Variação de $S,\,I$ e R- Modelo SIRS



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Podemos observar que a fração de infectados depois de certo tempo se torna constante em $I\approx 0.3.$

5 Modelo para a Covid-19

O modelo para a Covid-19 que será descrito aqui é baseado no sistema SEIR, que adiciona o compartimento de expostos entre o compartimento de suscetíveis e infectados. Consideramos a versão modificada do modelo SEIR, que leva em consideração características relevantes da Covid-19. De acordo com os dados retirados de [10], os suscetíveis que contraem a doença ficam assintomáticos e não infecciosos por cerca de 2.5 dias (chamados de expostos). Eles se tornam contagiosos por cerca de 2.5 dias antes de desenvolver qualquer sintoma (chamados de contagiosos). Após esse período, cerca de um terço dos portadores da doença continuam assintomáticos (chamados de assintomáticos), e dois terços passam a desenvolver diversos sintomas (chamados de infectados). Após 5 dias, o grupo de assintomáticos deixa de ser contagioso, e decorrido 10 dias, o mesmo acontece com os infectados. O modelo possui 6 compartimentos:

- S Suscetível: sem a doença e sem imunidade.
- E Exposto: que contraiu a doença, mas não é contagioso.
- C Contagioso: infectado, contagioso e ainda sem sintomas.
- I Infectado: infectado, contagioso e com sintomas.
- A Assintomático: infectado, contagioso e sem sintomas;
- R Removido: recuperado, imune ou falecido.

Nesse modelo, vamos supor que todos os indivíduos dos compartimentos de A e I entram no compartimento R quando deixam de ser infecciosos. Além disso, vamos considerar imunidade permanente e a população constante.

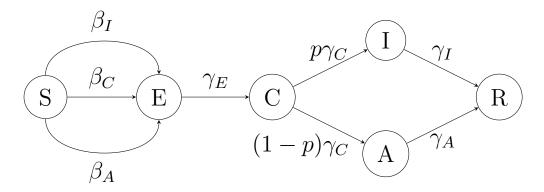
Podemos esquematizar o fluxo entre os compartimentos do modelo da Covid-19 conforme exposto na Figura 5.1.

O modelo considerado será representado pelo seguinte sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases}
\dot{S} = -\beta_C S C - \beta_I S I - \beta_A S A \\
\dot{E} = \beta_C S C + \beta_I S I + \beta_A S A - \gamma_E E \\
\dot{C} = \gamma_E E - \gamma_C C \\
\dot{I} = p \gamma_C C - \gamma_I I \\
\dot{A} = (1 - p) \gamma_C C - \gamma_A A \\
\dot{R} = \gamma_I I + \gamma_A A.
\end{cases} (5.1)$$

Note que além das letras que representam os compartimentos, o modelo faz uso de certas constantes, que são obtidas pela análise do comportamento da doença na população.

Figura 5.1: Fluxograma do modelo para a Covid-19.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

 $\acute{\rm E}$ importante destacar que elas são positivas; forneceremos o significado de cada uma delas a seguir.

- β_C : taxa de novas infecções causadas diretamente por contato com indivíduos contagiosos (compartimento C);
- β_I : taxa de novas infecções causadas diretamente por contato com indivíduos infectados (compartimento I);
- β_A : taxa de novas infecções causadas diretamente por indivíduos assintomáticos (compartimento A);
- γ_E : taxa na qual o indivíduo se move para fora do compartimento E;
- γ_C : taxa na qual o indivíduo se move para fora do compartimento C;
- γ_I : taxa na qual o indivíduo se move para fora do compartimento I;
- γ_A : taxa na qual o indivíduo se move para fora do compartimento A;
- p: probabilidade de um indivíduo no compartimento C desenvolver sintomas.

Para a Covid-19, sabe-se que β_C é a maior das taxas de infecção. Por outro lado, β_I é menor do que se poderia esperar, uma vez que, devido aos sintomas, os indivíduos no compartimento I, tendo consciência de que estão doentes, tendem a manter-se em estado de isolamento. O parâmetro p, por se tratar de um valor de probabilidade, pertence ao intervalo [0,1].

5.1 Espaço de fase

De (5.1) segue que

$$\dot{S} + \dot{E} + \dot{C} + \dot{I} + \dot{A} + \dot{R} = 0.$$

Portanto, se S+E+C+I+A+R=1 inicialmente, então S+E+C+I+A+R permanecerá igual a 1. Como nos modelos estudados anteriormente, devido a população

constante, podemos reduzir a dimensão do modelo tomando R=1-S-E-C-I-A, não fazendo-se necessário o estudo direto da equação para R. Aqui, entretanto, vamos mantê-la, uma vez que uma redução de seis equações para cinco não é muito útil.

O espaço de fase do modelo (5.1) possui 6 dimensões, sendo representado por:

$$\{(S, E, C, I, A, R): S \ge 0, E \ge 0, C \ge 0, I \ge 0, A \ge 0, R \ge 0, S + E + C + I + A + R \le 1\}.$$

5.2 Equilíbrios do modelo para a Covid-19

Para encontrar equilíbrios do modelo para a Covid-19, inicialmente, igualamos as últimas quatro equações de (5.1) a zero. Obtemos um sistema de quatro equações lineares nas quatro incógnitas E, C, I, A. Na forma matricial, o sistema de equações lineares equivale a:

$$\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \gamma_E & -\gamma_C & 0 & 0 \\ 0 & p\gamma_C & -\gamma_I & 0 \\ 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A \\ 0 & 0 & \gamma_I & \gamma_A \end{bmatrix} \begin{bmatrix} E \\ C \\ I \\ A \end{bmatrix}.$$
 (5.2)

Usando o Teorema de Laplace, podemos calcular o determinante da matriz do sistema acima e verificar que seu valor é diferente de zero, conforme exibimos abaixo:

$$\det\begin{bmatrix} \gamma_E & -\gamma_C & 0 & 0\\ 0 & p\gamma_C & -\gamma_I & 0\\ 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A\\ 0 & 0 & \gamma_I & \gamma_A \end{bmatrix} = a_{11}A_{11} =$$

$$\gamma_E \begin{vmatrix} p\gamma_C & -\gamma_I & 0\\ (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A\\ 0 & \gamma_I & \gamma_A \end{vmatrix} = \gamma_E(p\gamma_C\gamma_A\gamma_I + \gamma_A\gamma_I(1-p)\gamma_C) =$$

$$\gamma_E(p\gamma_C\gamma_A\gamma_I + \gamma_A\gamma_I\gamma_C - p\gamma_C\gamma_A\gamma_I) = \gamma_A\gamma_C\gamma_E\gamma_I > 0 (\neq 0)$$

Portanto, pelo Teorema 1.2, a única solução para o sistema (5.2) é E = C = I = A = 0. Esses valores tornam a primeira e segunda equação do sistema (5.1) iguais a zero. Assim, os pontos de equilíbrio do modelo para a Covid-19 são dados por:

$$\{(S, E, C, I, A, R) \colon E = C = I = A = 0\},\$$

representando um subespaço bidimensional de equilíbrios do tipo ELD (veja a Definição 5.2).

5.3 Linearização

A linearização do sistema (5.1) em um ponto (S, E, C, I, A, R) tem a matriz:

$$\begin{bmatrix} -\beta_C C - \beta_I I - \beta_A A & 0 & -\beta_C S & -\beta_I S & -\beta_A S & 0 \\ \beta_C C + \beta_I I + \beta_A A & -\gamma_E & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S & 0 \\ 0 & \gamma_E & -\gamma_C & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & p\gamma_C & -\gamma_I & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma_I & \gamma_A & 0 \end{bmatrix}.$$

Portanto, a linearização do sistema (5.1) no ponto de equilíbrio (S,0,0,0,0,R) tem a matriz:

$$A = \begin{bmatrix} 0 & 0 & -\beta_C S & -\beta_I S & -\beta_A S & 0 \\ 0 & -\gamma_E & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S & 0 \\ 0 & \gamma_E & -\gamma_C & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & p\gamma_C & -\gamma_I & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma_I & \gamma_A & 0 \end{bmatrix}.$$

Para encontrar os autovalores da matriz A, devemos resolver $\det(A - \lambda I) = 0$. Logo, utilizando o teorema de Laplace:

$$\begin{vmatrix} -\lambda & 0 & -\beta_C S & -\beta_I S & -\beta_A S & 0 \\ 0 & -\gamma_E - \lambda & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S & 0 \\ 0 & \gamma_E & -\gamma_C - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & p\gamma_C & -\gamma_I - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \gamma_I & \gamma_A & -\lambda \end{vmatrix} = a_{11}A_{11} =$$

$$\begin{vmatrix} -\gamma_E - \lambda & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S & 0 \\ \gamma_E & -\gamma_C - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & p\gamma_C & -\gamma_I - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_I & \gamma_A & -\lambda \end{vmatrix} = -\lambda a_{55}A_{55} =$$

$$\lambda^2 \begin{vmatrix} -\gamma_E - \lambda & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S \\ \gamma_E & -\gamma_C - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & p\gamma_C & -\gamma_I - \lambda & 0 \\$$

Portanto, os autovalores de A são $\lambda_1=0,\ \lambda_2=0,\ além dos autovalores da submatriz$

$$K = \begin{bmatrix} -\gamma_E & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S \\ \gamma_E & -\gamma_C & 0 & 0 \\ 0 & p\gamma_C & -\gamma_I & 0 \\ 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A \end{bmatrix},$$
 (5.3)

que são diferentes de zero. Aqui, concluímos que os equilíbrios do sistema (5.1) são normalmente hiperbólicos (veja a Definição 1.29).

