



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Instituto de Geociências e Ciências Exatas
Câmpus de Rio Claro

Jéssica Andrade Teixeira

Um Estudo do Modelo Epidemiológico SIR e Algumas Variações

**Rio Claro - SP
2023**



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Instituto de Geociências e Ciências Exatas
Câmpus de Rio Claro

Um Estudo do Modelo Epidemiológico SIR e Algumas Variações

Jéssica Andrade Teixeira

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.

Orientador

Prof. Dr. Ricardo Egydio de Carvalho

Co-orientadora

Profa. Dra. Renata Zotin Gomes de Oliveira

Rio Claro - SP

2023

T266e Teixeira, Jéssica Andrade
Um estudo do modelo epidemiológico SIR e algumas variações /
Jéssica Andrade Teixeira. -- , 2023
70 p.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Estadual
Paulista (Unesp), Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Rio
Claro,
Orientador: Ricardo Egydio de Carvalho
Coorientadora: Renata Zotin Gomes de Oliveira

1. Estabilidade. 2. Modelos matemáticos em epidemiologia. 3.
Modelo SIR. 4. Pontos de equilíbrio. 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.

Impacto potencial desta pesquisa

O presente trabalho traz uma análise do modelo epidemiológico SIR, o qual foi amplamente utilizado em pesquisas durante a recente pandemia de Covid-19. Esta análise se deu com base em artigos e demais pesquisas realizadas em diferentes épocas, isto é, algumas recentes (resultados de pesquisas a partir de 2020) e outras com mais de dez anos de publicação. Apresentamos uma análise dos pontos de equilíbrio quanto à estabilidade, considerando ou não dinâmica vital e também se a população é constante ou variável. A partir disso, torna-se possível compreender a dinâmica epidemiológica de diferentes doenças. Além destas contribuições destacamos outras duas bastante relevantes: a primeira é referente aos resultados obtidos sobre o modelo SIR com dinâmica vital e população variável, o qual não é tão discutido na literatura se comparado a modelos mais simples. Já a segunda contribuição refere-se ao desenvolvimento de um código que permitiu gerar gráficos de diferentes modelos epidemiológicos para análise, que também pode ser útil no desenvolvimento de pesquisas futuras.

Potential impact of this research

This work presents an analysis of the SIR epidemiological model, which was widely used in researches during the recent Covid-19 pandemic. This analysis was based on papers and other researches carried out at different times, that is, some recent (results from 2020) and others with more than ten years of publication. We present an analysis of the equilibrium points and their stabilities, considering or not vital dynamics and also whether the population is constant or variable. From this, it becomes possible to understand the epidemiological dynamics of different diseases. In addition to these contributions, we highlight two other very relevant ones: the first refers to the results obtained on the SIR model with vital dynamics and variable population, which is not much discussed in the literature when compared to simpler models. The second contribution refers to the development of a code that allowed the generation of graphs of different epidemiological models for analysis, which can also be useful in the development of future research.

TERMO DE APROVAÇÃO

Jéssica Andrade Teixeira

UM ESTUDO DO MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR E ALGUMAS VARIAÇÕES

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:

Prof. Dr. Ricardo Egydio de Carvalho
Orientador

Prof. Dr. Nelson Callegari Júnior
Demac - IGCE - Unesp - Rio Claro

Profa. Dra. Ana Paula Mijolaro
IFSP - Piracicaba

Rio Claro, 09 de agosto de 2023

*Aos meus pais, Valdineide e Paulo que
sempre me incentivaram aos estudos e
tanto contribuem para a minha formação
acadêmica e pessoal, com amor, apoio,
carinho, esforço e dedicação de seu
tempo a mim diariamente. Amo vocês!*

Agradecimentos

Agradeço...

À Deus primeiramente, que me capacita todos os dias a aprender um pouco mais e me dedicar aos estudos, ao meu trabalho, aos meus alunos e minha família e amigos. Graças a Deus tive força e ânimo para seguir em frente nos momentos bons e nos momentos difíceis.

Aos meus pais que estão sempre ao meu lado, me ouvindo, me ajudando e me apoiando em cada momento e cada nova etapa da minha vida. Sem as palavras (e atitudes) de amor e confiança, provavelmente não teria conseguido chegar até esta etapa. Não tenho como agradecer todo cuidado que eles têm comigo, mas espero retribuir em cada dia da minha vida pelo menos uma parte de tudo.

Ao Lucas, meu namorado, por toda paciência e apoio durante o curso e principalmente durante a escrita da dissertação. Muito obrigada por me ajudar, estudar vários assuntos comigo e me ouvir surtando n vezes. É como dizem: "ter um namorado matemático é ter com quem contar".

Ao prof. Dr. Ricardo Egydio de Carvalho que me orientou durante este trabalho, com quem aprendi muito. A profa. Dra. Renata Zotin Gomes de Oliveira que participou da banca em minha qualificação, aceitou ser minha co-orientadora e tanto me ajudou e apoiou com a dissertação. Muito obrigada pela sua dedicação, pelos ensinamentos e todo tempo disponibilizado para me ajudar.

Ao prof. Dr. Nelson Callegari Jr. que também participou da banca de qualificação e trouxe ótimas contribuições. A todos os professores e professoras que estão compondo a banca da defesa, muito obrigada pelo tempo disponibilizado e pelas contribuições.

À professora Ma. Vania Batista Flose Jardim, à professora Dra. Mônica Helena Ribeiro Luiz e ao professor Dr. Marco Aurélio Granero dos Santos, meus professores durante a graduação, que também contribuíram com ensinamentos enquanto eu cursava as disciplinas do PGMAT e escrevia a dissertação, sempre me ajudando como bons amigos quando pedi auxílio.

À todos os meus familiares (em especial meus tios Marleide e Carlos e minha prima Juliana), amigos e amigas que me apoiam e me ajudam, cada um com sua maneira, me fazendo seguir em frente e deixando tudo mais leve e mais feliz.

*Não te mandei eu? Esforça-te, e
tem bom ânimo; não temas, nem te
espantes; porque o Senhor teu Deus
é contigo, por onde quer que andares.*
Josué 1:9

Resumo

Este trabalho aborda cinco modelos matemáticos em Epidemiologia: SIS, SIR, SIRS, SEIS e SEIR, de modo que o estudo mais aprofundado é sobre o modelo SIR. São analisados os pontos de equilíbrio (e suas estabilidades) dos sistemas de equações diferenciais que descrevem o modelo SIR simples (sem dinâmica vital), o modelo SIR com dinâmica vital e população constante e o modelo SIR com dinâmica vital e população variável, bem como alguns de seus planos de fase. Além disso, estão presentes os resultados obtidos após variação dos parâmetros de um modelo SIR proposto pelos autores Baez-Sanchez e Bobko (2020).

Palavra-chave: Estabilidade, Modelos Matemáticos em Epidemiologia, Modelo SIR, Pontos de Equilíbrio.

Abstract

This work addresses five mathematical models in Epidemiology: SIS, SIR, SIRS, SEIS and SEIR, so that the most in-depth study is on the SIR model. We analyze the equilibrium points and their stabilities for the systems of differential equations that describe the simple SIR model (without vital dynamics), the SIR model with vital dynamics and constant population and the SIR model with vital dynamics and variable population, as well as some of their phase plans. Furthermore, we present the results obtained after varying the parameters of a SIR model proposed by the authors Baez-Sanchez e Bobko (2020).

Keyword: Stability, Mathematical Models in Epidemiology, SIR Model, Equilibrium Points.

Lista de Figuras

2.1	Plano de fase para o Exemplo 2.1.	19
2.2	Plano de fase para o Exemplo 2.2.	20
2.3	Plano de fase para o Exemplo 2.3.	21
2.4	Plano de fase para o Exemplo 2.4.	22
2.5	Plano de fase para o Exemplo 2.5.	23
2.6	Plano de fase para o Exemplo 2.6.	24
2.7	Plano de fase para o Exemplo 2.7.	25
2.8	Plano de fase para o Exemplo 2.8.	27
2.9	Plano de fase para o Exemplo 2.9.	28
2.10	Plano de fase para o Exemplo 2.10.	30
2.11	Plano de fase para o Exemplo 2.11.	33
2.12	Plano de fase para o Exemplo 2.12.	36
3.1	Diagrama compartimental do modelo SIS.	40
3.2	Diagrama compartimental do modelo SIR.	41
3.3	Diagrama compartimental do modelo SIRS.	42
3.4	Diagrama compartimental do modelo SEIS.	43
3.5	Diagrama compartimental do modelo SEIR.	44
4.1	Diagrama compartimental do modelo SIR.	45
4.2	Gráficos de $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$: modelo SIR simples.	47
4.3	Plano de Fase SI para o modelo SIR simples.	48
4.4	Diagrama compartimental do modelo SIR com dinâmica vital.	49
4.5	Gráfico $S(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população constante. . . .	52
4.6	Gráfico $I(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população constante. . . .	53
4.7	Gráfico $R(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população constante. . . .	53
4.8	Planos de Fase SI para o modelo SIR com dinâmica vital e população constante.	54
4.9	Diagrama compartimental do modelo SIR com dinâmica vital e população variável.	55
4.10	Gráfico $S(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população variável.	57
4.11	Gráfico $I(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população variável.	57
4.12	Gráfico $R(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população variável.	58
4.13	Planos de Fase SI para o modelo SIR com dinâmica vital e população variável	58
5.1	Plano de fase parcial $R \times I$ para (5.3).	63
5.2	Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 5, 1$	64
5.3	Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 5, 2$	64

5.4	Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 5, 3$	65
5.5	Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 4, 9$	66
5.6	Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 4, 8$	66
5.7	Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 4, 7$	67

Lista de Tabelas

2.1	Propriedades de estabilidade e instabilidade de sistemas lineares	32
2.2	Propriedades de estabilidade e instabilidade de sistemas localmente lineares	36
4.1	Síntese das situações possíveis, de acordo com valores de R_0	52

Sumário

1	Introdução	14
2	Preliminares	16
2.1	Sistemas de Equações Diferenciais Lineares - soluções e exemplos	16
2.1.1	Autovalores Reais	18
2.1.2	Autovalores Complexos	25
2.2	Análise de estabilidade de Sistemas de Equações Diferenciais	28
2.2.1	Sistemas Lineares	29
2.2.2	Sistemas Localmente Lineares	32
3	Modelos epidemiológicos	39
3.1	Modelo SIS	39
3.2	Modelo SIR	40
3.3	Modelo SIRS	41
3.4	Modelo SEIS	42
3.5	Modelo SEIR	43
4	O Modelo SIR	45
4.1	Modelo SIR simples (sem dinâmica vital)	45
4.1.1	Plano de Fase	47
4.2	Modelo SIR com dinâmica vital e população constante	49
4.2.1	Pontos de equilíbrio e estabilidade	50
4.2.2	Plano de Fase	53
4.3	Modelo SIR com dinâmica vital e população variável	54
4.3.1	Pontos de equilíbrio e estabilidade	56
4.3.2	Plano de Fase	58
5	O modelo SIR com taxa de infecção não constante	60
5.1	O modelo proposto	60
5.2	Modelo com parâmetros variando	63
	Considerações Finais	68
	Referências	69

1 Introdução

A Modelagem Matemática é uma área do conhecimento que possibilita descrever matematicamente diferentes situações reais. Por este motivo, ela pode ser empregada em diversas áreas, como por exemplo, Economia, Física, Química, Medicina, entre outras. Modelos matemáticos utilizados no estudo de processos variacionais, descritos por equações determinísticas, em geral fazem previsões "exatas" do fenômeno estudado, que dependem tanto das variáveis de estado quanto dos valores dos parâmetros utilizados, que em geral são valores médios de um conjunto de dados.

Segundo Bassanezi e Barros (2010, p. 290),

nos modelos que lidam com incerteza, os estocásticos, por exemplo, as soluções são processos estocásticos cujas médias podem ser obtidas a posteriori, quando se tem as densidades de distribuição das variáveis e/ou dos parâmetros envolvidos no modelo referente ao fenômeno analisado.

No entanto, se no fenômeno estudado pretende-se levar em consideração a heterogeneidade, que não provém de aleatoriedades, a Teoria de Conjuntos Fuzzy têm sido bastante utilizada no processo de modelagem. (BARROS e BASSANEZI, 2010; MASSAD e ORTEGA, 2010) .

Nesta dissertação, utilizaremos a Modelagem Matemática no ramo da Epidemiologia, a qual estuda doenças que afetam a população humana. Os modelos que serão utilizados são do tipo determinísticos, descritos por equações diferenciais ordinárias.

De acordo com Edelstein-Keshet (2005), as doenças infecciosas podem ser classificadas em dois grupos: as doenças microparasitárias, que são causadas por vírus e bactérias, como por exemplo, gripe, sarampo e tuberculose e as doenças macroparasitárias, que são causadas por vermes, como por exemplo, ancilostomose e filariose. Por meio da Modelagem Matemática foram desenvolvidos diversos modelos epidemiológicos, os quais são importantes por possibilitarem que as pessoas conheçam como estas doenças se propagam entre a população, além de prever alguns fenômenos e, assim, criar ações que evitem sua transmissão ou previnam a população.

Os seres humanos já enfrentaram muitas doenças ao longo de sua existência, algumas mais avassaladoras que outras, como a peste negra, a varíola, o sarampo, a gripe espanhola e a recente pandemia de Covid-19, durante a qual foram desenvolvidos e aplicados muitos modelos epidemiológicos. Através deles, muitos cientistas puderam prever situações graves e o período em que ocorreriam durante a pandemia, sugerindo políticas de prevenção (como o *lockdown*, uso de máscaras e álcool para higienizar as mãos) e expondo características de um vírus desconhecido para toda a população, ações que puderam poupar a vida de muitas pessoas até o surgimento das vacinas.

Desta forma, o objetivo principal do presente trabalho é apresentar uma análise do modelo epidemiológico SIR e algumas de suas variações, os quais são representados por sistemas de equações diferenciais ordinárias.

Para isso, no capítulo 2 apresentaremos noções sobre sistemas de equações diferenciais lineares (incluindo exemplos com gráficos de plano de fases), as definições de estabilidade, estabilidade assintótica e instabilidade e os conceitos necessários para escrever sistemas não lineares como sistemas localmente lineares. Além disso, serão apresentados alguns resultados que permitem classificar os pontos críticos de um sistema e analisar sua estabilidade.

No capítulo 3, daremos uma visão geral sobre os modelos epidemiológicos SIS, SIR, SIRS, SEIS e SEIR, apresentando seus compartimentos, as equações que os descrevem e exemplos de algumas doenças que podem ser modeladas por eles.

Já no capítulo 4, aprofundaremos o estudo do modelo SIR, abordando três tipos dele: o modelo SIR sem dinâmica vital, o modelo SIR com dinâmica vital e população constante e o modelo SIR com dinâmica vital e população variável. Serão apresentados os diagramas com compartimentos de cada modelo e a transição da população entre cada um deles, as equações que os descrevem, seus pontos de equilíbrio, tipo de estabilidade e alguns planos de fase.

Por fim, no capítulo 5, apresentaremos uma análise dos pontos de equilíbrio em um modelo SIR proposto por Baez-Sanchez e Bobko (2020), no qual foram feitas variações em alguns parâmetros do modelo original e gerados novos planos de fase, buscando comparar as mudanças nos pontos de equilíbrio.

Ressaltamos que os gráficos apresentados ao longo do trabalho foram gerados usando os softwares *Winplot* e *Scilab*.

2 Preliminares

Neste capítulo serão abordadas algumas definições e resultados sobre os sistemas de equações diferenciais baseados em Boyce (2010), a fim de facilitar a análise dos modelos epidemiológicos que serão apresentadas nos capítulos posteriores.

2.1 Sistemas de Equações Diferenciais Lineares - soluções e exemplos

Utilizaremos nesta seção conceitos sobre sistema lineares de primeira ordem, mais especificamente com coeficientes constantes. Este conhecimento é relevante e se faz necessário porque mesmo os sistemas de ordem maior podem ser transformados em sistemas de primeira ordem, o que pode ser útil diante de uma abordagem numérica.

Tomemos uma equação arbitrária

$$y^n = F(t, y, y', \dots, y^{n-1}) \quad (2.1)$$

em que t é a variável independente e y^n é a derivada de ordem n de uma função de t .

Ao definirmos $x_1 = y, x_2 = y', x_3 = y'', \dots, x_n = y^{n-1}$, temos

$$\begin{aligned} x'_1 &= x_2 \\ x'_2 &= x_3 \\ &\dots \\ x'_{n-1} &= x_n = F(t, x_1, x_2, \dots, x_n). \end{aligned}$$

Assim, podemos escrever a equação (2.1) como o seguinte sistema de equações diferenciais de primeira ordem:

$$\begin{cases} x'_1 = F_1(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \\ x'_2 = F_2(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \\ \dots \\ x'_n = F_n(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \end{cases} \quad (2.2)$$

Para ilustrar as equações (2.1) e (2.2), consideremos o exemplo a seguir.

Exemplo 2.0: Considere a equação diferencial de segunda ordem:

$$y'' + 0,5y' + 2y = 0$$

e sejam $x_1 = y$ e $x_2 = y'$. Então, $x'_1 = y' = x_2$ e $x'_2 = y''$. Fazendo as substituições de y'', y' e y na equação dada, vem que:

$$x'_2 + 0,5x_2 + x_1 = 0$$

Logo, x_1 e x_2 satisfazem o seguinte sistema de duas equações de primeira ordem:

$$\begin{cases} x'_1 = x_2 \\ x'_2 = -x_1 - 0,5x_2. \end{cases}$$

Definição 2.1. Dizemos que se todas as funções $F_1, F_2, \dots, F_n$ de (2.2) são lineares com variáveis dependentes $x_1, x_2, \dots, x_n$, então o sistema (2.2) é linear.

O sistema (2.2) pode ser representado na forma

$$\frac{dX}{dt} = AX$$

em que

$$\frac{dX}{dt} = \begin{bmatrix} x'_1 \\ x'_2 \\ \vdots \\ x'_n \end{bmatrix}, A = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nn} \end{bmatrix} \text{ e } X = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix},$$

isto é, $\frac{dX}{dt}$ é representada na forma de matriz coluna, de modo que cada linha é uma das n derivadas de x . Por sua vez, A representa a matriz dos coeficientes do sistema e X a matriz coluna com as funções $x_1, x_2, \dots, x_n$.

Teorema 2.2. Se o sistema $X' = AX$ admite uma solução da forma $x = e^{\lambda t}v$, então λ é um autovalor de A e v é um autovetor associado a λ .

Demonstração. Suponhamos que $x = e^{\lambda t}v$ seja uma solução do sistema $X' = AX$, em que λ e o vetor v devem ser determinados.

Substituindo $x = e^{\lambda t}v$ no sistema $X' = AX$, obtemos

$$\lambda v e^{\lambda t} = A v e^{\lambda t}. \quad (2.3)$$

Como $e^{\lambda t} \neq 0$, podemos simplificar a igualdade acima, obtendo $\lambda v = Av$, que é equivalente a

$$(A - \lambda I)v = 0, \quad (2.4)$$

sendo I a matriz identidade $n \times n$.

Resolvendo (2.4) encontramos os autovalores e autovetores da matriz de coeficientes A .

Portanto, o vetor $x = e^{\lambda t}v$ é uma solução da equação $X' = AX$, desde que λ seja um autovalor e v seja um autovetor associado da matriz de coeficientes A . $\square$

Na demonstração acima e nos demais problemas, para encontrar os autovalores λ associados a matriz A , resolvemos a equação

$$\det(A - \lambda I) = 0. \quad (2.5)$$

Em seguida, como buscamos pela solução na forma $x = e^{\lambda t}v$, encontramos os autovetores substituindo os valores de λ na equação

$$(A - \lambda I)v = 0. \quad (2.6)$$

Além do Teorema (2.2), enunciaremos outros dois resultados a seguir que também são importantes para auxiliar na resolução dos exemplos apresentados nas seções posteriores.

Teorema 2.3. *Seja A uma matriz $n \times n$. Então, o sistema de equações diferenciais $X' = AX$ possui um conjunto de n soluções linearmente independentes (L.I.)*

$$x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t)$$

e toda solução $x = x(t)$ se expressa unicamente como combinação linear destas soluções, isto é,

$$x(t) = c_1x_1(t) + c_2x_2(t) + \dots + c_nx_n(t).$$

Demonstração: ver Boyce (2010). □

Teorema 2.4. *Seja A uma matriz quadrada $n \times n$ e sejam $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_k$ autovalores (não necessariamente distintos) de A . Se $v_1, v_2, \dots, v_k$ são autovetores (L.I.) de A associados a cada um destes respectivos autovalores, então $x_1 = e^{\lambda_1 t}v_1$, $x_2 = e^{\lambda_2 t}v_2$, $x_k = e^{\lambda_k t}v_k$ são soluções (L.I.) do sistema $X' = AX$.*

Demonstração: ver Boyce (2010). □

Apresentaremos na sessão a seguir as soluções e os planos de fase para alguns sistemas de equações lineares, considerando diferentes casos para os autovalores. Em todos os casos que seguem foram considerados sistemas lineares de ordem 2, para facilitar a visualização. O processo para encontrar a solução de sistemas de ordem n segue os mesmos passos.

2.1.1 Autovalores Reais

Caso 1: autovalores negativos ($\lambda_1 < \lambda_2 < 0$)

A solução geral do sistema, de acordo com os teoremas (2.3) e (2.4), será da forma:

$$x(t) = c_1v_1e^{\lambda_1 t} + c_2v_2e^{\lambda_2 t}. \quad (2.7)$$

Se $t \rightarrow \infty$ e se $c_1 = 0$, então $x(t) \rightarrow 0$ na direção do vetor v_2 . Caso $c_2 = 0$, ocorre o mesmo, mas com $x(t) \rightarrow 0$ na direção de v_1 .

Escrevendo a equação (2.3) na forma

$$x(t) = e^{\lambda_2 t}[c_1v_1e^{(\lambda_1 - \lambda_2)t} + c_2v_2],$$

vem que quando $t \rightarrow \infty$, $x(t) \rightarrow 0$ seguindo a trajetória de c_2v_2 , uma vez que $\lambda_1 - \lambda_2 < 0$. Isso significa que independente da condição inicial, a solução tende ao ponto de equilíbrio na origem. Neste caso, o ponto de equilíbrio é um **nodo assintoticamente estável**.

Exemplo 2.1

Considere o sistema $\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 1 & -2 \\ 3 & -4 \end{bmatrix} x$.

Conforme descrito na equação (2.5), os autovalores podem ser calculados da seguinte maneira:

$$\begin{vmatrix} 1-\lambda & -2 \\ 3 & -4-\lambda \end{vmatrix} = 0 \quad \rightarrow \quad (1-\lambda)(-4-\lambda) + 6 = 0 \quad \rightarrow \quad \lambda_1 = -1; \lambda_2 = -2.$$

Agora, de acordo com a equação (2.6), basta substituir cada um dos autovalores na matriz dos coeficientes e encontrar os autovetores v_1 e v_2 associados à eles:

- Para $\lambda = -1$:

$$\begin{bmatrix} 2 & -2 \\ 3 & -3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a \\ b \end{bmatrix} = 0 \quad \rightarrow \quad a = b$$

- Para $\lambda = -2$:

$$\begin{bmatrix} 3 & -2 \\ 3 & -2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c \\ d \end{bmatrix} = 0 \quad \rightarrow \quad c = \frac{2}{3}d$$

Assim, $v_1 = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix}$ é um autovetor associado a $\lambda = -1$ e $v_2 = \begin{bmatrix} \frac{2}{3} \\ 1 \end{bmatrix}$ é um autovetor associado a $\lambda = -2$.

Logo, a solução do sistema é

$$x(t) = c_1 \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix} e^{-t} + c_2 \begin{bmatrix} \frac{2}{3} \\ 1 \end{bmatrix} e^{-2t}.$$

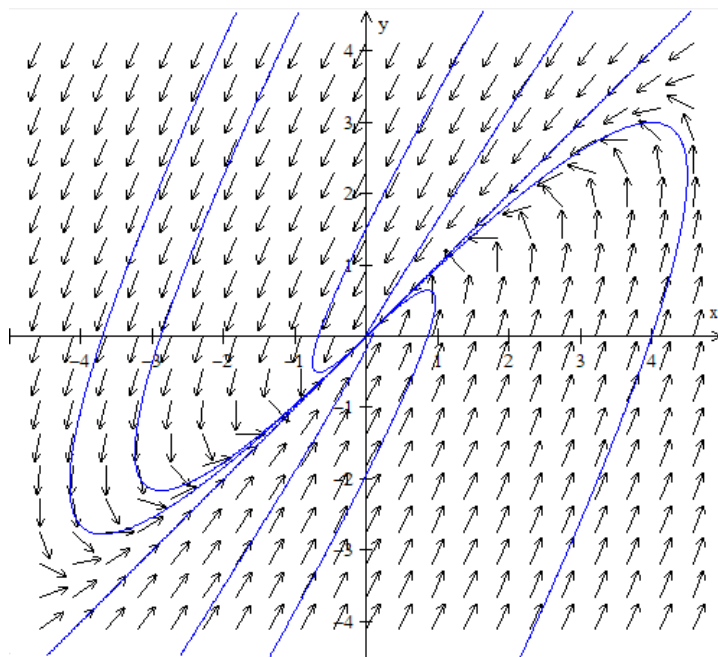


Figura 2.1: Plano de fase para o Exemplo 2.1.

Nos exemplos dos casos a seguir, fazendo o mesmo desenvolvimento, podemos encontrar as soluções desejadas. Sendo assim, a etapa de resolução será suprimida em cada sistema.

Caso 2: autovalores positivos ($\lambda_1 > \lambda_2 > 0$)

Para esse caso a solução também será conforme a equação (2.3), mas quando $t \rightarrow 0$, se $c_1 = 0$, então $\|x(t)\| \rightarrow \infty$, com o sinal dependendo somente de c_2 . Do mesmo modo, se $c_2 = 0$, temos que $\|x(t)\| \rightarrow \infty$ e o seu sinal depende apenas de c_1 . Caso as constantes não sejam nulas, é possível analisar a solução (2.3) escrevendo-a como

$$x(t) = e^{\lambda_1 t} [c_1 v_1 + c_2 v_2 e^{(\lambda_2 - \lambda_1)t}],$$

pois como $\lambda_2 - \lambda_1 < 0$, quando $t \rightarrow \infty$, $c_2 v_2 e^{(\lambda_2 - \lambda_1)t}$ tende a zero e a solução tende a infinito na direção de v_1 . Quando isso acontece o ponto de equilíbrio é um **nodo instável**.

Exemplo 2.2

Dado o sistema

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 1,25 & 0,75 \\ 0,75 & 1,25 \end{bmatrix} x,$$

sua solução será

$$x(t) = c_1 \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix} e^{2t} + c_2 \begin{bmatrix} 1 \\ -1 \end{bmatrix} e^{\frac{1}{2}t}.$$

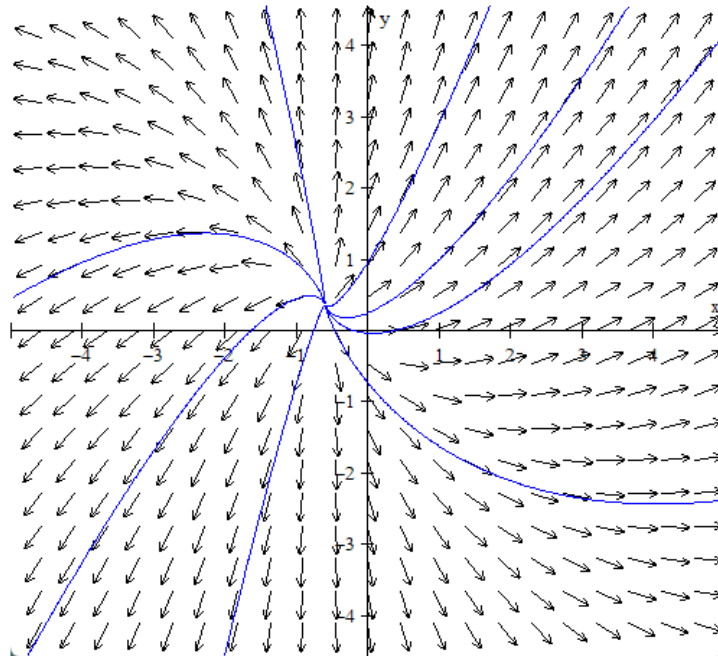


Figura 2.2: Plano de fase para o Exemplo 2.2.

Caso 3: autovalores com sinais opostos ($\lambda_1 < 0 < \lambda_2$)

Utilizando mais uma vez a solução na forma (2.3), temos que para $t \rightarrow \infty$, $\|x(t)\| \rightarrow \infty$ dependendo unicamente do sinal de c_2 . Como o termo $c_1 v_1 e^{\lambda_1 t}$ acaba sendo muito pequeno, segue que para qualquer condição inicial a solução tenderá ao infinito com uma trajetória na direção de v_2 . No entanto, se a condição inicial estiver na direção de v_1 , ocorre que $c_2 = 0$ e automaticamente $x(t) \rightarrow 0$. Neste caso o ponto de equilíbrio é chamado de **ponto de sela instável**.

Exemplo 2.3

Dado o sistema

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 6 & -2 \\ 8 & -4 \end{bmatrix} x,$$

sua solução será

$$x(t) = c_1 \begin{bmatrix} 1 \\ 4 \end{bmatrix} e^{-2t} + c_2 \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix} e^{4t}.$$

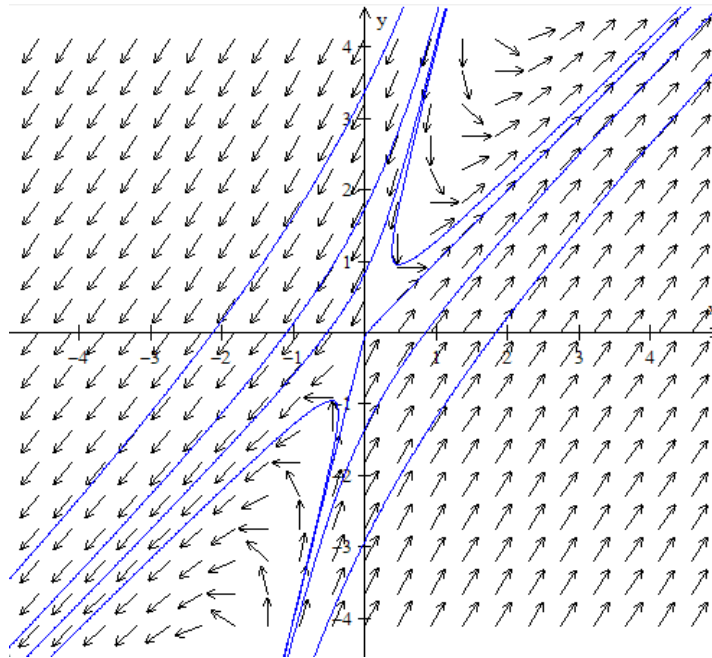


Figura 2.3: Plano de fase para o Exemplo 2.3.

Caso 4: autovetores independentes com ($\lambda = \lambda_1 = \lambda_2 < 0$)

Nesse caso a solução geral é dada por

$$x(t) = c_1 v_1 e^{\lambda t} + c_2 v_2 e^{\lambda t}. \quad (2.8)$$

Quando $t \rightarrow \infty$ observamos que:

- se $c_1 = 0$, $x(t) \rightarrow 0$ com trajetória no sentido do autovetor v_2 ;

- se $c_2 = 0$, $x(t) \rightarrow 0$ com trajetória no sentido do autovetor v_1 .

Já quando as constantes são diferentes de zero, podemos apresentar a solução geral como

$$x(t) = e^{\lambda t}[c_1 v_1 + c_2 v_2].$$

Assim, como $c_1 v_1 + c_2 v_2 = c_3 v_3$, com $c_1, c_2, c_3 \in \mathbb{R}$, temos que quando $t \rightarrow \infty$, $x(t) \rightarrow 0$ na direção do autovetor resultante v_3 . Para este caso considera-se que o ponto de equilíbrio é um **nodo próprio assintoticamente estável** ou **ponto estrela assintoticamente estável**.

Exemplo 2.4

Dado o sistema

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} -2 & 0 \\ 0 & -2 \end{bmatrix} x,$$

sua solução será:

$$x(t) = c_1 \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix} e^{-2t} + c_2 \begin{bmatrix} -2 \\ 1 \end{bmatrix} e^{-2t}.$$

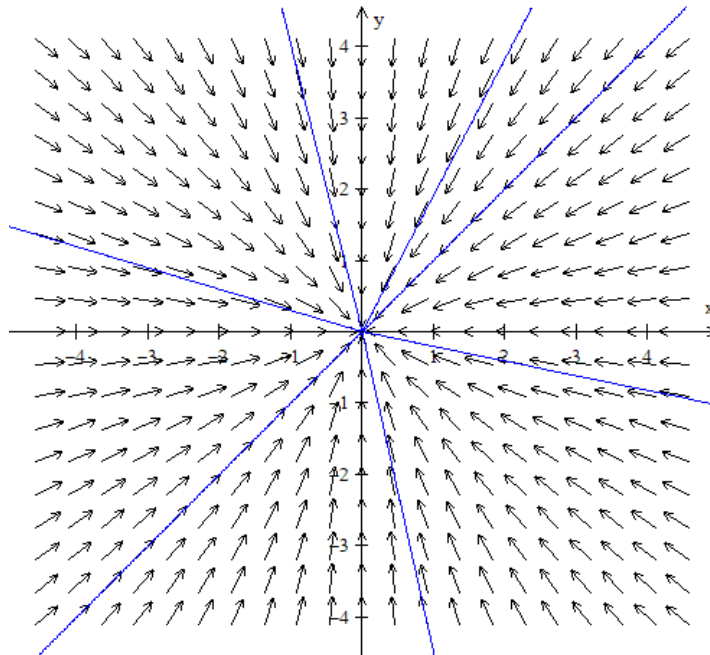


Figura 2.4: Plano de fase para o Exemplo 2.4.

Caso 5: autovetores independentes com ($\lambda = \lambda_1 = \lambda_2 > 0$)

A solução também será do tipo (2.4) e a única diferença com relação ao caso anterior é que quando $t \rightarrow \infty$, $\|x(t)\| \rightarrow \infty$ e depende apenas dos sinais das constantes c_1 e c_2 . Classifica-se o ponto de equilíbrio como um **nodo próprio instável** ou também como **ponto estrela instável**.

Exemplo 2.5

Dado o sistema

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 5 & 0 \\ 0 & 5 \end{bmatrix} x,$$

sua solução será

$$x(t) = c_1 \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix} e^{5t} + c_2 \begin{bmatrix} -2 \\ 1 \end{bmatrix} e^{5t}.$$

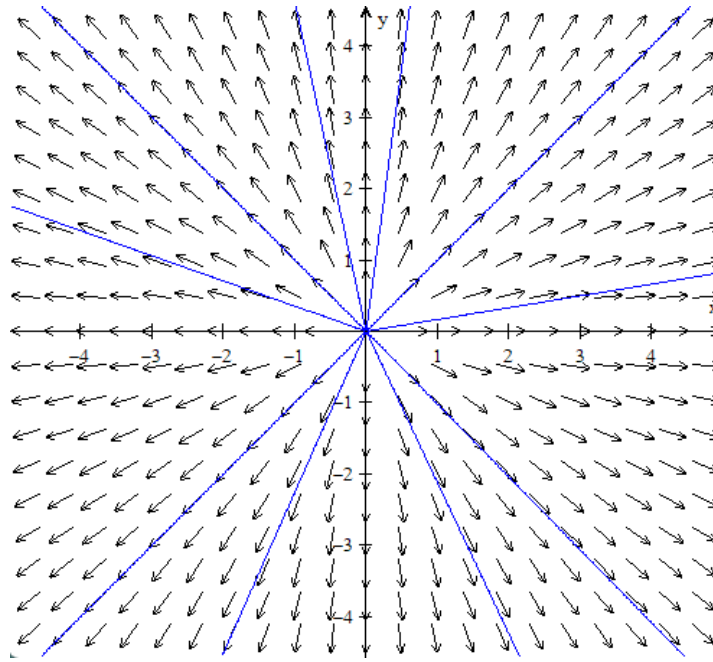


Figura 2.5: Plano de fase para o Exemplo 2.5.

Caso 6: autovetores dependentes com ($\lambda = \lambda_1 = \lambda_2 < 0$)

Para esse caso vamos considerar a solução geral na forma:

$$x(t) = c_1 v e^{\lambda t} + c_2 (v t e^{\lambda t} + \eta e^{\lambda t}), \quad (2.9)$$

na qual, segundo Boyce (2010), η é o autovetor generalizado associado ao autovalor degenerado v . Este autovetor também será necessário no próximo caso.

Quando $t \rightarrow \infty$, temos que:

- se c_1 ou $c_2 = 0$, então $x(t) \rightarrow 0$ na direção de v , pois $e^{\lambda t}$ tende a zero mais rápido que $t e^{\lambda t}$;
- se $c_1, c_2 \neq 0$, então $x(t) \rightarrow 0$ na direção de v , uma vez que $v t e^{\lambda t}$ é dominante na expressão.

Neste caso o ponto de equilíbrio é um **nodo impróprio assintoticamente estável** ou **nodo degenerado assintoticamente estável**.

Exemplo 2.6

Dado o sistema

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 1 & -4 \\ 4 & -7 \end{bmatrix} x,$$

sua solução será

$$x(t) = c_1 \begin{bmatrix} 4 \\ 4 \end{bmatrix} e^{-3t} + c_2 \left\{ \begin{bmatrix} 4 \\ 4 \end{bmatrix} t e^{-3t} + \begin{bmatrix} 2 \\ 1 \end{bmatrix} e^{-3t} \right\}.$$

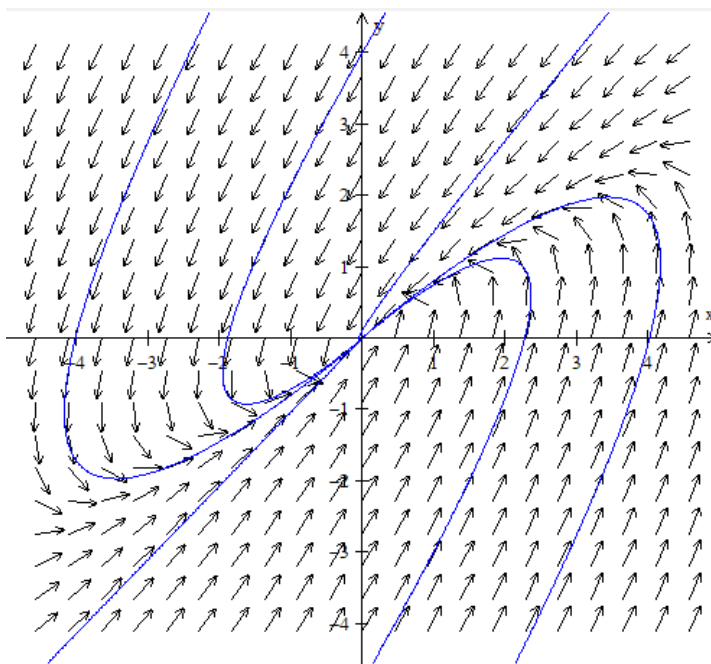


Figura 2.6: Plano de fase para o Exemplo 2.6.

Caso 7: autovetores dependentes com $(\lambda_1 = \lambda_2 > 0)$

Neste último caso a solução também é do tipo (2.5). Quando $t \rightarrow \infty$, se c_1 ou c_2 são nulos, temos $x(t) \rightarrow \infty$ na direção de v , pois assim como no caso 6, o termo vte^t é dominante. Já para $c_1, c_2 \neq 0$, devemos analisar três condições:

- se $c_1, c_2 > 0$, então $x(t) \rightarrow \infty$ na direção de v ;
- se $c_1, c_2 < 0$ então $x(t) \rightarrow -\infty$ na direção de v ;
- se c_1 e c_2 possuem sinais contrários podemos analisar a solução escrevendo-a na forma:

$$x(t) = e^t[(c_1 v + c_2 \eta) + c_2 v t].$$

$$x(t) = e^t[c_3 \mu + c_2 v t]$$

Ainda assim, o termo $vte^{\lambda t}$ continua sendo dominante. Logo, $\|x(t)\| \rightarrow \infty$ na direção de v quando $t \rightarrow \infty$. O ponto de equilíbrio é um **nodo impróprio instável** ou **nodo degenerado instável**.

Exemplo 2.7

Dado o sistema

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 3 & -4 \\ 1 & -1 \end{bmatrix} x,$$

sua solução será

$$x(t) = c_1 \begin{bmatrix} 2 \\ 1 \end{bmatrix} e^t + c_2 \left\{ \begin{bmatrix} 3 \\ 1 \end{bmatrix} te^t + \begin{bmatrix} 2 \\ 1 \end{bmatrix} e^t \right\}.$$

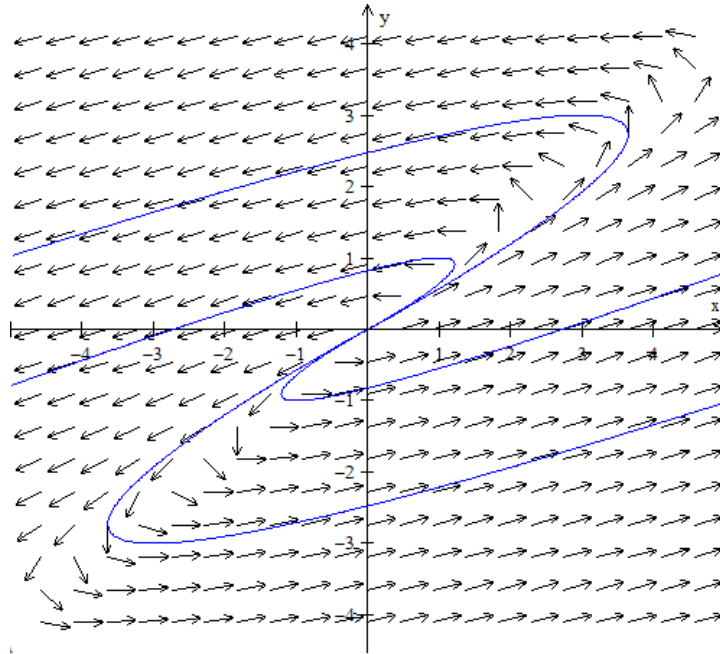


Figura 2.7: Plano de fase para o Exemplo 2.7.