5.4 Autovalores do modelo para a Covid-19

O Teorema 1.30 nos diz que a natureza dos equilíbrios normalmente hiperbólicos do modelo (5.1) é determinada pelos autovalores diferentes dos autovalores 0 que encontramos acima.

Teorema 5.1. Para S = 0, o ponto de equilíbrio (S, 0, 0, 0, 0, 0, R) = (0, 0, 0, 0, 0, R) do sistema (5.1) tem uma variedade estável 4-dimensional.

Demonstração. Se S=0 (ninguém é suscetível à doença), podemos reescrever a submatriz

K como

$$\begin{bmatrix} -\gamma_E & 0 & 0 & 0\\ \gamma_E & -\gamma_C & 0 & 0\\ 0 & p\gamma_C & -\gamma_I & 0\\ 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A \end{bmatrix}.$$
 (5.4)

Como a matriz (5.4) é triangular inferior, seus autovalores são: $\lambda_1 = -\gamma_E, \lambda_2 = -\gamma_C, \lambda_3 = -\gamma_I \ e \ \lambda_4 = -\gamma_A$, todos com parte real negativa. Pelo Teorema 1.30, temos k=2, l=4 e m=0, e cada equilíbrio tem uma variedade estável de dimensão 4. Essas curvas se encaixam para formar uma variedade de dimensão k+l=6.

À medida que aumentamos S no subespaço dos equilíbrios, os autovalores de K mudam. Todos eles têm parte real negativa até que um se torne zero, ou um par se torne puramente imaginário. Vamos supor que todos os autovalores de K têm parte real negativa até que um se torne zero. Veremos adiante que tal suposição está correta. Sabemos que o produto dos autovalores de qualquer matriz é o determinante da matriz. Portanto, um autovalor de K torna-se zero se, e somente se, o determinante de K também se torna zero, ou seja:

$$\det K = 0 \quad \Leftrightarrow \quad \begin{vmatrix} -\gamma_E & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S \\ \gamma_E & -\gamma_C & 0 & 0 \\ 0 & p\gamma_C & -\gamma_I & 0 \\ 0 & (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A \end{vmatrix} = 0 \quad \Leftrightarrow$$

$$-\gamma_E \begin{vmatrix} -\gamma_C & 0 & 0 \\ p\gamma_C & -\gamma_I & 0 \\ (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A \end{vmatrix} + \gamma_E \begin{vmatrix} \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S \\ p\gamma_C & -\gamma_I & 0 \\ (1-p)\gamma_C & 0 & -\gamma_A \end{vmatrix} = 0 \quad \Leftrightarrow$$

$$S(\beta_C \gamma_A \gamma_E \gamma_I + \beta_A (1-p)\gamma_C \gamma_E \gamma_I + \beta_I p\gamma_A \gamma_C \gamma_E) = \gamma_A \gamma_C \gamma_E \gamma_I. \tag{5.5}$$

Por (5.5), vemos que o determinante de K é zero se

$$S = \frac{1}{\frac{\beta_C}{\gamma_C} + \frac{\beta_A (1 - p)}{\gamma_A} + \frac{\beta_I p}{\gamma_I}} := S_0.$$
 (5.6)

Quando $S < S_0$, todos os quatro autovalores têm parte real negativa, portanto, o determinante é positivo. Quando $S > S_0$, o determinante torna-se negativo. Espera-se que isso aconteça porque três dos quatro autovalores são negativos e um se torna positivo.

Com base na analogia do modelo SIR, pode-se esperar que o denominador de (5.6) seja o número de reprodução básico R_0 para o modelo Covid-19 (5.1). Logo,

- se $R_0 < 1$, todos os equilíbrios são estáveis, pois $S < S_0$;
- se $R_0 > 1$, os equilíbrios que possuem $S_0 < S \le 1$ têm um autovalor positivo e são instáveis.

Posteriormente, vamos calcular R_0 e verificar que as informações encontradas acima são verdadeiras. Para isso, usaremos um método chamado $matriz\ da\ próxima\ geração$, que será descrito na próxima seção.

5.5 A matriz da próxima geração

A matriz da próxima geração (MPG) é um método algébrico utilizado para determinar o número básico reprodutivo da doença R_0 , em modelos compartimentais de epidemiologia. Vamos dar um resumo de como e quando utilizá-lo por meio da metodologia proposta por [17] e reescrita em [9]. O estudo da dinâmica da doença, se esta poderá ser controlada ou se resultará em uma epidemia, não pode ser determinado unicamente a partir da análise da estrutura do modelo matemático que descreve a doença. Primeiramente, é necessário fazer uma distinção entre indivíduos infectados e indivíduos não infectados, dada pela interpretação epidemiológica do modelo.

Considere uma população heterogênea de indivíduos que podem ser agrupados em n compartimentos homogêneos. Escrevemos $x=x(t)=(x_1(t),x_2(t),\ldots,x_n(t))$ como sendo a população de indivíduos em cada compartimento $i,\ 1\leq i\leq n$. Vamos ordenar as coordenadas do vetor x=x(t) considerando as primeiras m coordenadas, m< n, correspondentes às populações de infectados. Definimos

$$X_S = \{x(t) = (x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t)) \colon x_i(t) = 0, i = 1, \dots, m, m < n\},$$

$$(5.7)$$

como sendo o conjunto de todos os estados livres da doença, ou seja, o conjunto cujos elementos x=x(t) não possuem indivíduos infectados.

Sejam $\mathcal{F}_i(x)$ a taxa de surgimento de novas infecções no compartimento i, $\mathcal{V}_i^+(x)$ a taxa de transferência de indivíduos para dentro do compartimento i vindos de quaisquer outros compartimentos, $\mathcal{V}_i^-(x)$ a taxa de remoção de indivíduos do compartimento i e $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$. É assumido que cada função é continuamente diferenciável pelo menos duas vezes em cada variável. O modelo de transmissão da doença consiste em condições iniciais não negativas juntamente com o seguinte sistema de equações diferencias:

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), \ i = 1, \dots, n.$$
 (5.8)

Designando por $\mathcal{F}(x) = (\mathcal{F}_1(x), \mathcal{F}_2(x), \dots, \mathcal{F}_n(x))$ e $\mathcal{V}(x) = (\mathcal{V}_1(x), \mathcal{V}_2(x), \dots, \mathcal{V}_n(x))$, podemos reescrever (5.8) na forma:

$$\dot{x} = f(x) = \mathcal{F}(x) - \mathcal{V}(x). \tag{5.9}$$

Para que o modelo matemático seja adequado para descrever a transmissão da doença, devemos adotar algumas premissas que consideram as condições epidemiológicas da mesma. Apresentamos a seguir, com detalhes, as premissas do modelo.

- (I) Se $x = x(t) \ge 0$, então $\mathcal{F}_i(x) \ge 0$, $\mathcal{V}_i^-(x) \ge 0$ e $\mathcal{V}_i^+(x) \ge 0$.
- (II) Se $x_i = x_i(t) = 0$, então $\mathcal{V}_i^- = 0$. Isto é, a taxa de remoção de indivíduos do compartimento i é nula, ou seja, se o compartimento é vazio, não existe transferência de indivíduos para fora do compartimento por morte, infecção, ou qualquer outra forma. Se $x = x(t) \in X_S$, então $\mathcal{V}_i^- = 0$ para $i = 1, \ldots, m$.
- (III) $\mathcal{F}_i(x) = 0$, se i > m. A incidência de infecção para compartimentos não infectados é zero.
- (IV) Se $x = x(t) \in X_S$, então $\mathcal{F}_i(x) = 0$ e $\mathcal{V}_i^+(x) = 0$ para i = 1, ..., m. Para garantir que o subespaço livre de doença seja invariante, assumimos que se a população estiver livre de doença, então a população permanecerá livre da doença. Ou seja, não há imigração de infectados.