2.1.2 Autovalores Complexos

Caso 1: $\lambda = a \pm bi$

Se os autovalores são da forma $\lambda = a \pm bi$, com $a, b \in \mathbb{R}$ e $a \neq 0$, podemos escrever o sistema de equações diferenciais como:

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} a & b \\ -b & a \end{bmatrix} x, \quad (2.10)$$

que, por sua vez, na forma escalar será:

$$\begin{aligned} x_1' &= ax_1 + bx_2 \\ x_2' &= -bx_1 + ax_2. \end{aligned} \quad (2.11)$$

Agora, vamos introduzir as coordenadas polares r e θ , isto é:

$$\begin{aligned} r^2 &= x_1^2 + x_2^2 \\ \operatorname{tg} \theta &= \frac{x_2}{x_1}. \end{aligned} \quad (2.12)$$

Então, ao diferenciarmos cada uma destas equações com relação à t , obtemos:

$$\begin{aligned} rr' &= x_1 x_1' + x_2 x_2' \\ \theta' \sec^2 \theta &= \frac{x_1 x_2' - x_2 x_1'}{x_1^2}. \end{aligned} \quad (2.13)$$

Portanto, se substituirmos respectivamente as equações de (2.9) em (2.11), encontraremos as equações paramétricas em coordenadas polares do sistema (2.8), ou seja,

$$\begin{aligned} r' &= ar \rightarrow r = ce^{at} \\ \theta' &= -b \rightarrow \theta = -bt + \theta_0, \end{aligned} \quad (2.14)$$

em que, $c \in \mathbb{R}$ e θ_0 é o valor de θ para $t = 0$.

A partir das equações (2.12) podemos concluir que:

- Para $b > 0$, é possível observar que conforme t aumenta, θ diminui, o que indica uma trajetória no sentido horário. Caso $b < 0$, à medida que t aumenta, θ também aumenta, ocasionando uma trajetória no sentido anti-horário.
- Para $a > 0$, quando $t \rightarrow \infty$, $|r| \rightarrow \infty$. Já para $a < 0$, quando $t \rightarrow \infty$, $r \rightarrow 0$.

Portanto, as trajetórias são espirais que se aproximam ou se afastam da origem dependendo do sinal de a . Assim, se $a > 0$, a solução se afasta da origem e é classificada como **foco instável**, enquanto para $a < 0$ a solução se aproxima da origem e é classificada como **foco assintoticamente estável**.

Exemplo 2.8

Dado o sistema

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 3 & -2 \\ 4 & -1 \end{bmatrix} x,$$

temos que os autovalores são $\lambda_1 = 1 + 2i$ e $\lambda_2 = 1 - 2i$. Assim, como $a > 0$, as trajetórias são espirais no sentido anti-horário, que se afastam da origem, conforme ilustrado na Figura (2.8).

Caso 2: $\lambda = \pm bi$

A diferença desse caso para o anterior é que aqui os autovalores são imaginários puros, com $b \in \mathbb{R}^+$ e, por isso, o sistema de equações diferenciais é representado por

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 0 & b \\ -b & 0 \end{bmatrix} x \quad (2.15)$$

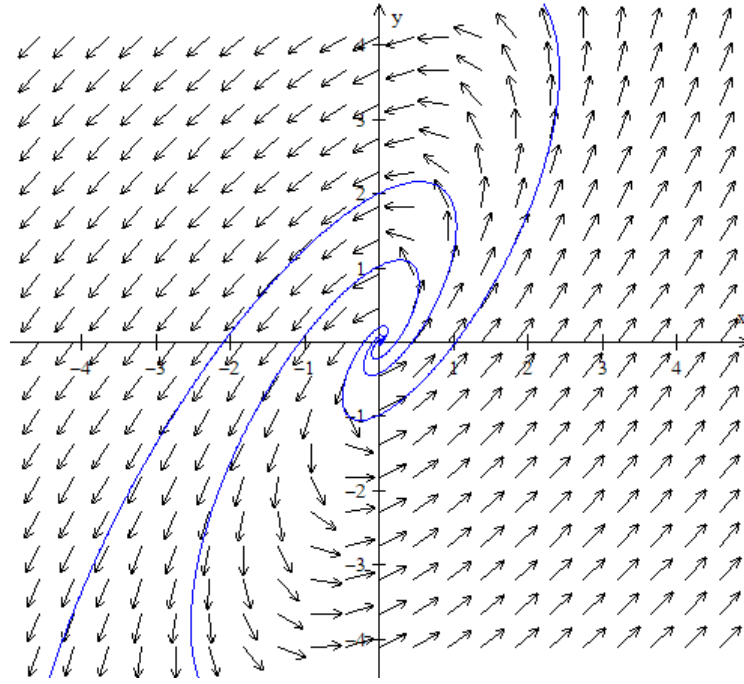


Figura 2.8: Plano de fase para o Exemplo 2.8.

Então, escrevendo-o na forma escalar e utilizando as coordenadas polares de modo análogo ao caso anterior, obtemos as seguintes equações paramétricas para este sistema:

$$\begin{aligned} r &= c \\ \theta &= -bt + \theta_0. \end{aligned} \quad (2.16)$$

Isso significa que as trajetórias são curvas fechadas em torno da origem. Com isso, a origem é chamada de **nó ou ponto elíptico estável**, sendo que o sentido da trajetória também pode ser horário ou anti-horário, dependendo do sinal de b .

Exemplo 2.9

Dado o sistema

$$\frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} 1 & 2 \\ -5 & -1 \end{bmatrix} x,$$

temos que os autovalores são $\lambda_1 = 3i$ e $\lambda_2 = -3i$. Nesse caso, como $a = 0$, a origem é um nó e o sentido das trajetórias é horário, conforme ilustrado na Figura (2.9).

Observando esses casos podemos obter algumas conclusões:

1. Para cada ponto (x_0, y_0) no plano de fase passa uma única trajetória, ou seja, as trajetórias não se cruzam e a única solução que passa pela origem é a solução de equilíbrio.
2. No conjunto de todas as trajetórias sempre ocorrerá uma das três situações a seguir:

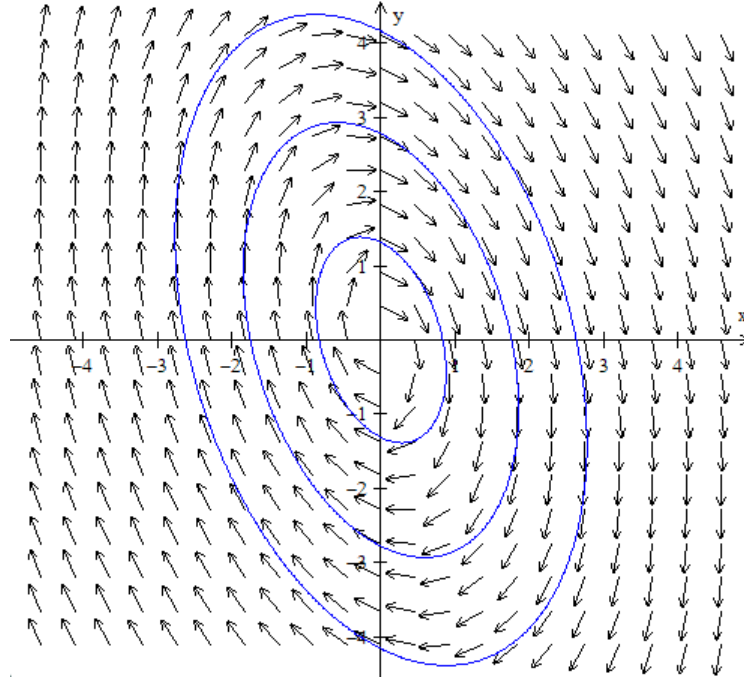


Figura 2.9: Plano de fase para o Exemplo 2.9.

- a) Para os autovalores reais e negativos ou complexos com parte real negativa, todas as trajetórias se aproximam do ponto crítico $x = 0$ quando $t \rightarrow \infty$. Isso indica que a origem é um nó atrator.
- b) Para os autovalores imaginários puros todas as trajetórias permanecem limitadas, mas não tendem à origem quando $t \rightarrow \infty$. Neste caso a origem é o centro de um círculo.
- c) Se pelo menos um dos autovalores é positivo ou se os autovalores têm parte real positiva, as trajetórias (exceto $x = 0$) tendem a infinito quando $t \rightarrow \infty$.

2.2 Análise de estabilidade de Sistemas de Equações Diferenciais

Consideremos o sistema com duas equações diferenciais a seguir:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = F(x, y), & x(t_0) = x_0 \\ \frac{dy}{dt} = G(x, y), & y(t_0) = y_0 \end{cases} \quad (2.17)$$

Suponhamos que as funções F e G são contínuas e que suas derivadas parciais de primeira ordem (também contínuas) estão definidas num domínio D do plano xy . Se $(x_0, y_0) \in D$, então pelo Teorema da Existência e Unicidade ¹, existe uma única solução $x = \phi_1(t)$ e $y = \phi_2(t)$ do sistema (2.17) que satisfaz as condições iniciais dadas.

É possível escrever este sistema na forma vetorial, isto é:

$$\frac{dX}{dt} = f(X), \quad X(t_0) = X_0 \quad (2.18)$$

¹Consultar resultado em: Boyce (2010).

em que $X = (x, y)^T$, $f(X) = (F(x, y), G(x, y))^T$ e $X_0 = (x_0, y_0)^T$.

Por sua vez, a solução desse sistema pode ser escrita como $\phi(t) = (\phi_1(t), \phi_2(t))^T$, a qual pode ser interpretada como a curva traçada por um ponto se movendo no plano de fase xy .

Note que as funções F e G não dependem da variável independente t , mas sim das variáveis dependentes x e y e, por isso, o sistema (2.17) é chamado de **autônomo**. Uma característica desse tipo de sistema é que eles possuem um campo de direções que não depende do tempo. Isso significa que todas as soluções que satisfazem a condição inicial dada percorrem a mesma trajetória, independente do instante em que elas estão em (x_0, y_0) .

Em um sistema autônomo como o (2.18), chamamos de **ponto crítico** ou de **equilíbrio** o ponto $X^0 = (x^0, y^0)$ que satisfaz $\frac{dX}{dt} = 0$, isto é, $x = x_0$ e $y = y_0$ é uma solução constante desse sistema. É possível classificar tais pontos de diferentes maneiras, conforme as definições a seguir.

Definição 2.5. Um ponto crítico X^0 é **estável** se, dado qualquer $\varepsilon > 0$, existe $\delta > 0$, tal que toda solução $X = \phi(t)$, que satisfaz $\|\phi(t_0) - X^0\| < \delta$ existe para todo $t > 0$ e satisfaz $\|\phi(t_0) - X^0\| < \varepsilon$, para todo $t \geq 0$.

Em outras palavras, isso quer dizer que toda solução que começa próxima ao ponto crítico X^0 (por um raio δ) permanece próxima a ele (por um raio ε). Um ponto crítico que não é estável é dito **instável**, ou seja, pelo menos uma solução que se inicia próxima ao ponto crítico, se afasta dele.

Definição 2.6. Um ponto crítico X^0 é dito **assintoticamente estável** se é estável e, ainda, se existe δ_0 , com $0 < \delta_0 < \delta$, tal que se uma solução $X = \phi(t)$, satisfaz $\|\phi(t_0) - X^0\| < \delta_0$ então $\lim_{t \rightarrow \infty} \phi(t) = X^0$.

Assim, uma solução que começa próxima ao ponto crítico X^0 , não somente permanece próxima a ele, como também tende a ele quando $t \rightarrow \infty$.

2.2.1 Sistemas Lineares

Na seção anterior analisamos o comportamento de alguns sistemas lineares a partir da solução analítica obtida. No entanto, é possível analisar o comportamento de tais sistemas através de seus pontos de equilíbrio.

Exemplo 2.10

Dado o sistema

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = -x - y - 2 \\ \frac{dy}{dt} = 3x - y + 6 \end{cases}$$

obtemos como ponto crítico $P_1 = (-2, 0)$.

Observando seu plano de fase, conforme apresentado na Figura 2.10, é possível perceber que $P_1 = (-2, 0)$ parece ser assintoticamente estável, uma vez que as trajetórias que começam próxima a ele, assim seguem e, ainda, tendem a P_1 .

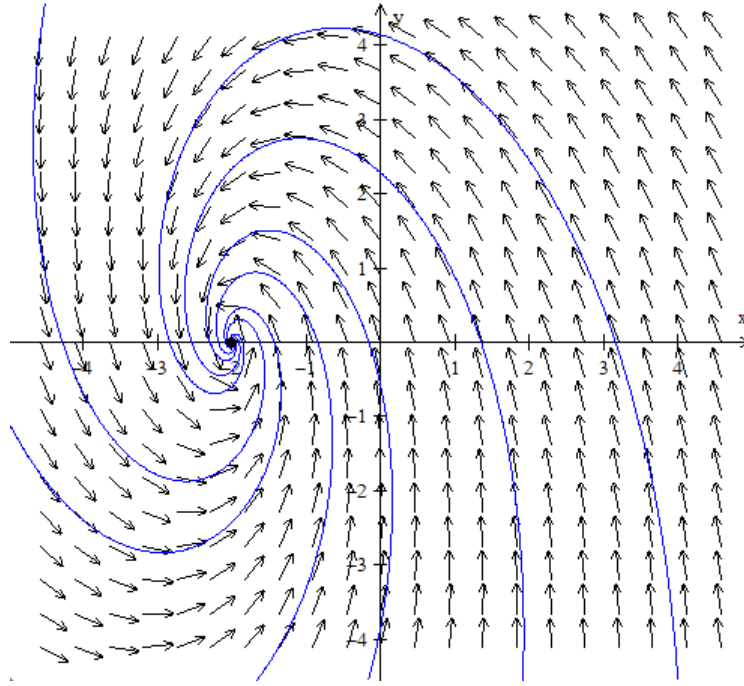


Figura 2.10: Plano de fase para o Exemplo 2.10.

O teorema a seguir nos permite classificar os pontos críticos de um sistema de equações diferenciais ordinárias lineares.

Teorema 2.7. *O ponto crítico X^0 do sistema linear $X' = AX$, $A_{2 \times 2}$ é: assintoticamente estável se os autovalores λ_1 e λ_2 de A são reais e negativos ou têm parte real negativa; estável, mas não assintoticamente estável, se os autovalores λ_1 e λ_2 são imaginários puros; instável se os autovalores λ_1 e λ_2 são reais e um deles é positivo, ou se ambos têm parte real positiva.*

Demonstração. Este resultado segue diretamente das análises feitas na seção 2.1 sobre os sistemas de ordem 2 e podem ser feitos de modo análogo para sistemas de ordem n .

□

Este teorema descreve, a partir da classificação dos autovalores, o tipo de solução para os sistemas lineares em duas dimensões. Com o Lema a seguir também é possível classificar os pontos críticos, utilizando apenas os conceitos de traço e determinante da matriz dos coeficientes do sistema.

Lema: seja $X^0 = (0, 0)$ ponto crítico do sistema linear

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = a_{11}x + a_{12}y \\ \frac{dy}{dt} = a_{21}x + a_{22}y \end{cases} \quad (2.19)$$

Então,

- X^0 é assintoticamente estável se $\text{tr}(A) < 0$ e $\det(A) > 0$
- X^0 é estável se $\text{tr}(A) = 0$ e $\det(A) > 0$

- X^0 é instável se $tr(A) > 0$ ou $det(A) < 0$.

Demonstração. Seja $\begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{bmatrix}$ a matriz de coeficientes do sistema (2.19). O traço e o determinante de A são, nesta ordem,

$$tr(A) = a_{11} + a_{22}$$

$$det(A) = a_{11} \cdot a_{22} - a_{12} \cdot a_{21}.$$

Os autovalores λ associados a matriz A , são dados por:

$$\lambda = \frac{(a_{11} + a_{22}) \pm \sqrt{(a_{11} + a_{22})^2 - 4(a_{11}a_{22} - a_{12}a_{21})}}{2} = \frac{tr(A) \pm \sqrt{[tr(A)]^2 - 4det(A)}}{2}$$

Do teorema 2.7, vem que:

a) Para ocorrer estabilidade assintótica os autovalores devem ser complexos com parte real negativa ou reais negativos. Os autovalores são complexos com parte real negativa se:

- $tr(A) < 0$ e
- $[tr(A)]^2 - 4det(A) < 0 \Rightarrow [tr(A)]^2 < 4det(A)$.

Mas, como $[tr(A)]^2 > 0$, então:

$$0 < [tr(A)]^2 < 4det(A) \Rightarrow 0 < 4det(A) \Rightarrow det(A) > 0.$$

Por sua vez, os autovalores são reais negativos se $tr(A) < 0$ e $det(A) > 0$. Além disso,

- se $det(A) = 0 \Rightarrow \lambda_1 = 0$ e $\lambda_2 < 0$, e nada podemos afirmar;
- se $det(A) < 0 \Rightarrow \sqrt{[tr(A)]^2 - 4det(A)} > |tr(A)|$ e existirá $\lambda > 0$.

Assim, se $tr(A) < 0$ e $det(A) > 0$ então X^0 é assintoticamente estável.

b) Para ocorrer estabilidade os autovalores devem ser imaginários puros e, para isso, é necessário que $tr(A) = 0$ e $[tr(A)]^2 - 4det(A) < 0$, isto é, $det(A) > 0$.

Logo, se $tr(A) = 0$ e $det(A) > 0$, então X^0 é estável.

c) Para ocorrer instabilidade os autovalores devem ser complexos com parte real positiva ou reais com pelo menos um autovalor positivo. No caso de serem complexos com parte real positiva, é necessário que:

- $tr(A) > 0$ e
- $[tr(A)]^2 - 4det(A) < 0 \Rightarrow [tr(A)]^2 < 4det(A)$.

Mas, como $[tr(A)]^2 > 0$, então

$$0 < [tr(A)]^2 < 4det(A) \Rightarrow 0 < 4det(A) \Rightarrow det(A) > 0.$$

Para o caso de haver pelo menos um autovalor real positivo, deve ocorrer $[tr(A)]^2 - 4det(A) > 0$. Mas, observe que:

- Se $det(A) < 0$, então $\sqrt{[tr(A)]^2 - 4det(A)} > |tr(A)|$, independente do sinal de $tr(A)$ e, assim, sempre existirá ao menos um autovalor positivo.
- Se $tr(A) > 0$, então $tr(A) + \sqrt{[tr(A)]^2 - 4det(A)} > 0$, independente do sinal de $det(A)$. Logo, sempre existirá um autovalor positivo, ou então autovalores complexos com parte real positiva, ocorrendo instabilidade.

Com isso, se $tr(A) > 0$ ou $det(A) < 0$, então X^0 é instável. $\square$

Podemos sintetizar estes resultados em uma tabela como a seguinte:

Autovalores	Tipo de Ponto Crítico	Estabilidade
$\lambda_1 < \lambda_2 < 0$	nodo	assintoticamente estável
$\lambda_1 > \lambda_2 > 0$	nodo	instável
$\lambda_1 < 0 < \lambda_2$	ponto de sela	instável
$\lambda_1 = \lambda_2 < 0$	nodo próprio ou impróprio	assintoticamente estável
$\lambda_1 = \lambda_2 > 0$	nodo próprio ou impróprio	instável
$\lambda_1, \lambda_2 = a \pm bi$		
$a > 0$	foco	instável
$a < 0$	foco	assintoticamente estável
$\lambda_1 = bi, \lambda_2 = -bi$	nó ou ponto elíptico	estável

Tabela 2.1: Propriedades de estabilidade e instabilidade de sistemas lineares

Fonte: adaptado de Boyce (2010).

2.2.2 Sistemas Localmente Lineares

Para os sistemas de equações diferenciais não lineares dificilmente obtemos uma solução analítica. Assim, a análise de estabilidade de pontos críticos é de fundamental importância para conseguirmos informações sobre o comportamento da solução. No entanto, em alguns casos existem diversos pontos críticos, de modo que alguns estão próximos de outros, fazendo com que a solução ao redor de um dos pontos seja influenciada por também estar próxima de outro ponto crítico. Vejamos um exemplo.

Exemplo 2.11

O sistema

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = 4 - 2y \\ \frac{dy}{dt} = 1 - 4x^2 \end{cases},$$

possui como pontos críticos: $P_1 = (\frac{1}{2}, 2)$ e $P_2 = (-\frac{1}{2}, 2)$.

Observando o plano de fases desse sistema (que está representado na Figura 2.11), é possível perceber que $P_1 = (\frac{1}{2}, 2)$ parece ser instável, pois as trajetórias que começam

próximas a ele estão se afastando dele. Já o ponto $P_2 = (-\frac{1}{2}, 2)$ parece ser estável, pois as trajetórias que se iniciam próximas a ele, seguem assim.

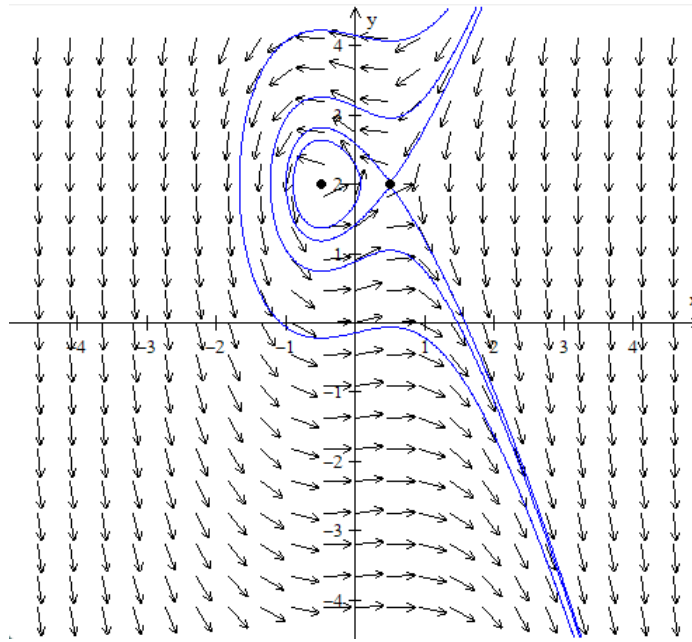


Figura 2.11: Plano de fase para o Exemplo 2.11.