Definição 5.2. Um ponto de equilíbrio x^0 do sistema (5.9) é dito ponto de equilíbrio livre da doença (ELD) se $x^0 \in X_S$.

A última condição é baseada nas derivadas de f próximas de um ELD. Para nossos propósitos, definiremos um ELD de (5.9) para ser uma solução de equilíbrio estável (assintoticamente estável) livre da doença do modelo. Observe que não precisamos assumir que o modelo tenha um ELD único.

Consideremos uma população próxima a um equilíbrio x^0 . Se a população permanecer próxima a x^0 , ou seja, se a introdução de alguns indivíduos infectados não resultar em uma epidemia, então a população retornará a x^0 de acordo com o sistema linearizado:

$$\dot{x} = Df(x^0)(x - x^0), \tag{5.10}$$

onde $Df(x^0)$ é a matriz jacobiana de f avaliada em x^0 . Restringiremos nossa atenção para sistemas nos quais x^0 é estável na ausência de novas infecções, isto é:

(V) se $\mathcal{F}(x) = 0$, todos os autovalores de $Df(x^0)$ tem parte real negativa, pois não há ocorrência de novas infecções numa vizinhança de x^0 .

A partir das condições acima, vamos obter uma partição de $Df(x^0)$ em blocos que será demonstrado nos teoremas a seguir. Antes, lembremos que a derivada parcial de uma função $f_i: D \subset \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}$ em relação à coordenada x_j em um ponto x^0 é dada por:

$$\frac{\partial f_i}{\partial x_j}(x^0) = \lim_{h \to 0} \left(\frac{f_i(x^0 + he_j) - f_i(x^0)}{h} \right),$$

sendo e_j o j-ésimo vetor da base canônica de \mathbb{R}^n .

Teorema 5.3. Se x^0 é um ponto de equilíbrio do tipo ELD isolado de (5.9) e a função $f = \mathcal{F} - \mathcal{V}$ satisfaz as condições (I)-(IV), então a matriz $D\mathcal{F}(x^0)$ tem uma partição em blocos da forma

$$D\mathcal{F}(x^0) = \begin{bmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, \tag{5.11}$$

em que F é uma matriz quadrada de ordem m, definida por $F = \left[\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x^0)\right]$, com $1 \leq i, j \leq m$ e m < n. Além disso, F possui suas entradas não negativas.

Demonstração. Temos que $x^0 = (0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_n^0)$.

Por (III), $\mathcal{F}_i = 0$ para i > m. Logo $\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x^0) = 0$ para qualquer índice j em $\{1, \ldots, n\}$, desde que i > m.

Seja a derivada parcial para o índice j, tal que $m+1 \le j \le n$:

$$\begin{split} &\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x^0) = \lim_{h \to 0} \left(\frac{\mathcal{F}_i(x^0 + he_j) - \mathcal{F}_i(x^0)}{h} \right) \\ &= \lim_{h \to 0} \left(\frac{\mathcal{F}_i((0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_n^0) + (0, \dots, 0, h, 0, \dots, 0)) - \mathcal{F}_i(0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_j^0, \dots, x_n^0)}{h} \right) \\ &= \lim_{h \to 0} \left(\frac{\mathcal{F}_i(0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_j^0 + h, \dots, x_n^0) - \mathcal{F}_i(0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_j^0, \dots, x_n^0)}{h} \right). \end{split}$$

Por (IV), como $(0, ..., 0, x_{m+1}^0, ..., x_j^0, ..., x_n^0)$ e $(0, ..., 0, x_{m+1}^0, ..., x_j^0 + h, ..., x_n^0) \in X_S$, $\mathcal{F}_i = 0$. Logo, $\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x^0) = 0$ para $1 \le i \le m$ e $m+1 \le j \le n$.

Consideremos a derivada parcial para os índices $i \in j$, tais que $1 \le i \le m$ e $1 \le j \le m$:

$$\begin{split} &\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x^0) = \lim_{h \to 0^+} \left(\frac{\mathcal{F}_i(x^0 + he_j) - \mathcal{F}_i(x^0)}{h} \right) \\ &= \lim_{h \to 0^+} \left(\frac{\mathcal{F}_i((0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_n^0) + (0, \dots, 0, h, 0, \dots, 0)) - \mathcal{F}_i(0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_n^0)}{h} \right) \\ &= \lim_{h \to 0^+} \left(\frac{\mathcal{F}_i(0, \dots, h, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_n^0) - \mathcal{F}_i(0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_n^0)}{h} \right) \\ &= \lim_{h \to 0^+} \left(\frac{\mathcal{F}_i(0, \dots, h, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_n^0)}{h} \right). \end{split}$$

Como cada coordenada de x^0 representa uma população de indivíduos, o limite pode ser calculado somente à direita. Por (I), o limite acima possui as derivadas parciais $\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_i}(x^0) \geq 0$, para $1 \leq i \leq m$ e $1 \leq j \leq m$. Segue das considerações acima que

$$D\mathcal{F}(x^0) = \left[\begin{array}{cc} F & 0 \\ 0 & 0 \end{array} \right],$$

onde $F = \left[\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x^0)\right]$, com $1 \leq i,j \leq m$ e m < n, e todas as entradas de F são não negativas.

Teorema 5.4. Se x^0 é um ponto de equilíbrio do tipo ELD isolado de (5.9) e a função $f = \mathcal{F} - \mathcal{V}$ satisfaz as condições (I)-(V), então a matriz $D\mathcal{V}(x^0)$ tem uma partição em blocos da forma

$$D\mathcal{V}(x^0) = \begin{bmatrix} V & 0 \\ U & W \end{bmatrix}, \tag{5.12}$$

em que V é uma matriz quadrada de ordem m definida por $V = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(x^0) \end{bmatrix}$, com $1 \leq i, j \leq m$ e m < n. Além disso, V é invertível e todos os autovalores das matrizes V e W têm parte real positiva.

Demonstração. Temos que $x^0 = (0, \dots, 0, x_{m+1}^0, \dots, x_n^0)$. Por (II) e (IV),

$$\mathcal{V}(x^0) = \mathcal{V}_i^-(x^0) - \mathcal{V}_i^+(x^0) = 0,$$

para $1 \le i \le m$ e $m+1 \le j \le n$. Com isso, $\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(x^0) = 0$ para $1 \le i \le m$ e $m+1 \le j \le n$.

Considere $1 \leq i, j \leq m$, com $i \neq j$. Se $i \neq j$, então a *i*-ésima coordenada do vetor $x^0 + he_j$ é nula e, por (II), $\mathcal{V}_i^- = 0$. Agora, por (IV), $\mathcal{V}_i^+ = 0$ para $x^0 \in X_S$ e $1 \leq i \leq m$. Assim, a derivada parcial é dada pelo limite

$$\begin{split} &\frac{\partial \mathcal{V}_{i}}{\partial x_{j}}(x^{0}) = \lim_{h \to 0^{+}} \left(\frac{(\mathcal{V}_{i}^{-} - \mathcal{V}_{i}^{+})(x^{0} + he_{j}) - (\mathcal{V}_{i}^{-} - \mathcal{V}_{i}^{+})(x^{0})}{h} \right) \\ &= \lim_{h \to 0^{+}} \left(\frac{(\mathcal{V}_{i}^{-} - \mathcal{V}_{i}^{+})(0, \dots, \overset{\downarrow}{0}, \dots, \overset{\downarrow}{h}, \dots, 0, x_{m+1}^{0}, \dots, x_{n}^{0}) - (\mathcal{V}_{i}^{-} - \mathcal{V}_{i}^{+})(0, \dots, 0, x_{m+1}^{0}, \dots, x_{n}^{0})}{h} \right) \\ &= \lim_{h \to 0^{+}} \frac{-\mathcal{V}_{i}^{+}(0, \dots, \overset{\downarrow}{0}, \dots, \overset{\downarrow}{h}, \dots, 0, x_{m+1}^{0}, \dots, x_{n}^{0})}{h}. \end{split}$$

Por (I), $\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(x^0) \leq 0$ para $1 \leq i, j \leq m$, com $i \neq j$. Se i = j, não poderemos garantir que \mathcal{V}_i^- seja nulo. Concluímos que $V = \left[\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(x^0)\right] \leq 0$ para $1 \leq i, j \leq m$, com exceção das entradas que estão na diagonal.

Todos os autovalores de V possuem parte real positiva. Por (V), se estivermos em uma vizinhança de x^0 , não haverá reinfecção. Neste caso, considerando F=0, o sistema (5.10) é reescrito como

$$\dot{x} = -D\mathcal{V}(x^0)(x - x^0) = -\begin{bmatrix} V & 0 \\ U & W \end{bmatrix}(x - x^0).$$

Ainda por (V), os autovalores de $-D\mathcal{V}(x^0)$ têm parte real negativa e como a matriz é dada em blocos, os autovalores de $-D\mathcal{V}(x^0)$ são os autovalores de -V e -W. Portanto, as matrizes V e W possuem todos os seus autovalores com parte real positiva. Com isso, as matrizes V e W são invertíveis.

Das definições e resultados acima, reescrevemos (5.10) como

$$\dot{x} = Df(x^0) = D\mathcal{F}(x^0) - D\mathcal{V}(x^0) = \begin{bmatrix} F - V & 0 \\ -U & -W \end{bmatrix} (x - x^0).$$
 (5.13)

A seguir vamos definir a MPG e a relação entre a MPG e R_0 , estabelecida por [3]. Se o modelo matemático for definido por equações diferenciais, veremos que a MPG será dada por uma matriz formada por blocos das matrizes (5.11) e (5.12).

Definição 5.5. A matriz da próxima geração é definida por FV^{-1} , uma matriz quadrada de ordem m, tal que m < n.

Apresentamos abaixo uma breve justificativa para a fórmula da MPG.

Sejam $\varphi(0) = (\varphi_1(0), \dots, \varphi_m(0))$, onde cada coordenada é o número inicial de infectados no compartimento i, com $i \leq m$, e $\varphi(t) = (\varphi_1(t), \dots, \varphi_m(t))$ o número desses indivíduos, inicialmente infectados, que permanecem nos compartimentos infectados i, depois de t unidades de tempo. Reescrevendo o sistema (5.13) como

$$\dot{x} = -D\mathcal{V}(x^0)(x - x^0), \tag{5.14}$$

assumimos que F = 0, ou seja, inicialmente o sistema não possui reinfecção. Por (V), x^0 é assintoticamente estável nesse sistema, portanto, (5.14) pode ser usado para determinar o destino de um pequeno número de indivíduos infectados introduzidos em uma população

livre de doenças. A partição de $D\mathcal{V}(x^0)$ implica que o sistema tem uma única solução dada por $\varphi(t) = e^{-Vt}\varphi(0)$, (veja [5, p.74]).

Quando fazemos a modelagem matemática de um problema real, em geral só utilizamos dados experimentais ou de uma amostra da população. Por esse motivo, podemos usar alguns conceitos estatísticos de [6, p. 330–334] e considerar $\varphi = \varphi(t)$ como sendo uma variável aleatória contínua. Cada entrada (i,k) de F pode ser vista como uma função densidade de probabilidade para novas infecções no compartimento i, ocasionadas por um único individuo no compartimento k. Dessa forma, podemos calcular o valor médio (esperado) de novas infecções no compartimento i, causadas por indivíduos inicialmente infectados por meio da integral imprópria:

$$\begin{split} E &= \int_0^\infty F\varphi(t)dt = F \int_0^\infty \varphi(t)dt \\ &= F \int_0^\infty e^{-Vt}\varphi(0)dt = F[-V^{-1}\lim_{s\to\infty} e^{-Vs} + V^{-1}e^{-V\cdot 0}]\varphi(0) \\ &= F[-V^{-1}\lim_{s\to\infty} e^{-Vs}\varphi(0)] + FV^{-1}I\varphi(0) \\ &= F[-V^{-1}\lim_{s\to\infty} e^{-Vs}\varphi(0)] + FV^{-1}\varphi(0) \\ &= F[-V^{-1}\lim_{s\to\infty} \varphi(s)] + FV^{-1}\varphi(0). \end{split}$$

As coordenadas do vetor E exprimem as médias de novas infecções no compartimento i, $1 \le i \le m$. Pelo Teorema 5.4, V é invertível e -V possui seus autovalores negativos. Como $\varphi(s) = e^{-Vs}\varphi(0)$, temos $\lim_{s \to \infty} \varphi(s) = 0$. Portanto,

$$E = \int_0^\infty F\varphi(t)dt = FV^{-1}\varphi(0).$$

A seguir, vamos entender o significado de V^{-1} . Consideremos $\mathcal{I} = \varphi(t)$ e a equação diferencial:

$$\dot{\mathcal{I}} = -V\mathcal{I}, \quad \mathcal{I}(0) = \mathcal{I}_0. \tag{5.15}$$

Note que $\dot{\mathcal{I}} = -V\mathcal{I}$ é a taxa na qual \mathcal{I} varia, sendo negativa por conta das pessoas estarem se curando e migrando para algum compartimento removido. Pensando ao contrário, podemos considerar $-\dot{\mathcal{I}} = V\mathcal{I}$ como sendo a taxa de transferência de saída dos compartimentos infectados no tempo t. Então,

$$\int_{0}^{\infty} -\dot{\mathcal{I}}(t)dt = (-\mathcal{I}(t))_{0}^{\infty} = \lim_{s \to \infty} -\mathcal{I}(s) + \mathcal{I}(0) = \mathcal{I}(0) = \mathcal{I}_{0}, \tag{5.16}$$

ou seja, todas as pessoas inicialmente infectadas migram para o compartimento removido. Portanto, a integral (5.16) fornece a transferência total para fora de todos os compartimentos infectados.

Vamos considerar \mathcal{I}_0 como sendo um para algum compartimento infectado e zero para os demais. Então, o tempo médio gasto em cada compartimento infectado por indivíduos que começam naquele compartimento infectado específico é dado pela integral $\int_0^\infty -t\dot{\mathcal{I}}(t)dt.$

Teorema 5.6. Temos que
$$\int_0^\infty -t\dot{\mathcal{I}}(t)dt = V^{-1}I_0$$
.

Demonstração. Utilizando o método de integração por partes, obtemos

$$\int_0^\infty -t\dot{\mathcal{I}}(t)dt = (-t\mathcal{I}(t))_0^\infty + \int_0^\infty \mathcal{I}(t)dt.$$

Olhando para $(-t\mathcal{I}(t))_0^{\infty}$, vemos que esse termo se anula, pois $\lim_{s\to\infty} -s\mathcal{I}(s) = 0$. Logo,

$$\int_{0}^{\infty} -t\dot{\mathcal{I}}(t)dt = \int_{0}^{\infty} \mathcal{I}(t)dt.$$

Como a solução de (5.15) é dada por $\mathcal{I}(t) = e^{-Vt}\mathcal{I}(0)$, vemos que

$$\begin{split} \int_0^\infty -t \dot{\mathcal{I}}(t) dt &= \int_0^\infty \mathcal{I}(t) dt \\ &= \int_0^\infty e^{-Vt} \mathcal{I}(0) dt \\ &= (-V^{-1} \mathcal{I}(0) e^{-Vt})_0^\infty \\ &= \lim_{s \to \infty} -V^{-1} \mathcal{I}(0) e^{-Vs} + V^{-1} \mathcal{I}(0) e^{-V \cdot 0} \\ &= V^{-1} \mathcal{I}(0) I \\ &= V^{-1} \mathcal{I}_0. \end{split}$$

Portanto, a entrada (k, j) de V^{-1} representa o tempo médio que um indivíduo permanece no compartimento k, começando no compartimento j.

Vamos entender o significado de FV^{-1} . A entrada F_{ik} é a taxa de transferência de compartimentos não infectados que entram em i, devido à infecção de alguém do compartimento k. A entrada V_{kj}^{-1} é o tempo médio gasto no compartimento k, por indivíduos inicialmente no compartimento j. Multiplicando $F_{ik}V_{kj}^{-1}$, obtemos a transferência média de compartimentos não infectados que entram em i, devido ao tempo gasto no compartimento k, por indivíduos inicialmente no compartimento j. Note que

$$\sum_{k=1}^{m} F_{ik} V_{kj}^{-1}$$

fornece a entrada de FV_{ij}^{-1} , que é a transferência média total de indivíduos de compartimentos não infectados que entram em i, por indivíduos inicialmente no compartimento j, devido ao tempo total gasto em algum dos compartimentos. Consequentemente, a entrada (i,j) da matriz FV^{-1} é o número esperado para novas infecções no compartimento i, produzidas por indivíduos infectados que foram introduzidos inicialmente em j, assumindo que a população do compartimento i é inteiramente suscetível à doença.