Tomemos um sistema autônomo não linear bidimensional

$$\frac{dX}{dt} = f(X). \quad (2.20)$$

Para analisar o comportamento das trajetórias de (2.20) próximas de um ponto de equilíbrio X^0 , podemos aproximar este sistema não linear por um sistema linear adequado que possui trajetórias mais simples de descrever.

Para que isso seja possível, é conveniente escolhermos a origem como ponto crítico, o que não leva a perda de generalidade, pois se $X^0 \neq (0, 0)$ podemos utilizar a substituição $u = X - X^0$ na equação (2.20).

Consideremos então

$$X' = AX + g(X), \quad (2.21)$$

em que $X^0 = (x^0, y^0)$ é um ponto crítico isolado desse sistema. Isto significa que existe algum círculo com centro na origem que não possui outros pontos críticos em seu interior, ou seja, $\det A \neq 0$.

Para que o sistema não linear (2.21) esteja próximo do sistema $X' = AX$ é necessário que $g(X)$ seja suficientemente pequeno, ou seja,

$$\frac{\|g(X)\|}{\|X\|} \rightarrow 0 \quad \text{quando} \quad X \rightarrow (0, 0), \quad (2.22)$$

sendo $g(X) = (g_1(x, y), g_2(x, y))^T$ e $X = (x, y)^T$.

Com isso, podemos escrever $\|X\| = \sqrt{x^2 + y^2} = r$ e $\|g(X)\| = \sqrt{g_1^2(x, y) + g_2^2(x, y)}$ e, então, a condição (2.22) é satisfeita se, e somente se:

$$\frac{g_1}{r} \rightarrow 0, \quad \frac{g_2}{r} \rightarrow 0 \quad \text{quando} \quad r \rightarrow 0. \quad (2.23)$$

Ao satisfazer as condições (2.23), o sistema (2.21) é chamado de **sistema localmente linear na vizinhança do ponto crítico** (x^0, y^0) .

Tomemos novamente o sistema (2.20). Escrevendo-o na forma escalar obtemos

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = F(x, y) \\ \frac{dy}{dt} = G(x, y) \end{cases} \quad (2.24)$$

Este sistema será localmente linear em uma vizinhança de um ponto crítico (x^0, y^0) sempre que F e G tiverem derivadas parciais contínuas até a segunda ordem. Então, se escrevermos F e G como um polinômio de Taylor de ordem 1 na vizinhança de (x^0, y^0) , temos

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = F(x^0, y^0) + F_x(x^0, y^0)(x - x^0) + F_y(x^0, y^0)(y - y^0) + \eta_1(x, y) \\ \frac{dy}{dt} = G(x^0, y^0) + G_x(x^0, y^0)(x - x^0) + G_y(x^0, y^0)(y - y^0) + \eta_2(x, y) \end{cases},$$

em que:

$$\begin{aligned} \frac{\eta_1(x, y)}{\sqrt{(x - x^0)^2 + (y - y^0)^2}} &\rightarrow 0 \quad \text{quando} \quad (x, y) \rightarrow (x^0, y^0) \\ \frac{\eta_2(x, y)}{\sqrt{(x - x^0)^2 + (y - y^0)^2}} &\rightarrow 0 \quad \text{quando} \quad (x, y) \rightarrow (x^0, y^0) \end{aligned}$$

Observe que:

$$F(x^0, y^0) = G(x^0, y^0) = 0,$$

$$\frac{dx}{dt} = \frac{d(x - x^0)}{dt} \quad e \quad \frac{dy}{dt} = \frac{d(y - y^0)}{dt}.$$

A partir disso, podemos escrever o sistema (2.24) como

$$\frac{d}{dt} \begin{bmatrix} x - x^0 \\ y - y^0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_x(x^0, y^0) & F_y(x^0, y^0) \\ G_x(x^0, y^0) & G_y(x^0, y^0) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x - x^0 \\ y - y^0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \eta_1(x, y) \\ \eta_2(x, y) \end{bmatrix},$$

que na forma vetorial é dado por

$$\frac{du}{dt} = J(X^0)u + \eta(X),$$

sendo $u = (x - x^0, y - y^0)$, $\eta = (\eta_1, \eta_2)^T$ e J a matriz jacobiana de (2.24) no ponto X^0 .

Assim, o sistema (2.24) é localmente linear na vizinhança de $X^0 = (x^0, y^0)$ se F e G forem de classe C^2 . Além disso, o sistema adequado que aproxima (2.24) na vizinhança de X^0 é dado por

$$\frac{d}{dt} \begin{bmatrix} u \\ v \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} F_x(x^0, y^0) & F_y(x^0, y^0) \\ G_x(x^0, y^0) & G_y(x^0, y^0) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u \\ v \end{bmatrix}, \quad (2.25)$$

em que $u = (x - x^0)$ e $v = (y - y^0)$.

Se o escrevermos novamente na forma escalar, temos

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \frac{\partial F}{\partial x}(x^0, y^0)x + \frac{\partial F}{\partial y}(x^0, y^0)y \\ \frac{dy}{dt} = \frac{\partial G}{\partial x}(x^0, y^0)x + \frac{\partial G}{\partial y}(x^0, y^0)y \end{cases}.$$

Exemplo 2.12

Considere o sistema

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = (x+y)(1+x-y) \\ \frac{dy}{dt} = x(2+y) \end{cases}.$$

Vamos encontrar a linearização em cada ponto crítico e determinar a estabilidade de cada um deles. Os quatro pontos críticos desse sistema, que são: $P_1 = (0,0)$, $P_2 = (0,1)$, $P_3 = (2,-2)$ e $P_4 = (-3,-2)$.

Então, calculando a matriz jacobiana, temos

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial F}{\partial x}(x,y) & \frac{\partial F}{\partial y}(x,y) \\ \frac{\partial G}{\partial x}(x,y) & \frac{\partial G}{\partial y}(x,y) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2x+1 & 1-2y \\ 2+y & x \end{bmatrix}.$$

Com isso, podemos encontrar as linearizações desejadas.

- No ponto $P_1 = (0,0)$, a linearização é dada por

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \frac{\partial F}{\partial x}(0,0)x + \frac{\partial F}{\partial y}(0,0)y \\ \frac{dy}{dt} = \frac{\partial G}{\partial x}(0,0)x + \frac{\partial G}{\partial y}(0,0)y \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} \frac{dx}{dt} = x+y \\ \frac{dy}{dt} = 2x \end{cases},$$

e, calculando os autovalores λ deste sistema linear, obtemos $\lambda_1 = -1$ e $\lambda_2 = 2$. Assim, o ponto crítico $P_1(0,0)$ é um ponto de sela instável.

Repetindo os mesmos passos, vamos encontrar a linearização nos outros três pontos críticos e a estabilidade de cada um.

- No ponto $P_2 = (0,1)$, a linearização é dada pelo sistema

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \frac{\partial F}{\partial x}(0,1)x + \frac{\partial F}{\partial y}(0,1)y \\ \frac{dy}{dt} = \frac{\partial G}{\partial x}(0,1)x + \frac{\partial G}{\partial y}(0,1)y \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} \frac{dx}{dt} = x-y \\ \frac{dy}{dt} = 3x \end{cases},$$

cujos autovalores são $\lambda_1 = \frac{1+11i}{2}$ e $\lambda_2 = \frac{1-11i}{2}$. Isso indica que o ponto crítico $P_2 = (0,1)$ é um foco instável.

- Já no ponto $P_3 = (2,-2)$, a linearização é dada pelo sistema

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \frac{\partial F}{\partial x}(2,-2)x + \frac{\partial F}{\partial y}(2,-2)y \\ \frac{dy}{dt} = \frac{\partial G}{\partial x}(2,-2)x + \frac{\partial G}{\partial y}(2,-2)y \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} \frac{dx}{dt} = 5x+5y \\ \frac{dy}{dt} = 2y \end{cases},$$

em que os autovalores são: $\lambda_1 = 5$ e $\lambda_2 = 2$, indicando um nodo instável.

- Por fim, no ponto $P_4 = (-3,-2)$, a linearização é dada por

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \frac{\partial F}{\partial x}(-3,-2)x + \frac{\partial F}{\partial y}(-3,-2)y \\ \frac{dy}{dt} = \frac{\partial G}{\partial x}(-3,-2)x + \frac{\partial G}{\partial y}(-3,-2)y \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} \frac{dx}{dt} = -5x+5y \\ \frac{dy}{dt} = -3y \end{cases},$$

em que os autovalores são: $\lambda_1 = -5$ e $\lambda_2 = -3$, indicando um nodo assintoticamente estável.

Na Figura (2.12) é possível visualizar o que acontece com as trajetórias quando tomamos condições iniciais próximas de cada ponto crítico.

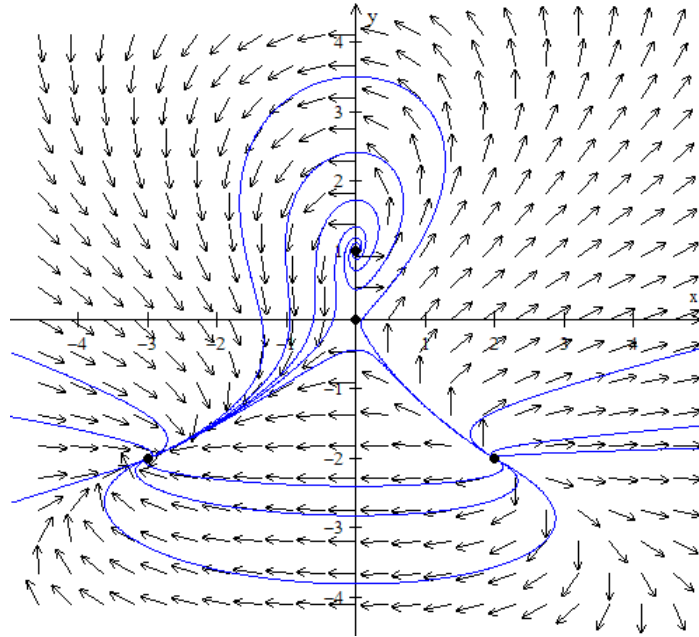


Figura 2.12: Plano de fase para o Exemplo 2.12.

O teorema apresentado a seguir apresenta um resultado que determina o tipo de estabilidade de um ponto crítico de um sistema não linear a partir do sistema linear correspondente.

Teorema 2.8. *Sejam λ_1 e λ_2 os autovalores do sistema linear $X' = AX$ correspondente ao sistema localmente linear $X' = AX + g(X)$. Então o tipo de estabilidade do ponto crítico $(0, 0)$ do sistema localmente linear $X' = AX + g(X)$ são como descritos na tabela (2.2).*

Autovalores	Tipo de Ponto Crítico (sistema linear)	Estabilidade (sistema localmente linear)
$\lambda_1 < \lambda_2 < 0$	Nodo	assintoticamente estável
$\lambda_1 > \lambda_2 > 0$	Nodo	instável
$\lambda_1 < 0 < \lambda_2$	ponto de sela	instável
$\lambda_1 = \lambda_2 < 0$	Nodo ou ponto espiral	assintoticamente estável
$\lambda_1 = \lambda_2 > 0$	Nodo ou ponto espiral	instável
$\lambda_1, \lambda_2 = a \pm bi$		
$a > 0$	ponto espiral	instável
$a < 0$	ponto espiral	assintoticamente estável
$\lambda_1 = bi, \lambda_2 = -bi$	Nó ou ponto espiral	indeterminado

Tabela 2.2: Propriedades de estabilidade e instabilidade de sistemas localmente lineares
Fonte: adaptado de Boyce (2010).

Demonstração. Consultar Boyce (2010).

□

Observe que o Teorema (2.8) não oferece informações suficientes quando o ponto crítico de um sistema linear correspondente a um sistema localmente linear é um centro. Mas isto pode acontecer quando os coeficientes da matriz A sofrem alterações, ainda que pequenas. Acompanhe o exemplo a seguir.

Exemplo 2.13

Considere os sistemas localmente lineares

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = y + x(x^2 + y^2) \\ \frac{dy}{dt} = -x + y(x^2 + y^2) \end{cases} \quad \text{e} \quad (2.26)$$

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = y - x(x^2 + y^2) \\ \frac{dy}{dt} = -x - y(x^2 + y^2) \end{cases} . \quad (2.27)$$

O ponto $(0,0)$ é ponto crítico de (2.26) e de (2.27), então vamos encontrar a linearização neste ponto para cada um destes sistemas.

- Em (2.26), o sistema linear correspondente é dado por

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \frac{\partial F}{\partial x}(0,0)x + \frac{\partial F}{\partial y}(0,0)y \\ \frac{dy}{dt} = \frac{\partial G}{\partial x}(0,0)x + \frac{\partial G}{\partial y}(0,0)y \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} \frac{dx}{dt} = y \\ \frac{dy}{dt} = -x \end{cases} ,$$

cujos autovalores são $\lambda_1 = i$ e $\lambda_2 = -i$. Isso indica que o ponto crítico $(0,0)$ é um nó ou ponto espiral, com estabilidade indeterminada em (2.26).

- Em (2.27) o sistema linear correspondente é dado por

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \frac{\partial F}{\partial x}(0,0)x + \frac{\partial F}{\partial y}(0,0)y \\ \frac{dy}{dt} = \frac{\partial G}{\partial x}(0,0)x + \frac{\partial G}{\partial y}(0,0)y \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} \frac{dx}{dt} = y \\ \frac{dy}{dt} = -x \end{cases} ,$$

ou seja, apesar de serem sistemas diferentes, (2.26) e (2.27) possuem a mesma linearização e, assim, o ponto $(0,0)$ é um nó ou ponto espiral com estabilidade indeterminada nos dois sistemas localmente lineares. Vejamos então como resolver estes casos sem gerar indeterminação.

Seja $r^2 = x^2 + y^2$ e note que $x \frac{dx}{dt} + y \frac{dy}{dt} = r \frac{dr}{dt}$. No sistema (2.27) se multiplicarmos a primeira equação por x , a segunda equação por y e somarmos as duas equações, obtemos:

$$x \frac{dx}{dt} + y \frac{dy}{dt} = -(x^2 + y^2)(x^2 + y^2)$$

e, então, fazendo as substituições indicadas, temos:

$$r \frac{dr}{dt} = -r^2 r^2 \Rightarrow \frac{dr}{dt} = -r^3 < 0,$$

que é uma E.D.O. não linear de primeira ordem, cujas soluções são:

$$r(t) = \frac{1}{\sqrt{k+2t}}, k \in \mathbb{R} \quad \text{e} \quad (2.28)$$

$$r(t) = -\frac{1}{\sqrt{k+2t}}, k \in \mathbb{R}. \quad (2.29)$$

A solução (2.29) será descartada, pois $r(t) > 0$. Então, se calcularmos $\lim_{t \rightarrow \infty} r(t)$, temos:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} r(t) = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{\sqrt{k+2t}} = 0.$$

Então, como $\frac{dr}{dt} < 0$ e $r \rightarrow 0$ quando $t \rightarrow \infty$, o ponto crítico $(0, 0)$ é assintoticamente estável.

No sistema (2.26), multiplicando novamente a primeira equação por x , a segunda por y e somando as duas equações, obtemos:

$$x \frac{dx}{dt} + y \frac{dy}{dt} = (x^2 + y^2)^2 \quad \text{e,}$$

fazendo as substituições necessárias:

$$r \frac{dr}{dt} = (r^2)^2 \quad \text{e como } r > 0, \text{ então } \frac{dr}{dt} = r^3,$$

cujas soluções são

$$r(t) = -\frac{1}{\sqrt{\frac{1}{r_0^2} - 2t}} \quad (\text{a qual será descartada, pois } r(t) > 0) \quad (2.30)$$

e

$$r(t) = \frac{1}{\sqrt{1/r_0^2 - 2t}}. \quad (2.31)$$

Para a solução de (2.31), note que quando $t \rightarrow \frac{1}{2r_0^2}$, $r(t) \rightarrow \infty$. Assim, o ponto crítico $(0, 0)$ é instável.

Quando ocorrem indeterminações destes tipos, podemos recorrer à outras técnicas, as quais não serão abordadas neste trabalho, mas podem ser encontradas em Luiz (2012).

No capítulo seguinte serão apresentados, de maneira geral, cinco modelos epidemiológicos, os quais correspondem a sistemas de equações diferenciais não lineares. Abordaremos as equações de cada modelo, os compartimentos que os definem, a transição da população entre os compartimentos e alguns exemplos de doenças que podem ser descritas por cada um.

3 Modelos epidemiológicos

Conforme citado na introdução deste trabalho, é possível classificar as doenças infecciosas em dois grupos: o grupo das doenças microparasitárias, isto é, aquelas causadas por vírus e bactérias e, o outro, o das macroparasitárias, causadas por vermes. Com a perspectiva de compreender o surgimento destas doenças e principalmente como se propagam, alguns modelos matemáticos foram desenvolvidos.

Segundo Edelstein-Keshet (2005), um modelo inicial para uma infecção viral poderia ser dado por:

$$\frac{dx}{dt} = [\alpha - g(y)]x \quad (3.1)$$

$$\frac{dy}{dt} = \beta xy - \gamma y \quad (3.2)$$

em que x representa a população hospedeira e y a população viral. As constantes α , β e γ representam, respectivamente, a taxa de natalidade humana, a taxa de reprodução do vírus e a taxa de mortalidade do vírus. A infecção viral causa um aumento da mortalidade devido à doença, representada pela função $g(y) > 0$.

No entanto, de acordo com Edelstein-Keshet (2005), é necessário uma nova aproximação, uma vez que este modelo possui várias falhas, como o fato de não representar como o vírus se espalha e a dificuldade de se medir o total da população viral. Uma aproximação que parece mais razoável é separar a população saudável dos indivíduos infectados e, assim, tratamos de modelos compartimentais, como os que apresentaremos neste capítulo.

Por simplicidade, os modelos apresentados neste capítulo consideram a população total (N) sendo constante (sem dinâmica vital), isto é, sem nascimentos e mortes. Ressaltamos que existem as versões com dinâmica vital e, além delas, outras variações destes modelos.

3.1 Modelo SIS

No modelo SIS as letras S e I representam os compartimentos de suscetíveis e infectados, respectivamente. A população do compartimento S é composta por indivíduos que podem adquirir uma doença quando entram em contato com a população do compartimento I, dos infectados, isto é, aqueles que já são portadores dos vírus ou bactérias causadores de uma doença e podem transmiti-la.

Este modelo é utilizado para representar doenças em que os indivíduos do compartimento I voltam a ser suscetíveis, ou seja, não adquirem imunidade e podem ter a mesma doença mais de uma vez, como por exemplo, os casos de dengue, em que é possível contrair um tipo da doença e mesmo assim não estar imune aos demais tipos. O diagrama da

figura a seguir apresenta de forma esquemática a dinâmica deste modelo, ou seja, os compartimentos que ele possui e as etapas de transição da população, não havendo período latente e isolamentos.



Figura 3.1: Diagrama compartimental do modelo SIS.

Os parâmetros α e β representam, nesta ordem, a taxa de transmissão e a taxa de recuperação da doença. Considerando a taxa de transmissão proporcional ao encontro de indivíduos suscetíveis e infectados, é possível modelar por αSI a mudança do compartimento S para o compartimento I, o que está representado na primeira seta da figura anterior. Por sua vez, conforme apresenta Luiz (2012), se considerarmos a variação dos indivíduos infectados com relação ao tempo proporcional ao próprio número de infectados, a transição entre os compartimentos I e S (segunda seta do diagrama) será modelada por βI .

Assim, podemos escrever o seguinte sistema de equações diferenciais para o modelo SIS:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI + \beta I \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \end{cases}, \text{ com } \alpha, \beta > 0. \quad (3.3)$$

Em $\frac{dS}{dt}$ temos a saída do compartimento S e chegada em I por parte da população e o oposto em $\frac{dI}{dt}$, em que uma parte da população infectada deixa este compartimento, ou seja, se recupera e imediatamente volta a ser suscetível.

3.2 Modelo SIR

Assim como no modelo anterior, as letras S e I representam o compartimento dos suscetíveis e infectados, respectivamente. Já a sigla R representa a população denominada por removidos, a qual inclui aqueles indivíduos que se tornaram imunes (também conhecidos como recuperados), ou que estão em isolamento, ou os que vieram a falecer. Por outro lado, o modelo SIR considera que a população infectada se recupera (passando a entrar no compartimento R) e não retorna ao compartimento dos suscetíveis, isto é, adquire imunidade contra a doença em questão. Como exemplo de doença que pode ser descrita pelo modelo SIR podemos citar a varicela (catapora) em que o indivíduo que adquire o vírus transmissor da doença se recupera e se torna imune, não apresentando sintomas novamente, mesmo que esteja em contato com outros infectados.

Também é possível representar esse modelo por meio de um diagrama compartimental, assim como foi proposto por Kermack e McKendrick (1927). A princípio vamos considerar a população total N sendo constante, isto é, sem dinâmica vital e de modo que a população infectada seja proporcional à população suscetível. Posteriormente, no capítulo 4, discutiremos variações deste modelo SIR, onde utilizaremos algumas das ideias aqui apresentadas.