A matriz da próxima geração possui algumas características que são importantes no estudo da dinâmica da doença ([12, p.35–40]), descritas abaixo.

- É uma matriz quadrada com todas as suas entradas não negativas.
- Tem um autovalor real positivo dominante, e qualquer outro autovalor possível, real ou complexo, tem seu módulo estritamente menor ou igual esse autovalor dominante.

Definição 5.7. Seja $A = [a_{ij}]$ uma matriz real quadrada de ordem n. O raio espectral de A é um número real, denotado por $\rho(A)$, que é o máximo dentre os módulos dos autovalores da matriz. Isto é,

$$\rho(A) = \max\{|\lambda| : \lambda \text{ \'e autovalor de } A\}.$$

Definição 5.8. O número básico reprodutivo de uma doença, denotado por R_0 , é o raio espectral da Matriz da Próxima Geração FV^{-1} , ou seja, $R_0 = \rho(FV^{-1})$, para S = 1, em que S é a fração da população que é suscetível.

5.6 A matriz da próxima geração do modelo para a Covid-19

Em (5.1), existem dois compartimentos não infectados representados por S e R e quatro compartimentos infectados que são E, C, I e A. Vamos nos concentrar nas equações diferenciais para os compartimentos de infectados, ou seja, no sistema:

$$\begin{cases}
\dot{E} = \beta_C SC + \beta_I SI + \beta_A SA - \gamma_E E \\
\dot{C} = \gamma_E E - \gamma_C C \\
\dot{I} = p\gamma_C C - \gamma_I I \\
\dot{A} = (1 - p)\gamma_C C - \gamma_A A
\end{cases} (5.17)$$

Reescrevendo (5.17) na forma matricial, temos:

$$\begin{bmatrix} \dot{E} \\ \dot{C} \\ \dot{I} \\ \dot{A} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta_C SC + \beta_I SI + \beta_A SA \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \gamma_E E \\ -\gamma_E E + \gamma_C C \\ -p\gamma_C C + \gamma_I I \\ -(1-p)\gamma_C C + \gamma_A A \end{bmatrix} := \mathcal{F} - \mathcal{V}. \quad (5.18)$$

Significado de \mathcal{F}

Seja

F contém as transferências de entrada de indivíduos em compartimentos infectados vindos de compartimentos não infectados. As linhas descrevem a entrada no respectivo compartimento e as colunas representam por quem as pessoas foram infectadas. Por exemplo, as entradas no compartimento E podem se dar por meio dos compartimentos C, I ou A, ou seja, pessoas contagiosas, infectadas e assintomáticas podem transmitir a doença. Nas demais linhas, não há transferências para os respectivos compartimentos.

Além disso, a notação F_{ij} denota a derivada parcial de \mathcal{F}_i com relação ao j-ésimo estado infectado. Se multiplicarmos F por um vetor de frações da população nos compartimentos infectados, como ocorre em (5.19), obtemos uma aproximação linear da taxa total de transferência de compartimentos não infectados para os infectados. Podemos concluir que a transferência de entrada vem somente de S para E.

Exemplo 5.9. Fazendo (E, C, I, A) = (E, C, I, 0), temos que:

A taxa de transferência para o compartimento E depende de C e I, ou seja, pessoas nos compartimentos C e I infectam os indivíduos. Aqui supomos que a fração de assintomáticos é nula.

Significado de \mathcal{V}

Seja

$$\mathcal{V} = \begin{bmatrix}
\gamma_E & 0 & 0 & 0 \\
-\gamma_E & \gamma_C & 0 & 0 \\
0 & -p\gamma_C & \gamma_I & 0 \\
0 & -(1-p)\gamma_C & 0 & \gamma_A
\end{bmatrix} \begin{bmatrix} E \\ C \\ I \\ A \end{bmatrix} = V \begin{bmatrix} E \\ C \\ I \\ A \end{bmatrix}.$$
(5.20)

V contém todas as transferências de infectados para qualquer outro compartimento, infectado ou não. O sinal de menos em $\mathcal{F} - \mathcal{V}$ faz com que as transferências de entrada surjam com sinal negativo e as de saída com sinal positivo. Chamaremos as transferências com essa convenção de sinal de transferências transferência

As linhas significam saída/entrada dos respectivos compartimentos e as colunas de onde as pessoas estão. Por exemplo, no compartimento C existe uma taxa de saída que é proporcional ao número de pessoas contagiosas e uma taxa de entrada vinda de E.

De forma similar, a notação V_{ij} é a derivada parcial de \mathcal{V}_i com relação ao j-ésimo estado infectado. Se multiplicarmos V pelo vetor das frações da população dos compartimentos infectados, obteremos as transferências de saída representadas em (5.20).

Exemplo 5.10. Tomando (E, C, I, A) = (E, C, 0, A), temos:

$$\mathcal{V} = \begin{bmatrix} \gamma_E & 0 & 0 & 0 \\ -\gamma_E & \gamma_C & 0 & 0 \\ 0 & -p\gamma_C & \gamma_I & 0 \\ 0 & -(1-p)\gamma_C & 0 & \gamma_A \end{bmatrix} \begin{bmatrix} E \\ C \\ 0 \\ A \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \gamma_E E \\ -\gamma_E E + \gamma_C C \\ 0 \\ -\gamma_C C + \gamma_A A \end{bmatrix}.$$

A fração da população no compartimento E é transferida à taxa $\gamma_E E$ para fora do compartimento, entrando no compartimento C. A fração da população no compartimento C é transferida à taxa $\gamma_C C$ para fora do compartimento, entrando em A. A fração da população em A é transferida à taxa $\gamma_A A$ para fora do compartimento, entrando no compartimento R. Nesse caso, supomos que não existem infectados.

Para calcular a matriz da próxima geração, primeiro calcula-se a matriz obtida pela linearização do sistema (5.17) em torno do equilíbrio (S,0,0,0,0,R). Tal matriz é representada em (5.3). Podemos reescrevê-la como F-V:

Também precisamos calcular V^{-1} , a matriz inversa de V. Pelo Teorema 5.4, V é invertível e podemos encontrar V^{-1} resolvendo a equação $VV^{-1} = I$. Com isso:

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\gamma_E} & 0 & 0 & 0\\ \frac{1}{\gamma_C} & \frac{1}{\gamma_C} & 0 & 0\\ \frac{p}{\gamma_I} & \frac{p}{\gamma_I} & \frac{1}{\gamma_I} & 0\\ \frac{(1-p)}{\gamma_A} & \frac{(1-p)}{\gamma_A} & 0 & \frac{1}{\gamma_A} \end{bmatrix}.$$

Para o modelo (5.1) e pela Definição 5.5, temos:

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \beta_C S & \beta_I S & \beta_A S \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\gamma_E} & 0 & 0 & 0 \\ \frac{1}{\gamma_C} & \frac{1}{\gamma_C} & 0 & 0 \\ \frac{p}{\gamma_C} & \frac{p}{\gamma_C} & \frac{1}{\gamma_I} & 0 \\ \frac{p}{\gamma_I} & \frac{p}{\gamma_I} & \frac{1}{\gamma_I} & 0 \\ \frac{(1-p)}{\gamma_A} & \frac{(1-p)}{\gamma_A} & 0 & \frac{1}{\gamma_A} \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} \frac{\beta_C S}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I S}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A S}{\gamma_A} & \frac{\beta_C S}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I S}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A S}{\gamma_A} & \frac{\beta_I S}{\gamma_I} & \frac{\beta_A S}{\gamma_A} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}.$$

Note que $\sum_{k=1}^{4} F_{ik} V_{kj}^{-1}$ fornece a entrada FV_{ij}^{-1} que é a transferência média total de compartimentos não infectados que entram em i por indivíduos inicialmente no compartimento j, devido ao tempo total gasto em algum dos compartimentos.