Tomando novamente α como a taxa de transmissão da doença e β como a taxa de recuperação, podemos modelar por αSI a transição de indivíduos do compartimento S para o compartimento I, assim como no modelo SIS, e com o produto βI a transição de indivíduos de I para R. Então o diagrama será conforme a figura a seguir.



Figura 3.2: Diagrama compartimental do modelo SIR.

Este modelo assume uma população constante, não havendo alteração no tamanho total (N) da população ao longo de todo período da epidemia. Além disso, uma hipótese do modelo é que toda a população existente no início da propagação da doença é considerada suscetível. Deste modo, conforme estes indivíduos entram em contato com os infectados, eles adquirem a doença (deixando de pertencer ao compartimento S) e ao se recuperarem, deixam de pertencer ao compartimento I, adentrando em R. Esta situação pode ser resumida com o sistema de equações diferenciais

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \\ \frac{dR}{dt} = \beta I \end{cases} \quad (3.4)$$

no qual α e β também indicam as taxas de transmissão e de recuperação, respectivamente.

No capítulo seguinte esse modelo e algumas de suas variações serão objeto de um estudo mais detalhado, como por exemplo, análise de pontos de equilíbrio e estabilidade.

3.3 Modelo SIRS

O modelo SIRS, assim como o modelo SIR, é composto por três compartimentos: suscetíveis, infectados e removidos. Apesar de ter as quatro letras em sua sigla, o último S também se refere ao compartimento dos suscetíveis, indicando o retorno da população a este compartimento. Ele é utilizado quando nos referimos a doenças em que o indivíduo suscetível passa a ser infectado, se recupera e passa a fazer parte do compartimento R, mas com o passar do tempo perde sua imunidade e volta a ser suscetível. A malária é um exemplo de doença que pode ser descrita pelo modelo SIRS. Ela pode ser transmitida de indivíduo para outro por meio da picada do mosquito fêmea *Anopheles* infectado e sua reinfecção é conhecida como "recaída", conforme apontam alguns estudos citados em Lima (2021).

Ao representarmos este modelo com um diagrama, obtemos uma pequena diferença com relação ao diagrama para o modelo SIR, uma vez que as transições entre S e I e entre S e R são obtidas da mesma maneira. Basta então acrescentarmos uma terceira transição, a qual indica o ingresso dos indivíduos removidos ao compartimento dos suscetíveis. Para isso, é necessário considerar um novo parâmetro referente à taxa média de perda da imunidade por parte dos indivíduos de R, o qual será descrito por γ . Com isso, o produto

γR irá denotar a proporção em que os indivíduos removidos perdem sua imunidade temporária e passam a fazer parte da população suscetível, assim como ilustrado na próxima figura.

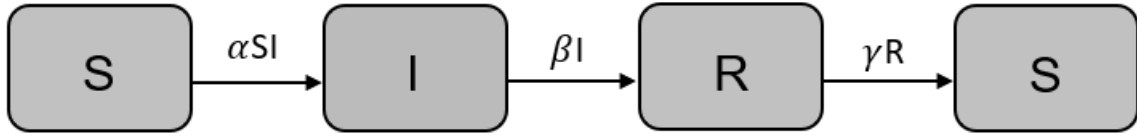


Figura 3.3: Diagrama compartimental do modelo SIRS.

Para obter o sistema de equações diferenciais que representam o modelo SIRS também necessitamos de pequenas alterações no modelo apresentado em (3.4). Na variação de suscetíveis com relação ao tempo, devemos somar ao termo $(-\alpha SI)$ o produto (γR) , que é referente à entrada de indivíduos vindos do compartimento dos removidos. Uma vez que estes indivíduos então saindo de R, devemos subtrair o mesmo termo (γR) da equação para variação de removidos em relação ao tempo. Já a variação de infectados com relação ao tempo continua igual e, então, não apresentamos mudanças nas equações de $\frac{dI}{dt}$. Logo, o conjunto de equações diferenciais apresentado a seguir descreve o modelo epidemiológico SIRS.

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

3.4 Modelo SEIS

No modelo epidemiológico SEIS as letras S, E e I representam, nesta ordem, os três compartimentos do modelo: suscetíveis, expostos e infectados. Da mesma maneira que no modelo SIRS, o S no final da sigla também se refere ao compartimento dos suscetíveis, indicando que parte da população retorna ao compartimento S.

Comparado aos modelos já apresentados neste capítulo, a principal diferença deste modelo está na existência do compartimento E, o qual não havia sido citado até o momento. Este compartimento se refere à população exposta, ou seja, àqueles indivíduos que já estiveram em contato com o agente causador da doença em questão, mas ainda não apresentam sintomas ou não são infecciosos.

Além disso, passa a ser necessário considerarmos um novo parâmetro para representar a taxa em que os indivíduos expostos passam a ser infecciosos, que de acordo com Lima (2021), também corresponde à taxa de incubação; para isso, usaremos a letra grega ϵ . Sendo assim, a transição entre os compartimentos S e E é dada pelo produto αSI (já discutido nos modelos anteriores), a transição de E para I é pode ser representada por ϵE , indicando que os indivíduos expostos passam a ser infecciosos após o período de incubação e, por fim, a transição de I para S é modelada por βI , da mesma maneira que ocorre no modelo SIS. Estas etapas estão representadas no diagrama da Figura 3.4.

É possível representar o modelo SEIS a partir de um conjunto de equações diferenciais relacionadas à variação de suscetíveis, expostos e infectados em relação ao tempo. Na equação que representa o compartimento dos suscetíveis devemos considerar por $-\alpha SI$

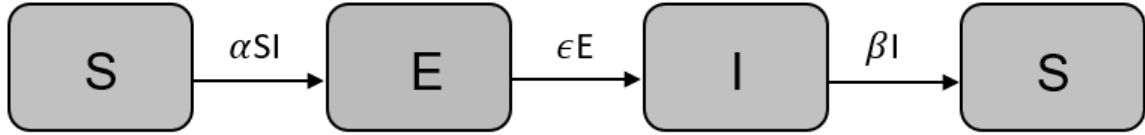


Figura 3.4: Diagrama compartimental do modelo SEIS.

os indivíduos que saem deste compartimento para ingressar no compartimento E e, além disso, acrescentar o termo βI para indicar os indivíduos que retornam a S após sair do compartimento I. Já na equação para o compartimento dos expostos devemos subtrair do termo αSI o produto ϵE , indicando os indivíduos expostos que deixam este compartimento e ingressam em I após serem infecciosos. Finalmente, na equação que representa a variação de infectados com relação ao tempo, basta subtrairmos de ϵE o termo βI , para apontar os indivíduos que sairão do compartimento I e retornarão à S. Assim, o sistema para o modelo SEIS será

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI + \beta I \\ \frac{dE}{dt} = \alpha SI - \epsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \epsilon E - \beta I. \end{cases} \quad (3.6)$$

Embora não seja tão contemplado na literatura epidemiológica como os demais modelos aqui apresentados, o modelo SEIS é útil para descrever doenças como a shigelose. Segundo Barbosa et al. (2017), ela é uma doença inflamatória do trato gastrointestinal causada por um grupo de bactérias e pode ser adquirida tanto por ingestão de água ou alimentos contaminados, como por contato pessoal. Além disso, possui um período de incubação que varia entre 12 e 48 horas e, mesmo após infectado, o indivíduo não se torna imune, sendo novamente suscetível às bactérias do gênero *Shigella*.

3.5 Modelo SEIR

Neste modelo cada letra representa um compartimento diferente, todos eles já discutidos nos modelos anteriormente apresentados. São eles: suscetíveis, expostos, infectados e recuperados. O modelo SEIR, assim como o modelo SIR, é utilizado para descrever doenças em que os indivíduos adquirem imunidade permanente após recuperados, como é o caso do sarampo, uma doença viral extremamente contagiosa que é transmitida diretamente de pessoa para pessoa, mas não gera novamente os sintomas em um indivíduo que já teve a doença e está em contato com infectados.

A principal diferença entre este modelo e o SIR está justamente na existência de um compartimento para os indivíduos que estão no período de incubação, ou seja, que já estiveram em contato com um agente infeccioso. Além disso, "as implicações diretas ao considerar um período de latência da doença, é que a doença irá demorar mais tempo para se disseminar entre a população" (LIMA, 2021, p.66). Assim, a escolha em utilizar este modelo ou o SIR depende dos objetivos da análise realizada. Apesar do compartimento dos expostos considerar indivíduos em período de incubação e período latente, é importante ressaltar a diferença entre estes dois termos. Segundo Tavares (2017), o período de incubação de uma doença é o tempo entre a infecção e a aparência visível de sintomas, enquanto o período de latência corresponde ao tempo que um indivíduo infectado leva para infectar alguém por contágio.

Ao representarmos este modelo em diagrama devemos fazer as mesmas considerações do modelo SIR, mas levar em conta que a transição será de S para E e, logo na sequência de E para I, etapa esta que não está presente no SIR. Logo, ele será da seguinte maneira:

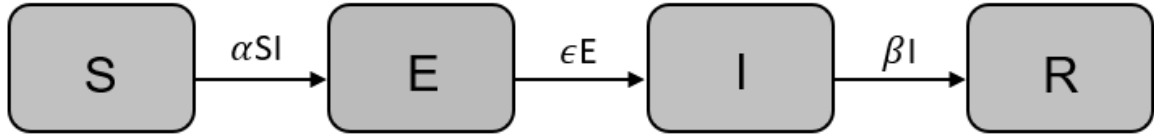


Figura 3.5: Diagrama compartimental do modelo SEIR.

Como o conjunto de equações diferenciais que formam o modelo SEIR não é muito diferente, pois se partirmos do modelo SIR, como apresentado em (3.4), observamos que as equações de variação de suscetíveis em relação ao tempo e de recuperados em relação ao tempo continuam iguais. Deste modo, devemos descrever a variação de expostos com relação ao tempo adicionando o termo αSI para representar os indivíduos vindo de S e subtrair o termo ϵE para indicar os indivíduos expostos que se tornarão infecciosos e passarão ao compartimento I. Estes, por sua vez, estão representados na equação de variação dos infectados com relação ao tempo, junto com o termo βI que está sendo subtraído para indicar a saída dos indivíduos que passarão a ser recuperados. Portanto, o modelo SEIR será descrito pelo conjunto de equações diferenciais

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI \\ \frac{dE}{dt} = \alpha SI - \epsilon E \\ \frac{dI}{dt} = \epsilon E - \beta I \\ \frac{dR}{dt} = \beta I \end{cases} \quad (3.7)$$

Neste capítulo foram apresentadas noções gerais sobre alguns modelos epidemiológicos e tipos de doenças que podem ser representadas por eles. Contudo, é necessário ressaltarmos que existem outros modelos epidemiológicos e inclusive que alguns deles surgem por adaptações nos modelos aqui mencionados. Por exemplo, modelos que incluem subdivisões de alguns compartimentos, modelos que consideram dinâmica vital (nascimentos e mortes em diferentes compartimentos), ou também os que consideram medidas de prevenção da doença, como campanhas de vacinação. Além disso, todos os modelos aqui citados são do tipo determinístico, mas também existem os modelos estocásticos, que levam em consideração a aleatoriedade dos dados coletados na contagem de uma população e, com isso, podem oferecer resultados mais próximos da realidade. (Ver Alencar Júnior (2021), Alvarenga (2008) e Borges, Lima e Sampaio (2020)).

4 O Modelo SIR

Conforme foi visto no capítulo anterior, existem vários modelos matemáticos em Epidemiologia. Neste capítulo abordaremos de maneira mais detalhada um dos mais conhecidos e utilizados: o modelo SIR. Serão apresentados o modelo SIR simples, o modelo SIR com dinâmica vital e população constante e, por fim, o modelo SIR com dinâmica vital e população variável. Para cada um deles discutiremos as equações que os representam, seus pontos de equilíbrio, estabilidade e planos de fase. Os gráficos aqui apresentados foram gerados no software Scilab, por meio de um programa que resolve numericamente os sistemas de equações, utilizando o método de Runge-Kutta de 4a ordem com passo fixo.

4.1 Modelo SIR simples (sem dinâmica vital)

O modelo conhecido como *modelo SIR simples* é aquele em que não se considera dinâmica vital, conforme foi apresentado no capítulo anterior e ilustramos novamente na Figura (4.1).



Figura 4.1: Diagrama compartimental do modelo SIR.

Nele, os três compartimentos (S, I e R) são variáveis que dependem do tempo (t), ou seja, o total de indivíduos de cada uma delas é alterado com o passar do tempo. No entanto, independente desta alteração, a população total (N) nunca varia, o que possibilita escrevermos a seguinte equação

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

Conforme visto anteriormente, o contato entre indivíduos suscetíveis e infectados leva à transmissão da doença, o que automaticamente faz com que indivíduos saiam do compartimento S para ingressar no compartimento I. Esta saída de S indica que o total da população nesse compartimento irá decrescer ao longo do tempo. Matematicamente, podemos descrever esta variação como

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI. \quad (4.1)$$

Enquanto isso, o compartimento I receberá novos indivíduos, o que fará com que esta população tenha um aumento temporário, descrito por (αSI) . Após determinado tempo, os indivíduos desse compartimento se recuperam da doença e também deixam de transmiti-la, o que pode ser descrito pelo produto entre o número I de infectados e a taxa de recuperação β , ou seja, a recuperação é proporcional ao número de infectados. Deste modo, a equação que modela o compartimento de infectados e descreve a entrada e saída destes indivíduos é dada por:

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I. \quad (4.2)$$

Por sua vez, o produto mencionado, é o que descreve o compartimento R dos removidos. Logo, a variação dos indivíduos recuperados em relação ao tempo é:

$$\frac{dR}{dt} = \beta I. \quad (4.3)$$

Considerando então as equações (4.1), (4.2) e (4.3), temos um sistema de equações diferenciais não lineares que descreve o modelo SIR simples:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \\ \frac{dR}{dt} = \beta I \end{cases} \quad (4.4)$$

em que $\alpha, \beta > 0$ e as condições iniciais são

$$I(0) = I_0; \quad S(0) = S_0 = N - I_0; \quad R(0) = 0.$$

Observe que se somarmos as três equações do sistema (4.4), obtemos a variação da população total (N) com relação ao tempo, que neste modelo é dada por $\frac{dN}{dt} = 0$, ou seja, indica que a população total é constante.

Vale ressaltar que esse modelo, além de ser não linear, também é classificado como determinístico, no qual "um conjunto de estados da variável é unicamente determinado pelos parâmetros do modelo e do estado inicial das variáveis"(FARIAS, 2017, p.16).

Como $\frac{dS}{dt}$ e $\frac{dI}{dt}$ dependem apenas de S e de I, por simplicidade, usaremos o sistema na forma

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I \end{cases}$$

e assim, R pode ser obtido fazendo $R = N - S - I$.

Na Figura (4.2) a seguir apresentamos uma simulação para esse modelo considerando $S(0) = \frac{5}{6}$, $I(0) = \frac{1}{6}$, $R(0) = 0$ e os parâmetros $\alpha = 0,1$ e $\beta = 0,3$.

Note que o gráfico de $S(t)$ é uma curva estritamente decrescente, pois $\frac{dS}{dt} < 0$ para quaisquer valores de S e I . Ele ilustra a saída de indivíduos do compartimento S conforme foi apresentado anteriormente, ou seja, a diminuição da população suscetível, a qual, neste modelo, não volta a crescer, já que N é constante e não consideramos nascimentos. Já o gráfico $I(t)$ é crescente se $S < \frac{\beta}{\alpha}$ e decrescente se $S > \frac{\beta}{\alpha}$ o que representa, respectivamente, a entrada de indivíduos suscetíveis na classe I e, em seguida, a saída da população que se recuperou. Por sua vez, a classe R receberá aqueles que não são mais infectados e seu gráfico será sempre crescente, visto que $\frac{dR}{dt} > 0$ e não consideramos saídas por mortes.

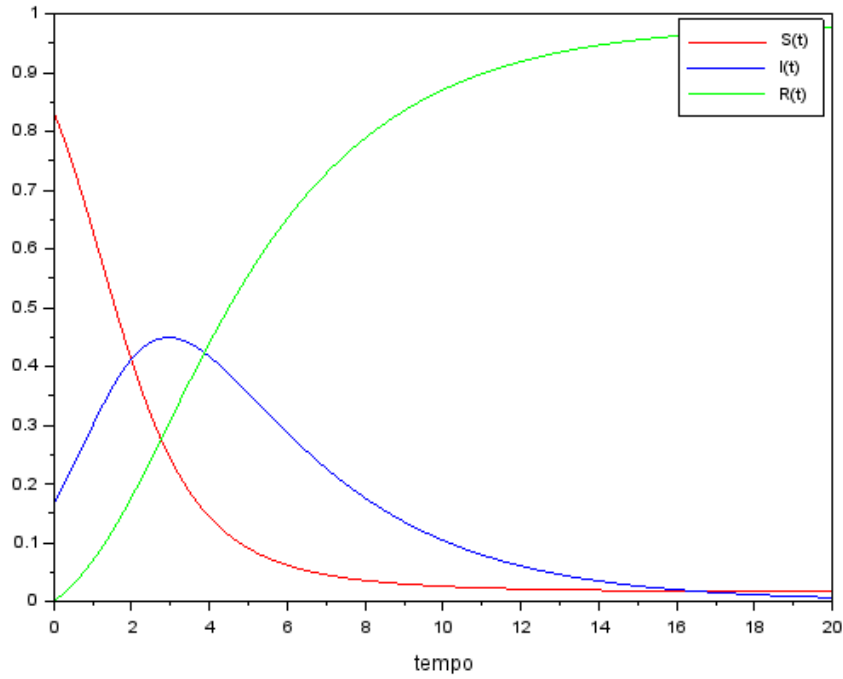


Figura 4.2: Gráficos de $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$: modelo SIR simples.

4.1.1 Plano de Fase

Um modo de analisar sistemas de equações não lineares é utilizando uma solução gráfica, como por exemplo, o plano de fase, que consiste em um plano de coordenadas no qual os eixos são as variáveis de estado do sistema. Nesta seção apresentaremos o plano de fase SI para o modelo SIR simples (sistema 4.4), a fim de aprimorar o estudo apresentado até aqui sobre as equações deste modelo.

Observe que as equações $\frac{dS}{dt}$ e $\frac{dI}{dt}$ deste modelo dependem apenas de S e de I . Então, podemos escrever

$$\frac{dI}{dS} = \frac{-\alpha SI - \beta I}{\alpha SI} = -1 + \frac{\beta}{\alpha S} \quad (4.5)$$

Daí, segue que

$$\begin{aligned} dI &= \left(-1 + \frac{\beta}{\alpha S}\right) dS \Rightarrow \int dI = \int \left(-1 + \frac{\beta}{\alpha S}\right) dS \Rightarrow \\ I &= -S + \frac{\beta}{\alpha} \ln S + k. \end{aligned} \quad (4.6)$$

Agora, utilizando as condições iniciais, temos:

$$I_0 = -N + I_0 + \frac{\beta}{\alpha} \ln S_0 + k \Rightarrow k = N - \frac{\beta}{\alpha} \ln S_0$$

e, substituindo k na equação (4.6):

$$I = -S + \frac{\beta}{\alpha} \ln S + N - \frac{\beta}{\alpha} \ln S_0 \Rightarrow I = N - S + \frac{\beta}{\alpha} (\ln S - \ln S_0).$$

Assim, temos

$$I = N - S + \frac{\beta}{\alpha} \ln \frac{S}{S_0}. \quad (4.7)$$

De (4.5) vem que:

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dS} > 0 \text{ se } \frac{\beta}{\alpha S} > 1 &\Leftrightarrow S < \frac{\beta}{\alpha} \\ \frac{dI}{dS} < 0 \text{ se } \frac{\beta}{\alpha S} < 1 &\Leftrightarrow S > \frac{\beta}{\alpha}. \end{aligned}$$

Logo, I é uma função crescente se $S < \frac{\beta}{\alpha}$ e é decrescente se $S > \frac{\beta}{\alpha}$. Isto está ilustrado na Figura 4.3 e pode ser melhor compreendido se observarmos o comportamento da curva antes e depois da linha tracejada, a qual representa o momento em que $S = \frac{\beta}{\alpha}$.

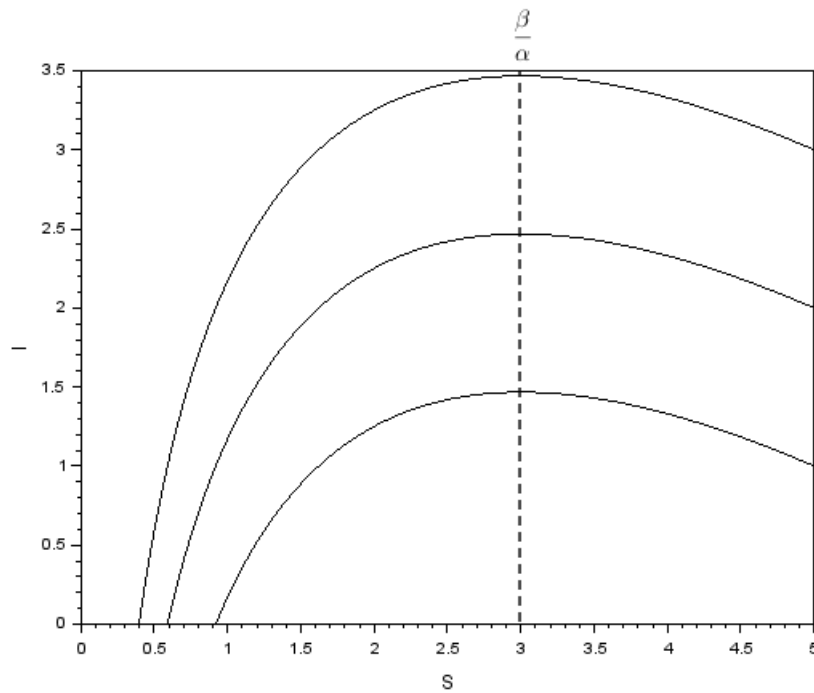


Figura 4.3: Plano de Fase SI para o modelo SIR simples.

Os parâmetros utilizados foram $\alpha = 0,1$ e $\beta = 0,3$. Conforme foi observado por Bassanezi (1988), é possível compreender que quanto maior for a taxa de remoção com relação à taxa de infecção $\frac{\beta}{\alpha}$, mais rápido a epidemia chegará ao fim.

Da equação (4.7) observamos que

$$\lim_{S \rightarrow 0^+} I(S) = -\infty \quad (4.8)$$

pois

$$\lim_{S \rightarrow 0^+} \ln \frac{S}{S_0} = -\infty. \quad (4.9)$$

Além disso, temos

$$I(S_0) = N_0 - S_0 + \frac{\beta}{\alpha} \ln \frac{S_0}{S_0} = I_0 > 0. \quad (4.10)$$

Como $I(S)$ é contínua, decrescente, de (4.8) e (4.10) podemos afirmar que existe um único valor $S^* \in (0, S_0)$ tal que $I(S^*) = 0$. Além disso, para $S \in (S^*, S_0)$ temos $I(S) > 0$. Como no sistema (4.4) as equações se anulam para $I = 0$ então temos que $(S^*, 0)$ é ponto de equilíbrio, que é assintoticamente estável pois $\lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t)) = (S^*, 0)$.

Assim, da equação (4.5) temos que, para que se estabeleça uma epidemia, $\frac{dI}{dS}(S_0) < 0$, ou seja,

$$-1 + \frac{\beta}{\alpha S_0} < 0,$$

isto é, $R_0 = \frac{S_0 \alpha}{\beta} > 1$. O número R_0 é chamado Valor de Reprodutibilidade Basal.

De modo análogo é possível obter e analisar outros planos para esse modelo, como por exemplo, $\frac{dS}{dR}$, $\frac{dR}{dI}$ etc. No entanto, no presente trabalho optou-se por apresentar apenas o plano SI e a solução analítica $\frac{dI}{dS}$, visto que com etapas semelhantes podemos encontrar demais soluções caso seja necessário.

4.2 Modelo SIR com dinâmica vital e população constante

O modelo SIR com dinâmica vital é aquele que considera nascimentos e mortes. Discutiremos primeiramente o modelo que possui população constante (N), ou seja, onde supomos que o número de nascimentos é igual ao número de mortes. Podemos apresentar um diagrama que é semelhante ao diagrama para o modelo SIR simples, uma vez que as letras S, I e R possuem os mesmos significados e os termos αSI e βI indicam, nesta ordem, a transição entre os compartimentos S e I e, I e R.

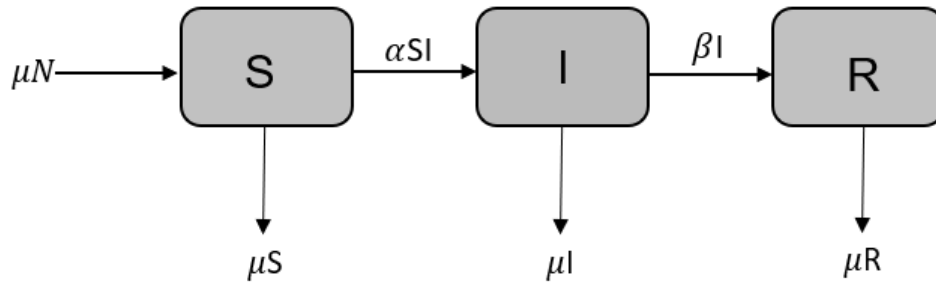


Figura 4.4: Diagrama compartimental do modelo SIR com dinâmica vital.

O que diferencia o diagrama da Figura (4.4) do diagrama do modelo SIR simples são as setas de entrada e saída de indivíduos, que representam os nascimentos e mortes, indicados pelo termo μ , que é a taxa de natalidade/mortalidade.

É importante ressaltar que, neste caso, consideramos todos os nascimentos como parte da população suscetível. Além disso, as mortes podem ser ocasionadas por outros fatores que não sejam a doença retratada pelo modelo, o que explica as setas verticais em todos os compartimentos (até mesmo nos indivíduos suscetíveis ou já recuperados).

Neste modelo é fundamental lembrarmos da taxa de nascimentos/mortes que definimos por μ . Além disso, apesar de considerarmos nascimentos e mortes neste modelo, a população permanece constante, indicando novamente que:

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

Para representar a variação dos suscetíveis com relação ao tempo iremos considerar o produto (μN) como sendo o total de indivíduos nascidos, os quais são incluídos apenas no compartimento S. O produto (αSI) é mantido, indicando os indivíduos que saíram de S após terem contato com os infectados, mas também é necessário considerarmos a saída (μS) , que expressa a quantidade de pessoas que vieram a falecer por outros motivos distintos da doença em questão. Deste modo, a equação que descreve esta variação é dada por

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \alpha SI - \mu S. \quad (4.11)$$

No caso da variação dos infectados com relação ao tempo devemos incluir a taxa de mortalidade, isto é, subtraímos da equação (4.2) o total de indivíduos que vieram a falecer pela doença em questão ou outro motivo. Este termo é dado por (μI) e, assim, temos

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I - \mu I. \quad (4.12)$$

De modo análogo, se retiramos da população R aqueles indivíduos que faleceram, os quais são dados por (μR) , temos a equação da variação dos recuperados em função do tempo

$$\frac{dR}{dt} = \beta I - \mu R. \quad (4.13)$$

Assim, reunindo as equações (4.11), (4.12) e (4.13), teremos o sistema não linear que descreve o modelo SIR com dinâmica vital

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \alpha SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \mu I - \beta I \\ \frac{dR}{dt} = \beta I - \mu R, \end{cases} \quad (4.14)$$

que tem como condições iniciais: $S(0) = S_0$, $I(0) = N - S_0$ e $R(0) = 0$.

Note que, assim como no modelo SIR simples, ao somarmos as três equações de (4.14), a variação da população total (N) com relação ao tempo é

$$\frac{dN}{dt} = \mu N - \mu S - \mu I - \mu R \Rightarrow \frac{dN}{dt} = \mu N - \mu N = 0,$$

indicando novamente que a população é constante.

4.2.1 Pontos de equilíbrio e estabilidade

Vamos obter os pontos de equilíbrio do sistema (4.14) igualando suas equações a zero. Observe que as três equações dependem de I, então, de $\frac{dI}{dt} = 0$, temos

$$\alpha SI - \mu I - \beta I = 0 \Rightarrow I(\alpha S - \mu - \beta) = 0.$$

Assim, $I = 0$ ou $S = \frac{\beta + \mu}{\alpha}$.

- Para $I = 0$ temos

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu N - \mu S = 0 \Rightarrow S = N \\ \frac{dR}{dt} &= -\mu R = 0 \Rightarrow R = 0.\end{aligned}$$

Assim, o primeiro ponto de equilíbrio será

$$P_1 = (N, 0, 0),$$

que ocorre na ausência da doença, ou seja, representa um ponto de equilíbrio trivial.

- Para $S = \frac{\beta + \mu}{\alpha}$ temos

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \alpha I \left(\frac{\beta + \mu}{\alpha} \right) - \mu \left(\frac{\beta + \mu}{\alpha} \right) = 0 \Rightarrow I = \mu \left(N - \frac{\beta + \mu}{\alpha} \right) \left(\frac{1}{\beta + \mu} \right)$$

$$\text{ou seja, } I = \frac{\mu N}{\beta + \mu} - \frac{\mu}{\alpha}.$$

$$\frac{dR}{dt} = \beta \left(\frac{\mu N}{\beta + \mu} - \frac{\mu}{\alpha} \right) - \mu R = 0 \Rightarrow R = \frac{\beta N}{\beta + \mu} - \frac{\beta}{\alpha}$$

Assim, o segundo ponto de equilíbrio será

$$P_2 = \left(\frac{\beta + \mu}{\alpha}, \frac{\mu N}{\beta + \mu} - \frac{\mu}{\alpha}, \frac{\beta N}{\beta + \mu} - \frac{\beta}{\alpha} \right),$$

o qual é chamado de *ponto de equilíbrio endêmico*, que é quando a doença existe, mas a população infectada está em equilíbrio. Segundo Marquesone (2020, p.6), "essas coordenadas serão os pontos de convergência, para onde a solução do sistema irá convergir, de acordo com as condições iniciais e valores dos parâmetros".

De maneira intuitiva podemos interpretar que se a variação dos infectados com relação ao tempo for positiva, o compartimento dos infectados está aumentando, ou seja, a doença se espalha. Assim,

$$\frac{dI}{dt} > 0 \Rightarrow \alpha IS - \mu I - \beta I > 0 \Rightarrow \alpha IS - (\mu + \beta)I > 0 \Rightarrow \alpha N > (\mu + \beta) \Rightarrow \frac{\alpha N}{\mu + \beta} > 1,$$

ou seja,

- se $\frac{\alpha N}{\mu + \beta} < 1$, então P_1 é estável e P_2 é instável;
- se $\frac{\alpha N}{\mu + \beta} > 1$, então P_1 é instável e P_2 é estável.

Assim, definindo $R_0 = \frac{\alpha N}{\mu + \beta}$, temos que se $R_0 < 1$ a doença não avança, mas para $R_0 > 1$ cada indivíduo infectado transmite a doença para mais de uma pessoa, fazendo com que ela se espalhe e avance. Com isso, temos que R_0 é um fator decisivo para classificar os pontos de equilíbrio como estáveis ou instáveis. De forma resumida ocorrerá o seguinte:

	Biologicamente	Matematicamente
$R_0 < 1$	a doença não avança	P_1 estável e P_2 instável
$R_0 > 1$	a doença avança	P_1 instável e P_2 estável

Tabela 4.1: Síntese das situações possíveis, de acordo com valores de R_0 .

Fonte: adaptado de Marquesone(2020).

Uma simulação desse modelo é apresentada nas Figuras (4.5), (4.6) e (4.7). Os parâmetros utilizados para obter estes gráficos foram $\mu = 0,004$, $\alpha = 0,1$ e $\beta = 0,14$. Já as condições iniciais foram dadas como porcentagens, de modo que $S(0) = 0,85$, $I(0) = 0,15$ e $R(0) = 0$ e, conseqüentemente, $N = 1$. Os resultados obtidos estão de acordo com o que está apresentado em Almeida (2014).

Note que o gráfico de $S(t)$ é inicialmente decrescente, mas volta a crescer a partir de t próximo a 30. Isso ilustra a saída de indivíduos do compartimento S e também os nascimentos, já que neste modelo consideramos dinâmica vital. Enquanto isso, os gráficos de $I(t)$ e $R(t)$ decrescem, indicando que a população desses compartimentos será nula com o passar do tempo, ou seja, $N = S$, conforme o ponto P_1 . Como nesse caso $R_0 < 1$, a solução tende ao equilíbrio P_1 . Devido à escolha das condições iniciais optamos por plotar os gráficos de $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ separadamente, para não comprometer a visualização por conta da escala diferente no eixo y .

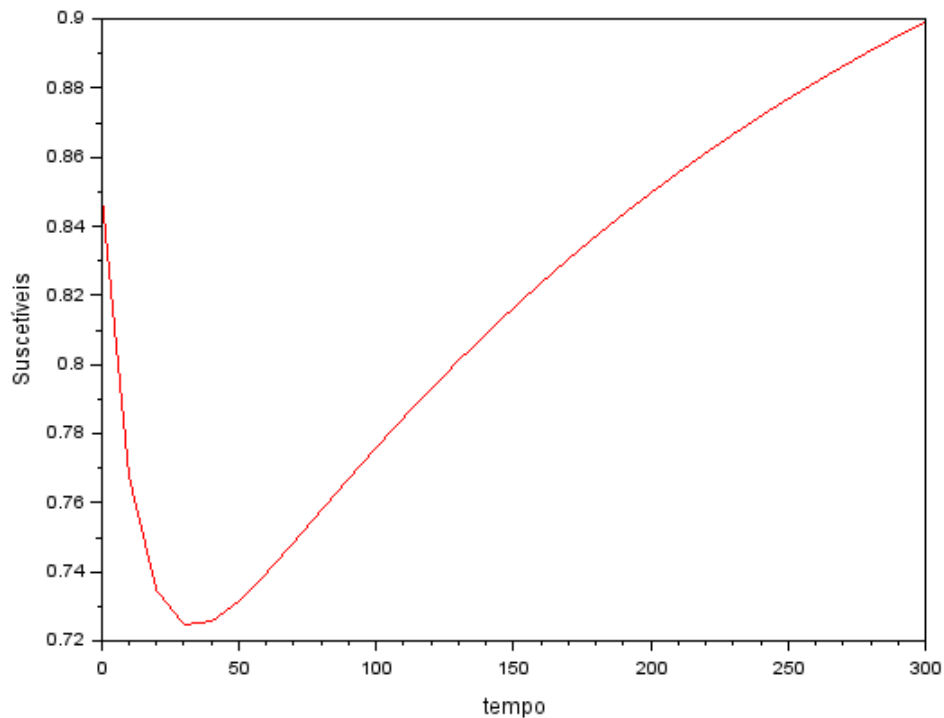


Figura 4.5: Gráfico $S(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população constante.

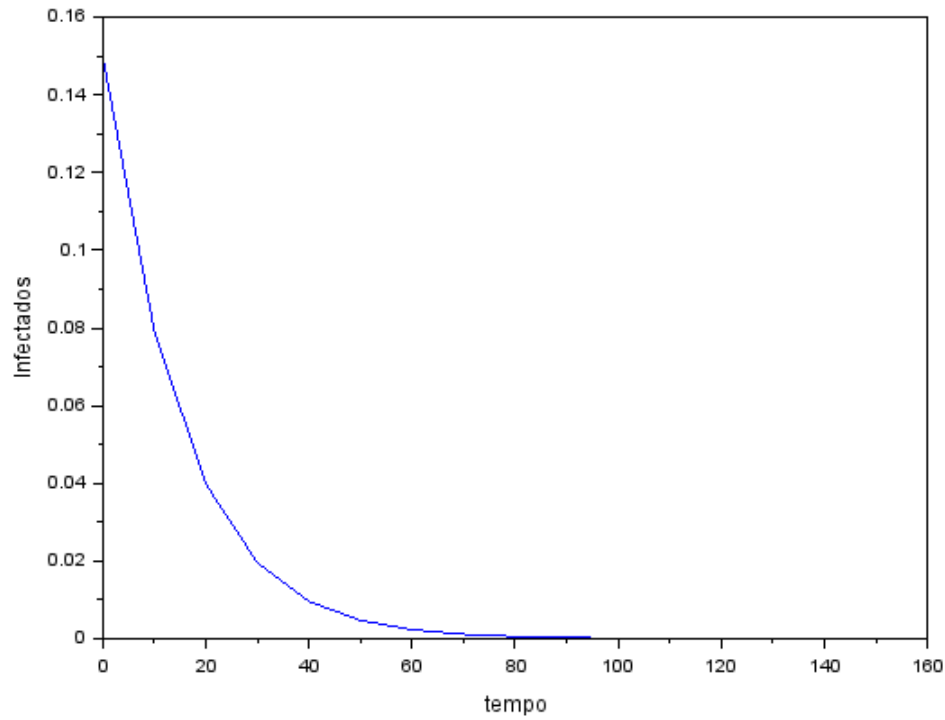


Figura 4.6: Gráfico $I(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população constante.

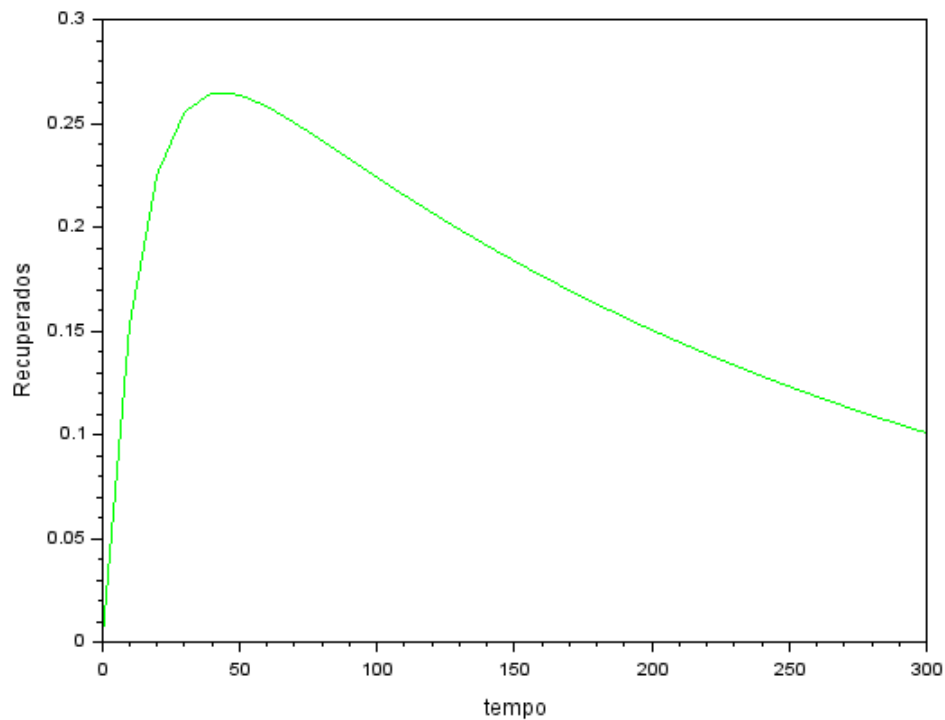


Figura 4.7: Gráfico $R(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população constante.

4.2.2 Plano de Fase

Segundo Marquesone (2020), o sistema (4.14) não apresenta uma solução analítica conhecida (como foi o caso do modelo simples) pelo fato de se considerar nascimentos e mortes. Sendo assim, a análise aqui apresentada será por plano de fase, novamente o

plano SI, que está representado na imagem a seguir:

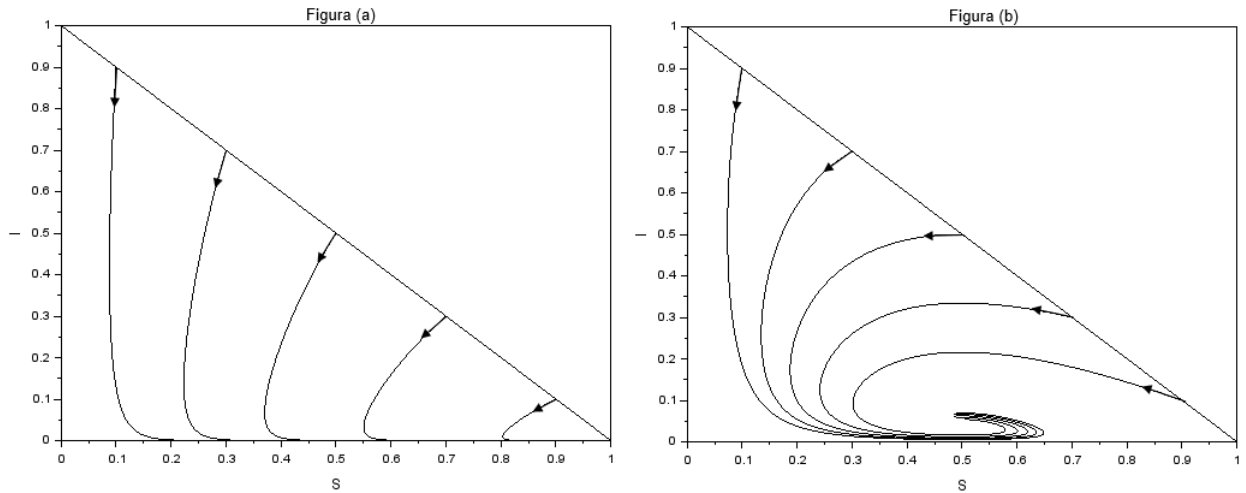


Figura 4.8: Planos de Fase SI para o modelo SIR com dinâmica vital e população constante.

Para a Figura (a) os parâmetros utilizados foram: $\alpha = 0,1$, $\beta = 0,14$ e $\mu = 0,004$, para os quais $R_0 = 0,68$ (mesmos valores usados para as Figuras 4.5, 4.6 e 4.7). Já na Figura (b), utilizamos $\alpha = 0,1$, $\beta = 0,046$ e $\mu = 0,004$, de modo que $R_0 = 2$.

O plano SI nas imagens (a) e (b) acima está delimitado por uma região triangular Δ definida por:

$$\Delta = \{(S, I) | S \geq 0, I \geq 0, S + I \leq 1\},$$

que é um invariante positivo, de modo que as soluções existem em Δ para todo $t \geq 0$.