Se multiplicarmos FV^{-1} pelo vetor inicial de frações de indivíduos infectados \mathcal{I}_0 , obteremos o vetor de novas infecções nos compartimentos infectados:

$$\mathcal{I} = FV^{-1}\mathcal{I}_0. \tag{5.21}$$

Cabem algumas considerações:

- O tamanho de \mathcal{I} é um múltiplo de \mathcal{I}_0 .
- Para uma matriz não negativa, como FV^{-1} é, o valor máximo desse fator multiplicativo é o maior autovalor de FV^{-1} .
- Os autovalores de FV^{-1} são:
 - $-\lambda = 0$ com multiplicidade 3;

$$- \lambda = \frac{\beta_C S}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I S}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A S}{\gamma_A}.$$

Dessa forma, podemos definir R_0 utilizando a Definição 5.8. Considerando S=1, temos

$$R_0 = \frac{\beta_C}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A}{\gamma_A}.$$
 (5.22)

Pela expressão acima, verificamos que R_0 possui três vias de infecção, pessoas do compartimento C, I e A. O primeiro termo da soma representa as infecções causadas por quem está no compartimento C, devido ao tempo médio gasto naquele compartimento. Da mesma forma, os dois últimos termos representam as infecções causadas por quem esta no compartimento I e A, respectivamente, devido ao tempo médio gasto nos respectivos compartimentos e ponderados pela fração de indivíduos de C que vão para cada um dos compartimentos.

Se $S \geq 0$, o maior autovalor de FV^{-1} pode ser reescrito como

$$\frac{\beta_C S}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I S}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A S}{\gamma_A} = \left(\frac{\beta_C}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A}{\gamma_A}\right) S = R_0 S.$$
 (5.23)

5.7 Soluções locais do modelo Covid-19

Vamos estudar o comportamento local das soluções do modelo (5.1) tendo como base o seguinte teorema, extraído de [17], p. 33.

Teorema 5.11. Considere um modelo compartimental de epidemiologia dado por $\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i - \mathcal{V}_i$, com x^0 ponto de equilíbrio livre da doença ELD, i = 1, ..., n e f(x) satisfazendo as condições (I)-(V). Então, x^0 é localmente assintoticamente estável se o maior autovalor de FV^{-1} é menor que 1, e instável se o maior autovalor de FV^{-1} é maior que 1.

Teorema 5.12. O ponto de equilíbrio (S, 0, 0, 0, 0, R) do sistema (5.1) é do tipo:

- localmente assintoticamente estável, quando $R_0 < 1$, ou $R_0 > 1$ e $0 \le S < \frac{1}{R_0}$;
- instável, quando $R_0 > 1$ e $\frac{1}{R_0} < S \le 1$.

Demonstração. Para o modelo (5.1), o maior autovalor de FV^{-1} foi reescrito como R_0S . Portanto, o maior autovalor de FV^{-1} é:

- menor que 1 se $S < \frac{1}{R_0}$;
- igual a 1 se $S = \frac{1}{R_0}$;
- maior que 1 se $S > \frac{1}{R_0}$.

Agora, pensando em termos de R_0 , verificamos que:

- Se $R_0 < 1$ ou $R_0 > 1$ e $0 \le S < \frac{1}{R_0}$, temos $R_0 S < 1$. Neste caso, pelo Teorema 5.11, o equilíbrio (S, 0, 0, 0, 0, R) do sistema (5.1) é localmente assintoticamente estável.
- Se $R_0 > 1$ e $\frac{1}{R_0} < S \le 1$, então $R_0 S > 1$. Pelo Teorema 5.11, o equilíbrio (S,0,0,0,0,R) do sistema (5.1) é instável, fazendo com que a epidemia inicialmente cresça.

5.8 Discussão dos resultados

Para o modelo Covid-19 (5.1), vamos olhar cuidadosamente para a expressão obtida para R_0 :

$$R_0 = \frac{\beta_C}{\gamma_C} + \frac{p\beta_I}{\gamma_I} + \frac{(1-p)\beta_A}{\gamma_A}.$$

Vamos considerar alguns valores plausíveis para os parâmetros presentes na expressão de R_0 a seguir.

- Como uma média de 2.5 dias são passados no compartimento C (contagioso ou sintomático), tomamos $\gamma_C = \frac{1}{2.5} = 0.4$. Como os indivíduos são mais infectantes neste momento, consideramos $\beta_C = 0.5$.
- Como os contagiosos assintomáticos deixam de ser contagiosos após cerca de 5 dias, tomamos $\gamma_A=\frac{1}{5}=0.2$ e $\beta_A=0.3$.
- Como os contagiosos sintomáticos deixam de ser contagiosos após cerca de 10 dias, tomamos $\gamma_I = \frac{1}{10} = 0.1$. Os contagiosos sintomáticos têm maior probabilidade de transmitir a doença durante um contato do que os contagiosos assintomáticos. Em contrapartida, em média eles têm menos contatos, pois a doença faz com que eles permaneçam em casa. Por isso, consideramos $\beta_I = \beta_A = 0.3$.
- Como cerca de 2/3 dos indivíduos expostos se movem para o compartimento contagioso sintomático I, consideramos $p = \frac{2}{3}$.

Usando os valores de parâmetros acima, o valor de R_0 é dado por:

$$R_0 = \frac{0.5}{0.4} + \frac{2}{3} \cdot \frac{0.3}{0.1} + \frac{1}{3} \cdot \frac{0.3}{0.2} = 3.75.$$

Esses valores não impedem a propagação da doença, pois para isso R_0 deveria ser menor que 1. Uma maneira de reduzir o valor de R_0 é utilizar medidas de controle no combate à doença. Por exemplo:

• o uso de máscaras pode reduzir cada β pela metade, pois os indivíduos dos compartimentos C e A podem não suspeitar que possuem a doença. Assim, teríamos

$$-\beta_C = \frac{1}{2} \cdot 0.5 = 0.25,$$
$$-\beta_I = \beta_A = \frac{1}{2} \cdot 0.3 = 0.15$$

e, com isso,

$$R_0 = \frac{0.25}{0.4} + \frac{2}{3} \cdot \frac{0.15}{0.1} + \frac{1}{3} \cdot \frac{0.15}{0.2} = 1,875.$$

• A medição de temperatura em conjunto com o uso de máscaras poderia reduzir cada β ainda mais, digamos em dois terços, de modo a termos

$$-\beta_C = \frac{1}{3} \cdot 0.5 \approx 0.17;$$
$$-\beta_I = \beta_A = \frac{1}{3} \cdot 0.3 = 0.1$$

е

$$R_0 = \frac{0.17}{0.4} + \frac{2}{3} \cdot \frac{0.1}{0.1} + \frac{1}{3} \cdot \frac{0.1}{0.2} \approx 1.26.$$

• Um programa de vacinação reduz a população suscetível e assim ajuda a alcançar a imunidade de rebanho. Se $R_0 = 4$, a fração de *imunidade de rebanho* é dada por $1 - \frac{1}{R_0} = 1 - \frac{1}{4} = \frac{3}{4}$. Uma vez que esta fração populacional já não é suscetível à doença, a doença começa a extinguir-se.

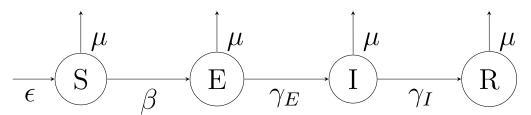
• Também é importante enfatizar que a constante β está sob controle humano. Nesse caso, a fim de reduzir o número de pessoas contatadas por pessoa infectada por dia, pode ser necessário que toda a população fique em casa por determinado tempo, ou que mantenha o distanciamento social.

6 Modelo SEIR com nascimentos e mortes naturais

Vamos considerar o modelo SEIR com nascimentos e mortes naturais e imunidade permanente, com adição de um compartimento de indivíduos em que a doença está latente. Como exemplo de doenças representadas por esse modelo, podemos citar o Sarampo e a Poliomielite. As mortes naturais são aquelas que não são causadas pela doença a ser modelada. A taxa de natalidade é representada por ϵ e todos os recém nascidos são suscetíveis, e a taxa de mortalidade é representada por μ . Nesse caso, não vamos considerar mortes por doença. Temos que:

- a taxa de mortalidade é μ vezes a fração da população desse compartimento;
- a taxa de natalidade ϵ é proporcional ao tamanho da população.