De acordo com Hethcote (2000), as soluções para esse modelo são analisadas por meio do número básico de reprodutibilidade da doença (R_0), o mesmo que apresentamos nesta seção. Este autor propõe o seguinte teorema:

Teorema 4.1. *Seja $(S(t), I(t)) \subset \Delta$ solução do sistema formado pelas equações (4.11) e (4.12) normalizadas. Se $R_0 \leq 1$ ou $I(0) = 0$, as trajetórias das soluções que iniciarem em Δ atingirão a situação de erradicação da doença $S = 1$ e $I = 0$. Se $R_0 > 1$, as trajetórias das soluções com $I(0) > 0$ atingirão um equilíbrio endêmico dado por $S = \frac{1}{R_0}$ e $I = \frac{\mu(R_0 - 1)}{\beta}$.*

Este teorema explica o que está ilustrado na Figura (4.8): Se $R_0 \leq 1$, o número de infectados tende a zero e, assim, a população se torna livre da doença, o que está representado na imagem (a); já para $R_0 > 1$, o número de infectados tende ao equilíbrio endêmico (P_2), conforme vemos na imagem (b).

4.3 Modelo SIR com dinâmica vital e população variável

O modelo SIR com dinâmica vital e população variável é aquele que considera nascimentos e mortes, mas não na mesma proporção como no modelo (4.14), o que indica que a população não é constante, podendo nascer mais pessoas do que morrer e vice-versa.

Por este motivo, vamos diferenciar a taxa de renovação da população (η) da taxa de mortalidade (μ) e considerar que todos os nascimentos serão de indivíduos sadios, os quais serão acrescentados somente no compartimento (S), conforme indicado por Silva (2022). Esta situação está ilustrada no diagrama da figura a seguir.

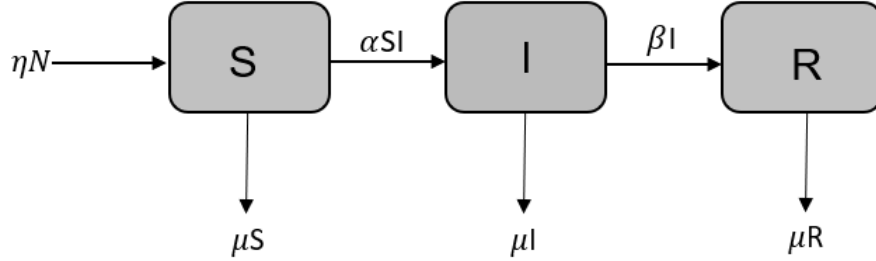


Figura 4.9: Diagrama compartimental do modelo SIR com dinâmica vital e população variável.

Para descrever a variação dos suscetíveis com relação ao tempo é necessário considerarmos a entrada dos indivíduos sadios (indicada por ηN), a saída dos indivíduos que estiveram em contato com os infectados (αSI) (deixando de serem suscetíveis) e outra saída, referente aos que faleceram por motivos diversos (μS), que não a doença analisada. Matematicamente, esta situação é representada por

$$\frac{dS}{dt} = \eta N - \alpha SI - \mu S. \quad (4.15)$$

Já a variação dos infectados com relação ao tempo é dada pelo ingresso dos novos infectados (αSI), ou seja, aqueles indivíduos que saíram do compartimento S . Também ocorre a saída dos indivíduos que se recuperam (βI) e vão para o compartimento (R) e a saída da população que foi a óbito (μI). Assim, temos

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I - \mu I. \quad (4.16)$$

Por sua vez, a variação dos recuperados em relação ao tempo é composta dos indivíduos recuperados (βI) que saíram do compartimento dos infectados e pela população que veio a falecer por outros motivos, representada conforme a equação

$$\frac{dR}{dt} = \beta I - \mu R. \quad (4.17)$$

Reunindo então as equações (4.15), (4.16) e (4.17), obtemos o sistema de equações diferenciais que representa o modelo SIR com dinâmica vital e população variável:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \eta N - \alpha SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \beta I - \mu R \end{cases} \quad (4.18)$$

A população total N é dada pela soma da população de cada compartimento, ou seja, $S + I + R = N$. Deste modo, no sistema (4.18), ao somarmos as equações, obtemos a variação da população total em relação ao tempo, isto é,

$$\frac{dN}{dt} = \eta N - \mu N = (\eta - \mu)N \quad (4.19)$$

e, assim, resolvendo a equação (4.19), obtemos que $N(t) = N_0 e^{(\eta-\mu)t} \neq 0$, em que $N_0 = S(0) + I(0) = S_0 + I_0$ e $R(0) = 0$.

4.3.1 Pontos de equilíbrio e estabilidade

Para obter os pontos de equilíbrio do sistema (4.18) vamos analisar $\frac{dI}{dt} = 0$, pois assim como no modelo (4.14), as três equações dependem da variável (I).

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} = 0 &\Leftrightarrow \alpha SI - \mu I - \beta I = 0 \Leftrightarrow I(\alpha S - \mu - \beta) = 0 \Leftrightarrow I = 0 \text{ ou } S = \frac{\beta + \mu}{\alpha} \\ \frac{dR}{dt} = 0 &\Leftrightarrow \beta I - \mu R = 0 \Leftrightarrow R = \frac{\beta}{\mu} I \\ \frac{dS}{dt} = 0 &\Leftrightarrow \mu N - \alpha SI - \mu S = 0 \end{aligned} \quad (4.20)$$

- Se $I = 0 \Rightarrow R=0$:

Susbtituindo em (4.20), temos:

$$\eta(S) - \alpha S0 - \mu S = 0 \Rightarrow (\eta - \mu)S = 0$$

Note que S não pode ser nulo, pois $N = S + I + R = N_0 e^{(\eta-\mu)t}$. Além disso, estamos considerando $\eta \neq \mu$, e portanto, não existe um ponto de equilíbrio livre da doença.

- Se $S = \frac{\beta + \mu}{\alpha}$

Susbtituindo em (4.20), temos:

$$\begin{aligned} &\eta(S + I + R) - \alpha SI - \mu S = 0 \\ \Leftrightarrow &\eta\left(\frac{\beta + \mu}{\alpha}\right) + \eta(I + R) - \alpha I\left(\frac{\beta + \mu}{\alpha}\right) - \mu\left(\frac{\beta + \mu}{\alpha}\right) = 0 \\ \Leftrightarrow &(\eta - \mu)\left(\frac{\beta + \mu}{\alpha}\right) + \eta(I + R) - I(\beta + \mu) = 0 \\ \Leftrightarrow &(\eta - \mu)\left(\frac{\beta + \mu}{\alpha}\right) + I(\eta - \beta - \mu) + \eta\frac{\beta}{\mu}I = 0 \\ \Leftrightarrow &\left[\eta - \beta - \mu + \frac{\eta\beta}{\mu}\right]I = (\mu - \eta)\left(\frac{\beta + \mu}{\alpha}\right) \\ \Leftrightarrow &I = \frac{(\mu - \eta)}{\alpha}(\beta + \mu)\frac{\mu}{\mu(\eta - \beta - \mu) + \eta\beta} \\ \Leftrightarrow &I = \frac{(\mu - \eta)}{\alpha}(\beta + \mu)\frac{1}{\eta - \beta - \mu + \frac{\eta\beta}{\mu}} \\ \Leftrightarrow &I = \left(\frac{\mu - \eta}{\alpha}\right)(\beta + \mu)\frac{1}{(\eta - \mu) + \beta\left(\frac{\eta}{\mu} - 1\right)} \end{aligned}$$

Desse modo, se $\eta > \mu \Rightarrow I < 0$ e se $\eta < \mu \Rightarrow I < 0$, indicando que não existe ponto de equilíbrio, o que significa que a população infectada irá tender a zero (mas nunca será nula) ou que irá crescer descontroladamente a partir de um instante.

Acompanhe uma simulação para este modelo nas Figuras (4.10), (4.11) e (4.12) a seguir. Os parâmetros utilizados para gerar cada uma delas foram $\alpha = 0,1$, $\beta = 0,04$, $\mu = 0,01$ e $\eta = 0,02$. Já as condições iniciais foram: $S = 0,3$, $I = 0,1$ e $R = 0$ e, assim como no modelo SIR com dinâmica vital e população constante, optamos por plotar cada uma das imagens separadamente com o objetivo de não comprometer a visualização, devido às diferentes escalas do eixo dos infectados nas três figuras.

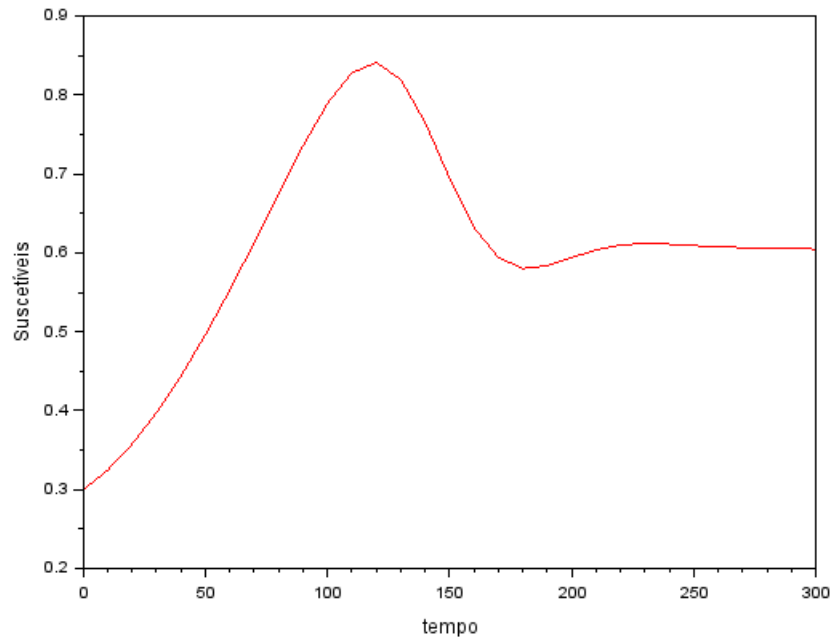


Figura 4.10: Gráfico $S(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população variável.

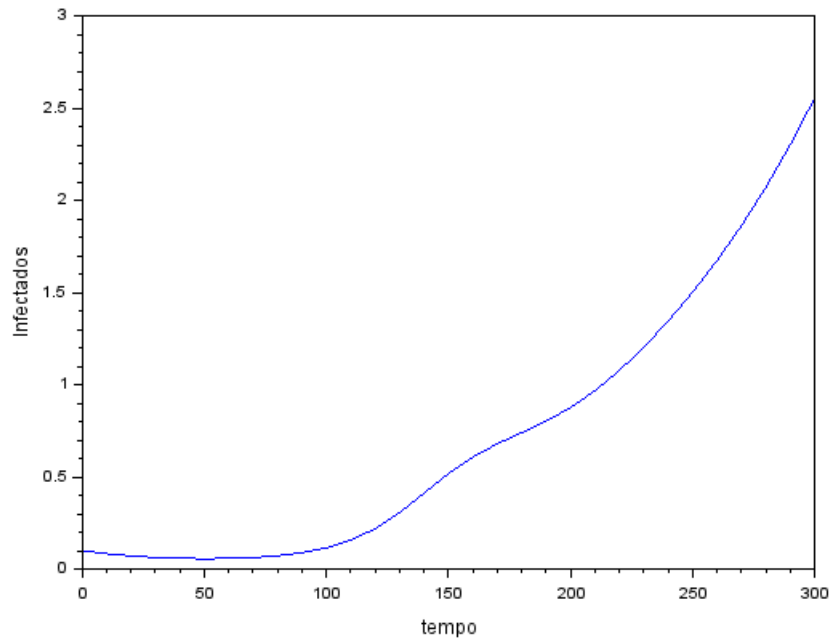


Figura 4.11: Gráfico $I(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população variável.

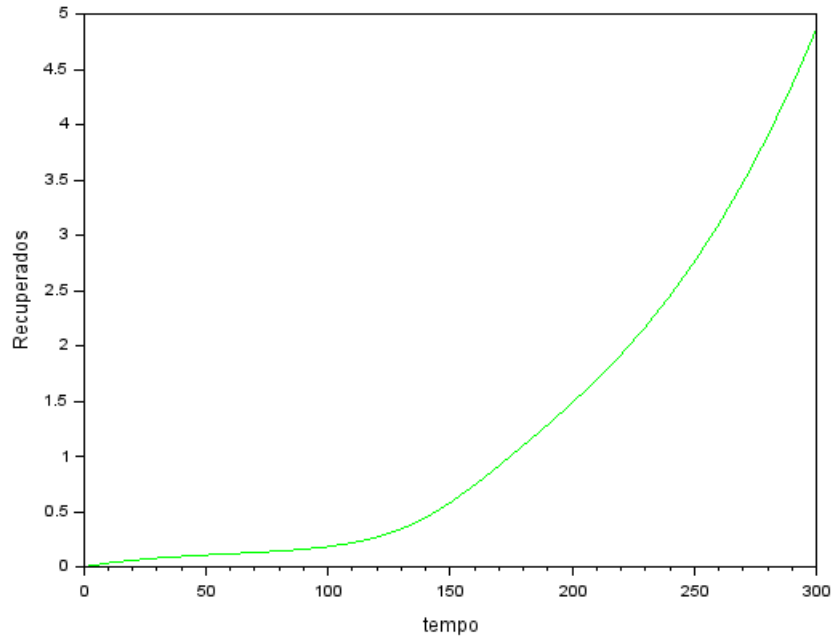


Figura 4.12: Gráfico $R(t)$: modelo SIR com dinâmica vital e população variável.

4.3.2 Plano de Fase

Assim como nos modelos (4.4) e (4.14), apresentaremos a seguir, o plano de fase SI para o modelo SIR com dinâmica vital e população variável (4.18).

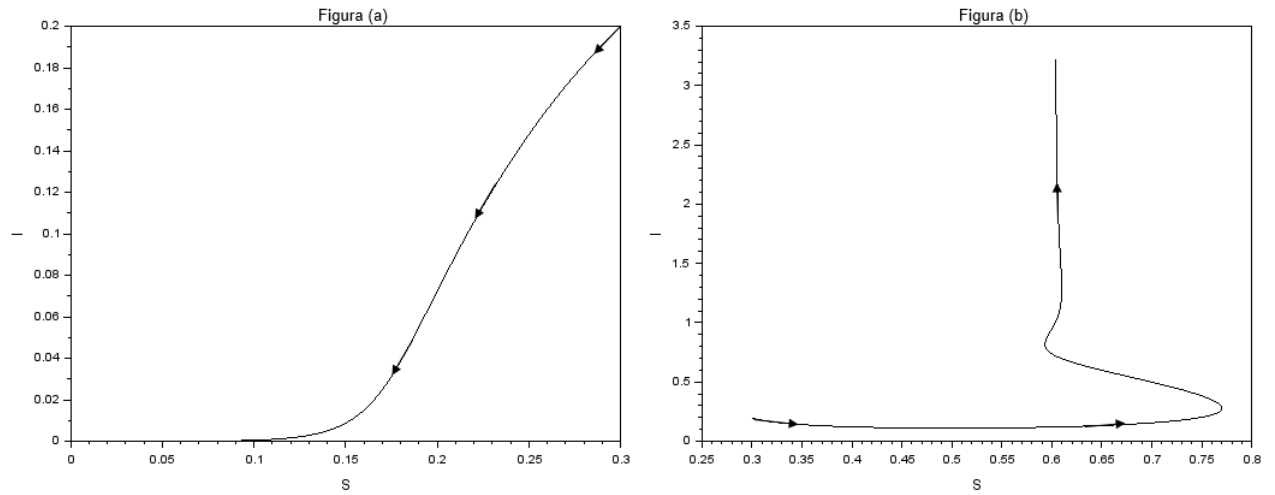


Figura 4.13: Planos de Fase SI para o modelo SIR com dinâmica vital e população variável

Na Figura (a) observamos o caso em que a taxa de nascimentos η é menor do que a taxa de mortalidade μ e, neste caso, os parâmetros foram: $\alpha = 0,1$, $\beta = 0,04$, $\mu = 0,02$ e $\eta = 0,01$. Já na Figura (b), mantivemos os valores de α e β e trocamos os valores de μ e η , de modo que $\mu = 0,01$ e $\eta = 0,02$ (mesmos valores usados para as Figuras 4.10, 4.11 e 4.12). Tanto na figura (a) como na figura (b) as condições iniciais foram: $S = 0,3$, $I = 0,2$ e $R = 0$.

Observe que a Figura (a) representa a situação em que a população infectada tende a zero e que a Figura (b) ilustra o caso em que essa mesma população pode crescer

descontroladamente, como foi comentado na seção dos pontos de equilíbrio. Além disso, note que neste modelo, mesmo tomando valores de α , β e μ iguais aos utilizados para gerar as Figuras (4.5), (4.6) e (4.7), obtemos gráficos diferentes, pois aqui consideramos o parâmetro η que indica a taxa de nascimentos no compartimento dos suscetíveis, a qual é o dobro da taxa de mortalidade μ . O parâmetro η faz com que a população total N não seja constante, isto é, ao tomarmos instantes t diferentes, a população total N será diferente, o que não acontece no modelo (4.14), no qual o valor da população total se mantém mesmo se tomarmos instantes diferentes.

Apresentamos nesse capítulo o modelo SIR simples e algumas de suas variações. É importante notar como a inclusão da dinâmica vital altera consideravelmente o comportamento do modelo, considerando a população constante ou não. No capítulo seguinte apresentaremos uma outra variação do modelo SIR.

5 O modelo SIR com taxa de infecção não constante

Neste capítulo apresentaremos uma variação do modelo SIR, proposta por Baez-Sanchez e Bobko (2020), onde uma análise das soluções de equilíbrio é realizada. Além disso, serão apresentados os resultados obtidos após modificação nos parâmetros deste mesmo modelo, bem como os seus planos de fase e significado epidemiológico gerado após cada modificação.

5.1 O modelo proposto

O modelo SIR com dinâmica vital e população total constante, considerado por Baez-Sanchez e Bobko (2020), é dado por

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu - \beta SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R, \end{cases} \quad (5.1)$$

onde $S(0) + I(0) + R(0) = N = 1$.

Observe que este modelo é o modelo SIR com dinâmica vital e população constante que apresentamos em (4.14), mas nesse caso os autores utilizaram os parâmetros μ , β e γ para representar as taxas de nascimentos/mortes, transmissão e recuperação, respectivamente.

Realizando uma mudança de variáveis

$$\tau = t\mu; \quad B = \frac{\beta}{\mu}; \quad C = \frac{\gamma}{\mu}; \quad k = 1 + C \quad e \quad R_0 = \frac{\beta}{\mu + \gamma} = \frac{B}{1 + C} = \frac{B}{k},$$

onde B, C, k e R_0 são todos números reais positivos, R_0 representa o número básico de reprodutibilidade da doença e $k > 1$, o modelo é apresentado na sua forma adimensional, de modo que S, I e R variem de acordo com a variável τ :

$$\begin{cases} \frac{dS}{d\tau} = 1 - kR_0SI - S \\ \frac{dI}{d\tau} = kR_0SI - kI \\ \frac{dR}{d\tau} = (k - 1)I - R \end{cases} \quad (5.2)$$

com $S(0) + I(0) + R(0) = 1$.

Os autores apresentam um estudo sobre a estabilidade das soluções de equilíbrio considerando que a taxa de infecção varia em função da população R . Partindo de (5.2), no qual no qual $f(R) = kR_0$ eles propuseram o seguinte modelo SIR, considerando $f = f(R)$.

$$\begin{cases} \frac{dS}{d\tau} = 1 - f(R)SI - S \\ \frac{dI}{d\tau} = f(R)SI - kI \\ \frac{dR}{d\tau} = (k-1)I - R \end{cases} \quad (5.3)$$

A função f é uma função positiva de R , que generaliza a taxa de infecção β e matém $S(0) + I(0) + R(0) = 1$. Ela pode ser interpretada como uma quantificação do efeito que estratégias de controle produzem na taxa de infecção, dependendo do tamanho da população R .

O objetivo principal é analisar o modelo (5.3) quanto às condições de estabilidade e multiestabilidade de suas soluções de equilíbrio. Em Baez-Sanchez e Bobko (2020), é mostrado que $S(t) + I(t) + R(t) = 1$ para todo $t \geq 0$ e que o modelo (5.3) não possui solução periódica. Como $S + I + R = 1$, substituindo $S = 1 - I - R$, o modelo (5.3) será analisado numa versão simplificada, que é dada por

$$\begin{cases} \frac{dI}{d\tau} = I[f(R)(1 - I - R) - k] \\ \frac{dR}{d\tau} = (k-1)I - R. \end{cases} \quad (5.4)$$

A primeira solução de equilíbrio analisada é $(I^*, R^*) = (0, 0)$, a qual corresponde a um estado livre da doença. O Lema a seguir generaliza um resultado relevante a respeito da estabilidade deste ponto no modelo SIR, considerando $\frac{f(0)}{k}$ como o número básico de reprodução da doença (R_0).

Lema 5.1 Seja f uma função positiva, continuamente diferenciável em $\mathbb{R}$. Se $\frac{f(0)}{k} < 1$, então $(0, 0)$ é um ponto de equilíbrio localmente estável de (5.4). Se $\frac{f(0)}{k} > 1$, então $(0, 0)$ é um ponto de sela local.