Figura 6.1: Fluxograma do modelo SEIR.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Se considerarmos o tamanho da população N(t), tal modelo é representado por:

$$\begin{cases} \dot{s} = \epsilon N - \beta \frac{si}{N} - \mu s \\ \dot{e} = \beta \frac{si}{N} - \gamma_E e - \mu e \\ \dot{i} = \gamma_E e - \gamma_I i - \mu i \\ \dot{r} = \gamma_I i - \mu r \end{cases}$$
(6.1)

com s(t), e(t), i(t) e r(t) representando o número de pessoas de cada compartimento. Temos que N(t)=s(t)+e(t)+i(t)+r(t), com $\frac{d}{dt}N(t)=(\epsilon-\mu)N$. Como nos casos anteriores, vamos supor que a população é constante e trabalhar com a fração de cada compartimento, ou seja $S=\frac{s}{N}, E=\frac{e}{N}, I=\frac{i}{N}$ e $R=\frac{r}{N}$. Como consequência devemos

ter $\epsilon = \mu$, ou seja, a taxa de natalidade e mortalidade iguais. Assim, obtemos o seguinte sistema de equações diferenciais para o modelo:

$$\begin{cases}
\dot{S} = \mu - \beta SI - \mu S \\
\dot{E} = \beta SI - \gamma_E E - \mu E \\
\dot{I} = \gamma_E E - \gamma_I I - \mu I \\
\dot{R} = \gamma_I I - \mu R
\end{cases} (6.2)$$

Aqui, as demais constantes possuem o mesmo significado do modelo para a Covid-19 e ambas são positivas.

Se S + E + I + R = 1 inicialmente, de (6.2) segue que

$$\dot{S} + \dot{E} + \dot{I} + \dot{R} = 0.$$

Portanto, S + E + I + R permanecerá igual a 1.

O retrato de fase do sistema (6.2) é definido em uma região quadridimensional, a saber:

$$S = \{ (S, E, I, R) \colon S \ge 0, E \ge 0, I \ge 0, R \ge 0, S + E + I + R \le 1 \}.$$

6.1 Equilíbrios do modelo SEIR

Para encontrar os equilíbrios do modelo (6.2), inicialmente, igualamos as últimas três equações de (6.2) a zero. Obtemos um sistema de três equações lineares nas três incógnitas E, I, R. Na forma matricial, o sistema de equações lineares equivale a:

$$\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -(\gamma_E + \mu) & \beta S & 0 \\ \gamma_E & -(\gamma_I + \mu) & 0 \\ 0 & \gamma_I & -\mu \end{bmatrix} \begin{bmatrix} E \\ I \\ R \end{bmatrix}.$$
 (6.3)

Fixando um valor para S, o determinante da matriz acima é dado por:

$$\det \begin{bmatrix} -(\gamma_E + \mu) & \beta S & 0 \\ \gamma_E & -(\gamma_I + \mu) & 0 \\ 0 & \gamma_I & -\mu \end{bmatrix} = (\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)\mu - \mu\gamma_E\beta S = \mu \left[(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu) - \gamma_E\beta S \right].$$

O determinante acima só é nulo quando

$$S = \frac{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)}{\gamma_E \beta} := S_0.$$

• Se $\frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} < 1$, então $S_0 > 1$ e o determinante não se anula na região S, pois $S \le 1$. Pelo Teorema 1.2, a única solução para o sistema (6.3) é E = I = R = 0. Esses valores tornam a primeira equação de (6.2) nula quando S = 1, e com isso encontramos o primeiro equilíbrio do modelo:

$$(S, E, I, R) = (1, 0, 0, 0).$$

Tal equilíbrio é do tipo ELD (veja a Definição 5.2).

• Se $\frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} > 1$, então $S_0 < 1$. Se S = 1, ainda temos o equilíbrio encontrado acima, mas, se $S = S_0$, encontramos um segundo equilíbrio na região \mathcal{S} , pois o determinante se anula.

Neste capítulo, estamos interessados em encontrar o número de reprodução básico R_0 do modelo (6.2). Portanto, em vez de encontrar o segundo equilíbrio, aplicaremos o método da matriz da próxima geração em (1,0,0,0).

6.2 Linearização

A linearização do sistema (6.2) aplicada ao ponto (S, E, I, R) define a matriz:

$$\begin{bmatrix}
-\beta I - \mu & 0 & -\beta S & 0 \\
\beta I & -(\gamma_E + \mu) & \beta S & 0 \\
0 & \gamma_E & -(\gamma_I + \mu) & 0 \\
0 & 0 & \gamma_I & -\mu
\end{bmatrix}.$$
(6.4)

Considerando o ponto de equilíbrio (1,0,0,0) em (6.4), obtemos:

$$A = \begin{bmatrix} -\mu & 0 & -\beta & 0 \\ 0 & -(\gamma_E + \mu) & \beta & 0 \\ 0 & \gamma_E & -(\gamma_I + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_I & -\mu \end{bmatrix}.$$

Para calcular os autovalores de A, devemos resolver $\det(A - \lambda I) = 0$. Para tanto, utilizamos o Teorema de Laplace, obtendo

$$\begin{vmatrix}
-\mu - \lambda & 0 & -\beta & 0 \\
0 & -(\gamma_E + \mu) - \lambda & \beta & 0 \\
0 & \gamma_E & -(\gamma_I + \mu) - \lambda & 0 \\
0 & 0 & \gamma_I & -\mu - \lambda
\end{vmatrix} = a_{11}A_{11} =$$

$$(-\mu - \lambda)\begin{vmatrix}
-(\gamma_E + \mu) - \lambda & \beta & 0 \\
\gamma_E & -(\gamma_I + \mu) - \lambda & 0 \\
0 & \gamma_I & -\mu - \lambda
\end{vmatrix} = (-\mu - \lambda)a_{33}A_{33} =$$

$$(-\mu - \lambda)^2\begin{vmatrix}
-(\gamma_E + \mu) - \lambda & \beta \\
\gamma_E & -(\gamma_I + \mu) - \lambda
\end{vmatrix} = 0.$$

Logo, os autovalores de A são $\lambda = -\mu$ com multiplicidade 2 e os autovalores da submatriz:

$$K = \begin{bmatrix} -(\gamma_E + \mu) & \beta \\ \gamma_E & -(\gamma_I + \mu) \end{bmatrix}. \tag{6.5}$$

6.3 Autovalores do modelo SEIR

Teorema 6.1. Para o modelo (6.2), pode-se atestar que:

a) se
$$\frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} < 1$$
, então K possui dois autovalores com parte real negativa;

b) se
$$\frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} > 1$$
, então K tem um autovalor negativo e um positivo.

Demonstração. Pelo plano determinante de traços, a soma dos autovalores é o traço da matriz K e a multiplicação dos autovalores seu determinante. Sejam λ_1 e λ_2 os autovalores de K. Então,

$$\lambda_1 + \lambda_2 = Tr \ K = -(\gamma_E + \mu) - (\gamma_I + \mu),$$
 (6.6)

е

$$\lambda_1 \cdot \lambda_2 = \det K = \begin{vmatrix} -(\gamma_E + \mu) & \beta \\ \gamma_E & -(\gamma_I + \mu) \end{vmatrix} = (\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu) - \beta\gamma_E.$$
 (6.7)

Considerando $\frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} < 1$, temos $(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu) - \beta \gamma_E > 0$. Assim concluímos que det K > 0. Como o $Tr \ K < 0$, λ_1 e λ_2 são ambos negativos.

Da mesma forma, para $\frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} > 1$, então $(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu) - \beta \gamma_E < 0$. Com isso, det K < 0 e λ_1 e λ_2 possuem sinais opostos.

Com as informações do Teorema 6.1, podemos inferir que se $\frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} < 1$, uma epidemia não pode começar perto de (1,0,0,0), mas pode quando $\frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} > 1$.

6.4 A matriz da próxima geração do modelo SEIR

A matriz K possui linhas e colunas apenas para os estados infectados. Utilizando o mesmo processo descrito no modelo (5.1), podemos reescrever a matriz K da forma

$$K = F - V = \begin{bmatrix} 0 & \beta \\ 0 & 0 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \gamma_E + \mu & 0 \\ -\gamma_E & \gamma_I + \mu \end{bmatrix}.$$

A matriz inversa de V é dada por

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\gamma_E + \mu} & 0\\ \frac{\gamma_E}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} & \frac{1}{\gamma_I + \mu} \end{bmatrix}.$$

Pela Definição 5.5, a matriz da próxima geração do modelo (6.2) é escrita como

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \beta \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\gamma_E + \mu} & 0 \\ \frac{\gamma_E}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} & \frac{1}{\gamma_I + \mu} \end{bmatrix}$$
$$= \begin{bmatrix} \frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)} & \frac{\beta}{\gamma_I + \mu} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}.$$

O maior autovalor de FV^{-1} é o número de reprodução básico R_0 do modelo (6.2). Logo,

$$R_0 = \frac{\gamma_E \beta}{(\gamma_E + \mu)(\gamma_I + \mu)}.$$
 (6.8)

6.5 Soluções locais do modelo SEIR

Podemos resumir o comportamento local das soluções do modelo (6.2) próximas ao ponto de equilíbrio (1,0,0,0) pelo teorema enunciado abaixo, cuja prova segue do Teorema 5.11.

Teorema 6.2. O ponto de equilíbrio (S,0,0,0) = (1,0,0,0) do sistema (6.2) é do tipo

- localmente assintoticamente estável, quando $R_0 < 1$;
- instável, quando $R_0 > 1$.

Note que o teorema acima está relacionado ao Teorema 6.1. Quando o maior autovalor de FV^{-1} é maior que 1, K tem um autovalor com parte real positiva e quando o maior autovalor de FV^{-1} é menor que 1, todos os autovalores de K possuem parte real negativa.

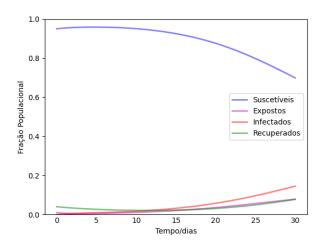
6.6 Discussão dos Resultados

A entrada ij de FV^{-1} é a transferência média dos compartimentos não infectados para o compartimento contagioso i causada por indivíduos inicialmente no compartimento j, durante todo o tempo em que permanecem nos compartimentos contagiosos. Para o modelo (6.2), temos uma transferência média de S para E, por pessoas inicialmente no compartimento E, e também uma transferência de S para E de pessoas inicialmente no compartimento I. Não existe a possibilidade de uma pessoa se infectar e passar diretamente para o compartimento I, por consequência disso a primeira coluna e segunda linha de FV^{-1} é nula.

Epidemias descritas por esse modelo não podem começar próximas do equilíbrio (1,0,0,0) quando $R_0 < 1$, mas podem quando $R_0 > 1$.

Vamos simular o comportamento das frações populacionais para $R_0 > 1$, com $\beta = 0.5$, $\gamma_E = 0.5$, $\gamma_I = 0.2$ e $\mu = 0.1$, sob condições iniciais (S, E, I, R) = (0.95, 0.01, 0, 0.04).

Figura 6.2: Variação de S, E, I e R - Modelo SEIR.



Fonte: Elaborado pelo autor (2022).

Conforme mostrado em 6.2, depois de um certo tempo a fração de infectados I continua aumentando.

7 Conclusão

A teoria qualitativa das equações diferenciais ordinárias nos permitiu estudar o comportamento de cinco sistemas epidemiológicos de dinâmica populacional propostos por [4]. Cada um possui suas características próprias, e diante disso, utilizamos resultados e ferramentas diversas para analisá-los.

Por meio da análise da estabilidade dos equilíbrios, encontramos o comportamento local, e às vezes global, de soluções próximas a esses pontos, como nos modelos SIS e SIR, além de mostrar a não existência de órbitas periódicas quando necessário.

Utilizamos o número básico reprodutivo R_0 para avaliar a intensidade de transmissão de uma doença em cada modelo epidemiológico estudado. Com isso, foi possível compreender a dinâmica de propagação da mesma a ponto de criar estratégias para seu controle, como no modelo (5.1). Esse valor R_0 determina se epidemias podem se espalhar ou se erradicar no decorrer do tempo.

Para alguns modelos, como SEIR e Covid-19, aplicamos o método algébrico da matriz da próxima geração para o calculo de R_0 . O método pode ser aplicado para a determinação de outras doenças infecciosas que podem ser modeladas por um sistema de equações diferenciais autônomo, desde que as condições sejam satisfeitas.

Referências

- [1] L. J. S. Allen. An introduction to stochastic epidemic models. *Mathematical Epidemiology*, 1945:81–130, 2008.
- [2] L. Barreira and C. Valls. Equações diferenciais ordinárias: Teoria Qualitativa. Livraria da Física, São Paulo, 1° edition, 2012.
- [3] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek, and J. A. J. METZ. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio r0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of Mathematical Biology*, 4:365–382, 1990.
- [4] M. M. L. Flores, D. Marchesin, V. Matos, and S. Schecter. *Equações diferenciais e modelos epidemiológicos*. 33º Colóquio Brasileiro de Matemática. Instituto de Matemática Pura e Aplicada. Instituto de Matemática Pura e Aplicada, Rio de Janeiro, 2021.
- [5] M. W. Hirsch and S. Smale. Differential Equations, Dynamical Systems, And Linear Algebra. Academic Press, 1974.
- [6] L. D. Hoffmann and G. L. Bradley. Cálculo: Um Curso Moderno E Suas Aplicações, volume 2. Rio de Janeiro: LTC-Livros Técnicos e Científicos, 1999.
- [7] W. O. Kermack and A. G. McKendrick. A contribution to the mathematical theory of epidemics, volume 115. Proceedings of the Royal Society of London A: mathematical, physical and engineering sciences, The Royal Society, 1927.
- [8] I. Z. Kiss, J. C. Miller, and P. L Simon. Mathematics of epidemics on networks: from exact to approximate models. *Interdisciplinary Applied Mathematics*, 46:443, 2017.
- [9] M. H. P. L. Mello and R. F. D. Silva. O número básico de uma doença e a matriz da próxima geração. *Cadernos do IME Série Matemática*, 13:27–41, 2019.
- [10] C.N. Ngonghala, E. A. Iboi, and A. B. Gumel. Could masks curtail the post-lockdown resurgence of covid-19 in the us? *Mathematical Biosciences*, 238:80–89, 2020.
- [11] L. Perko. *Differential equations and dynamical systems*, volume 7. Springer Science and Business Media, 2001.
- [12] R. F. D. Silva. Modelagem matemática da leishmaniose visceral. *Universidade do Estado do Rio de Janeiro- Instituto de Matemática e Estatística (Trabalho de Conclusão de Curso)*, pages 0–57, 2017.

92 Referências

- [13] S. Smale, M. W. Hirsch, and R. L. Devaney. *Differential equations, dynamical systems, and an introduction to chaos*, volume 60. Academic Press, 2003.
- [14] J. Sotomayor. *Lições de equações diferenciais ordinárias*, volume 11. Instituto de Matemática Pura e Aplicada, Rio de Janeiro, 1979.
- [15] J. Sotomayor. *Equações diferenciais ordinárias*, volume 4. Livraria da Física, São Paulo, 2011.
- [16] W. A. Strauss. Partial differential equations: an introduction. SJohn Wiley & Sons, Inc, 1992.
- [17] P. van den Driessche and J. Watmough. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180:29–48, 2002.

Índice Remissivo

$R_0, 75$	SIRS, 59
x_i -nulóclina, 35	SIS, 45
	,
campo vetorial, 21	número básico reprodutivo de uma doença,
ciclo limite, 41	$R_0, 75$
estável, 41	
instável, 41	ponto de equilíbrio, 21, 33
semiestável, 41	assintoticamente estável, 40
conjunto	atrator, 24
α -limite, 41	centro, 27
ω -limite, 41	estável, 40
constante	foco
$\beta, 46$	atrator, 29
$\gamma, 46$	repulsor, 29
Critério	hiperbólico, 36
de Bendixson, 42	livre da doença, 71
de Dulac, 42	normalmente hiperbólico, 39
divergente 42	repulsor, 26
divergente, 42	sela, 24
equação	ponto regular, 41
diferencial ordinária autônoma de pri-	
meira ordem, 32	retrato de fase, 24, 35
diferencial ordinária de primeira ordem,	
40	semiórbita
	negativa, 35
fluxo, 34	positiva, 35
imunidade de rebanho, 57, 80	sistema
infundade de l'ebanno, 57, 60	de equações diferenciais, 33
linearização, 36	linear planar autônomo, 21
linha	planar, 21
estável, 24	sistema linearizado aplicado em x_0 , 36
instável, 24	solução, 22
,	assintoticamente estável, 40
matriz	estável, 40
da próxima geração, 70, 73	instável, 40
Jacobiana, 36	periódica, 41
raio espectral, 75	
Modelo	Teorema
para a Covid-19, 65	de Poincaré-Bendixson, 41
SIR, 53	Hartman-Grobman, 39

variedade, 39

órbita, 34 heteroclínica, 35 homoclínica, 35 periódica, 34