Demonstração: Este resultado decorre diretamente da matriz Jacobiana associada ao sistema (5.4)

$$J(I, R) = \begin{pmatrix} f(R)(1 - I - R) - k - If(R) & I[\frac{df}{dR}(1 - I - R) - f(R)] \\ (k-1) & -1 \end{pmatrix},$$

uma vez que, $J(0, 0) = \begin{pmatrix} f(0) - k & 0 \\ k-1 & -1 \end{pmatrix}$ tem autovalores iguais a -1 e $f(0) - k$. $\square$

Considerando a possibilidade de um equilíbrio endêmico (I^*, R^*) , temos que I^* deve ser maior do que zero. Para isso acontecer, qualquer ponto de equilíbrio endêmico em (5.4) deve satisfazer as seguintes equações:

$$f(R^*)(1 - I^* - R^*) - k = 0 \quad \text{ou} \quad (k-1)I^* - R^* = 0, \quad (5.5)$$

que podem ser reescritas em função de R^* como

$$f(R^*) = \frac{k-1}{\frac{k-1}{k} - R^*} \quad \text{e} \quad I^* = \frac{1}{k-1} R^* \quad (5.6)$$

Então, definindo uma função auxiliar g dada por

$$g(R) = \frac{k-1}{\frac{k-1}{k} - R}, \quad (5.7)$$

é possível observar que para que existam pontos de equilíbrio endêmico, é necessário que as funções f e g se interceptem, visto que resolvendo $f = g$ encontramos R^* e, com isso, encontramos I^* pela equação dada em (5.6). Esse resultado está apresentado no teorema a seguir.

Teorema(5.1) Seja f uma função positiva, diferenciável em $[0, 1]$ e g definida como em (5.7). Um ponto (I^*, R^*) é um equilíbrio endêmico de (5.4) se, e somente se, $R^* \in (0, \frac{k-1}{k})$, $I^* \in (0, \frac{1}{k})$, $I^* = \frac{1}{k-1}R^*$ e $f(R^*) = g(R^*)$.

Demonstração: Os resultados são decorrentes da equivalência entre as equações (5.5) e (5.6), do fato de $g(R)$ ser positiva somente se $R < \frac{k-1}{k}$ e de que $R^* \in (0, \frac{k-1}{k})$ se, e somente se, $I^* = \frac{1}{k-1}R^* \in (0, \frac{1}{k})$, pois $k > 1$. $\square$

Enquanto este teorema estabelece condições para verificar a existência dos pontos de equilíbrio endêmico a partir das funções f e g , o teorema apresentado a seguir garante que é possível utilizar uma relação entre as derivadas de f e g para classificar a estabilidade local do equilíbrio endêmico. Antes de apresentá-lo, vale ressaltar que: $R \neq \frac{k-1}{k}$ e que g satisfaz $\frac{dg}{dR} = \frac{1}{k-1}g^2(R)$.

Teorema(5.2) Seja f uma função positiva, diferenciável em $[0, 1]$; g definida como em (5.7) e (I^*, R^*) um ponto de equilíbrio endêmico de (5.4). Se

$$\frac{df}{dR}(R^*) < \frac{dg}{dR}(R^*) \quad (\text{ou } < \frac{1}{k-1}g^2(R^*) \quad \text{ou } < \frac{1}{k-1}f^2(R^*)) \quad (5.8)$$

então, (I^*, R^*) é um ponto de equilíbrio localmente estável. Se

$$\frac{df}{dR}(R^*) > \frac{dg}{dR}(R^*) \quad (\text{ou } > \frac{1}{k-1}g^2(R^*) \quad \text{ou } > \frac{1}{k-1}f^2(R^*)) \quad (5.9)$$

então (I^*, R^*) é um ponto de sela local.

Demonstração: consultar Baez-Sanchez e Bobko (2020).

O exemplo a seguir ilustra uma situação com múltiplos pontos de equilíbrio endêmico estáveis e instáveis.

Exemplo: Seja n um número inteiro positivo fixo, $R_i^* = i(\frac{k-1}{k})\frac{1}{2n}$, para $i = 0, 1, 2, \dots, 2n-1$ e $g(R) = \frac{k-1}{k} - R$. Seja f uma função positiva e diferenciável em $[0, 1]$, tal que $f(0) < k$ e $f(R) = g(R) - \sin(2n\pi\frac{k}{k-1}R)$ para $R \in [R_1^*, R_{2n-1}^*]$. Note que

$$f(R_i^*) = g(R_i^*) - \sin(i\pi) = g(R_i^*).$$

Então, o teorema (5.1) implica que, neste caso, o modelo (5.4) tem pelo menos $2n$ pontos de equilíbrio, os quais são dados por $(R_i^*, \frac{1}{k-1}R_i^*)$. Além disso,

$$\frac{df}{dR}(R_i^*) = \frac{dg}{dR}(R_i^*) - \frac{2nk\pi}{k-1}\cos(i\pi).$$

Desta equação vem que, para $i = 2, 4, 6, \dots, 2n-2$, temos que $\frac{df}{dR}(R_i^*) = \frac{dg}{dR}(R_i^*) - \frac{2nk\pi}{k-1} < \frac{dg}{dR}(R_i^*)$ e, pelo teorema (5.2), esses $(n-1)$ pontos de equilíbrio são localmente estáveis.

Por outro lado, se $i = 1, 3, 5, \dots, 2n - 1$, temos que $\frac{df}{dR}(R_i^*) = \frac{dg}{dR}(R_i^*) + \frac{2nk\pi}{k-1} > \frac{dg}{dR}(R_i^*)$, que ainda pelo teorema (5.2), implica que esses n equilíbrios são pontos de sela localmente instáveis.

Calculando $f(0)$, obtemos $f(0) = k - 1$, ou seja, $f(0) < k$. Deste modo, o lema (5.1) garante a estabilidade local do ponto de equilíbrio $(0, 0)$. Esta alternância entre pontos de sela estáveis e instáveis está ilustrada na Figura (5.1).

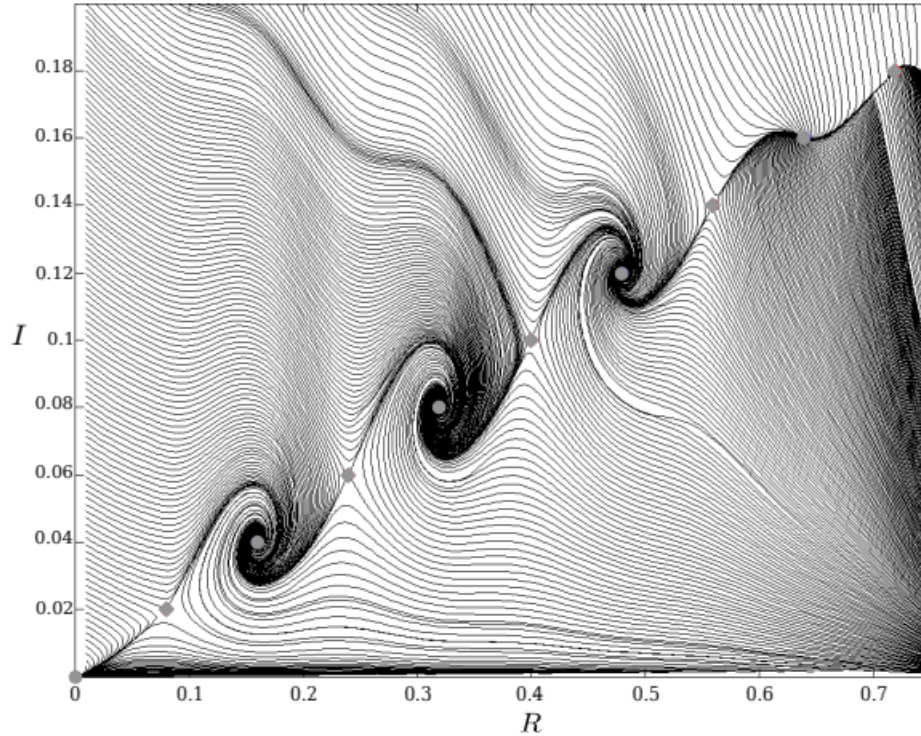


Figura 5.1: Plano de fase parcial $R \times I$ para (5.3).

Fonte: (BAEZ-SÁNCHEZ e BOBKO, 2020, p.10)

A Figura 5.1 foi elaborada através do *software Scilab*, foram utilizados $n = 5$ e $k = 5$, concordando com a Figura apresentada pelos autores. Os marcadores em formato de losango correspondem aos pontos de equilíbrio de sela e os marcadores circulares aos pontos de equilíbrio localmente estáveis. Note que neste exemplo o número de reprodução da variável generalizada $\frac{f(R)}{k}$ pode atingir alguns valores inferiores a 0 e, assim, o equilíbrio livre da doença coexiste com vários pontos de equilíbrio endêmicos localmente estáveis.

5.2 Modelo com parâmetros variando

Nesta seção serão apresentados os gráficos do plano de fase $R \times I$ do exemplo anterior após modificações no parâmetro k . Também será discutido brevemente o que ocorre com as soluções de equilíbrio após estas alterações.

As primeiras alterações feitas foram aumentando em um décimo o parâmetro k , isto é, na Figura (5.1) tínhamos que $k = 5$, então para gerar as três imagens da figura a seguir, aumentamos k em um décimo a partir de seu valor na imagem anterior. Já o valor de n foi mantido, pois segundo o teorema (5.1), este parâmetro alteraria a quantidade de pontos de equilíbrio no modelo e, a princípio, nos interessa analisar o que ocorre com os pontos de equilíbrio do exemplo proposto após variação de k .

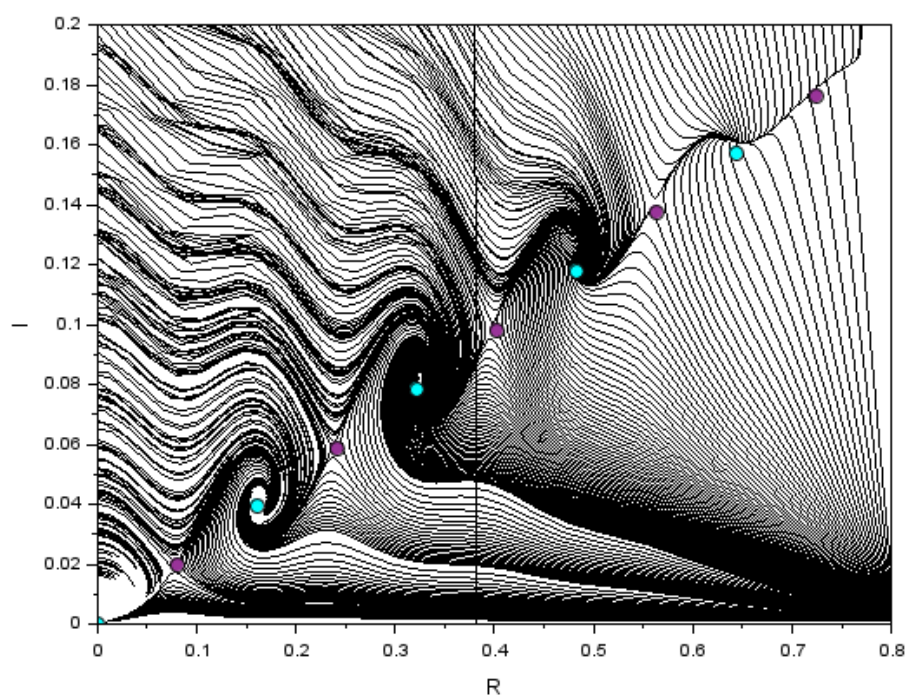


Figura 5.2: Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 5, 1$.

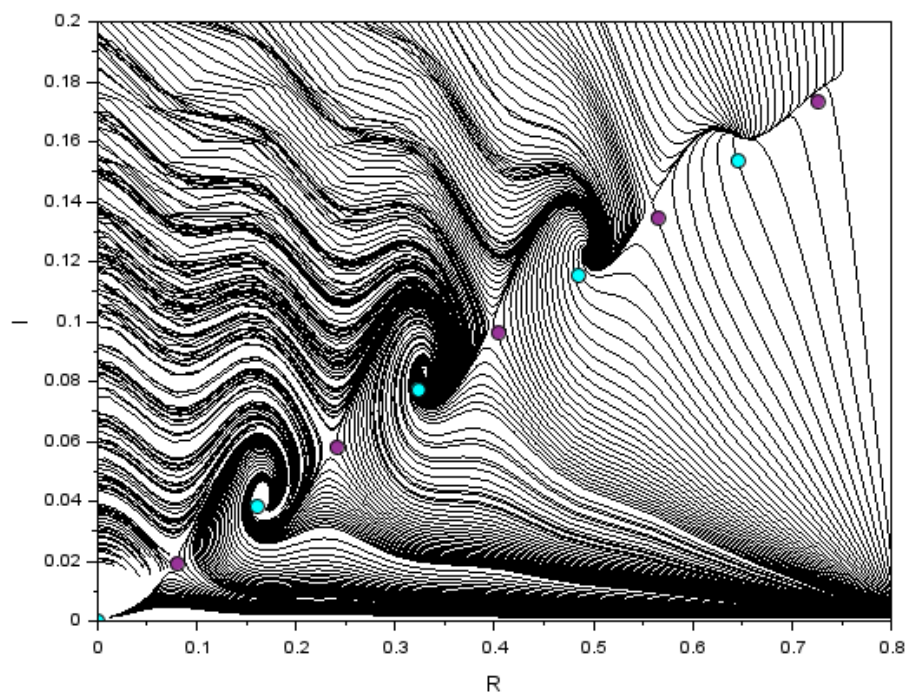


Figura 5.3: Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 5, 2$.

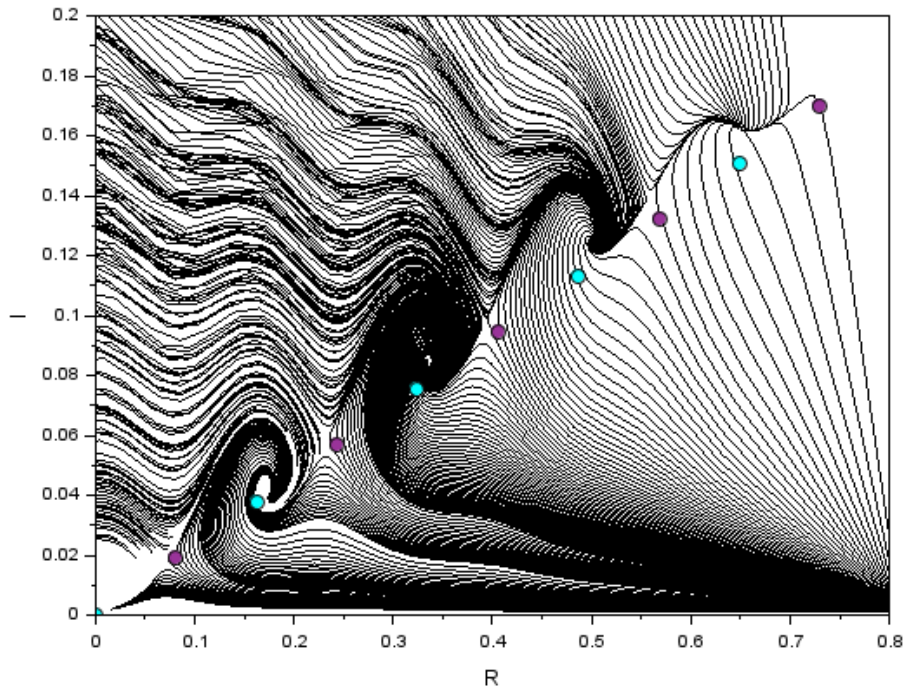


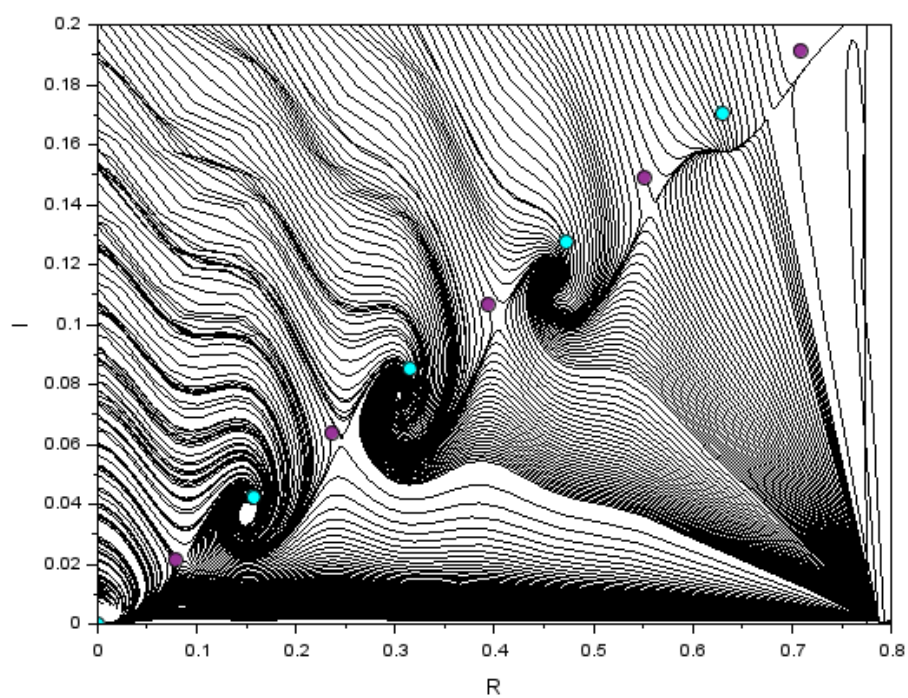
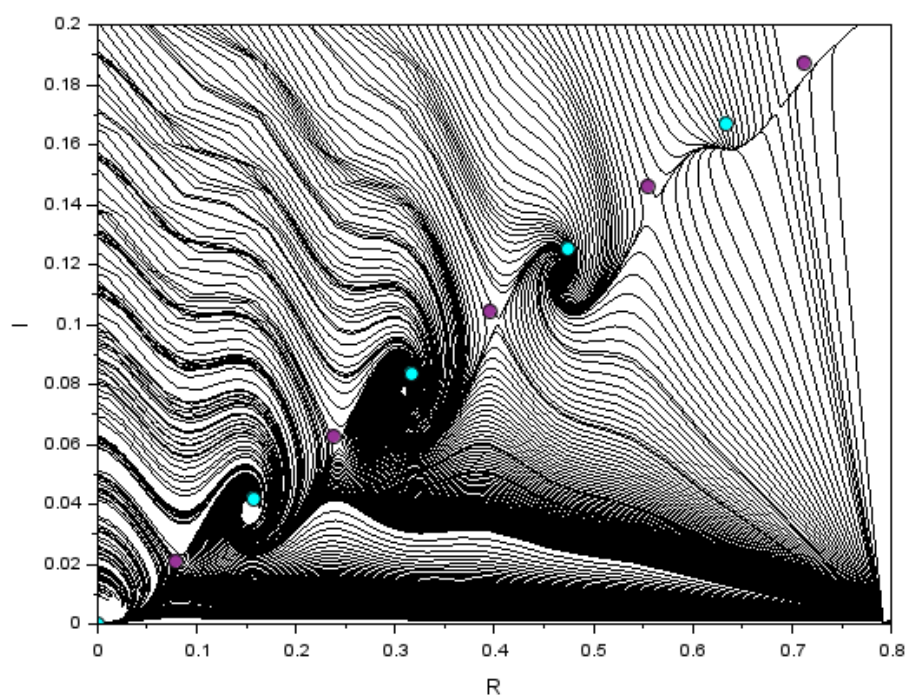
Figura 5.4: Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 5, 3$.

Nas Figuras (5.2), (5.3) e (5.4) foram utilizados marcadores azuis para representar os pontos de equilíbrio localmente estáveis e marcadores roxos para os pontos de equilíbrio de sela. A partir da imagem do plano de fase podemos observar que os pontos de equilíbrio localmente estáveis (azuis) são, possivelmente, os atratores do sistema, isto é, um conjunto de valores para o qual o sistema converge de acordo com a variedade de condições iniciais. De modo geral, estas imagens ilustram que a população vai se infectar sucessivas vezes (quando o sistema converge para os pontos azuis) e também se recuperar sucessivas vezes (quando o sistema converge para os pontos roxos).

Pela equação de I^* em (5.6) vemos que as soluções de equilíbrio estão sobre uma reta, cujo coeficiente angular é dado por $\frac{1}{k-1}$. Com isso, no exemplo proposto por Baez-Sanchez e Bobko (2020), como $n = k = 5$, o coeficiente angular desta reta é igual a 0,25. De modo análogo, encontramos que os coeficientes angulares das retas das Figuras (5.2), (5.3) e (5.4), são respectivamente 0,244, 0,238 e 0,233.

É possível perceber que conforme aumentamos o valor de k , o coeficiente angular da reta que contém os pontos de equilíbrio diminui, fazendo com que os pontos atratores não tenham a mesma característica apresentada na Figura (5.1), na qual um grande número de curvas converge para os mesmos pontos (os localmente estáveis). Esta situação é ainda mais notável nos pontos de abscissas menores, onde existe um grande número de condições iniciais gerando soluções ao redor destes pontos. De maneira simples, a cada vez que aumentamos o valor de k para números maiores do que 5, as soluções de equilíbrio se deslocavam destas regiões do gráfico, passando a ter ordenadas cada vez menores e se distanciando do ponto de convergência das curvas.

Na sequência foram feitas alterações diminuindo o valor de k , sendo ele 4,7, 4,8 e 4,9, conforme apresentado na imagem a seguir:

Figura 5.5: Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 4, 9$.Figura 5.6: Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 4, 8$.

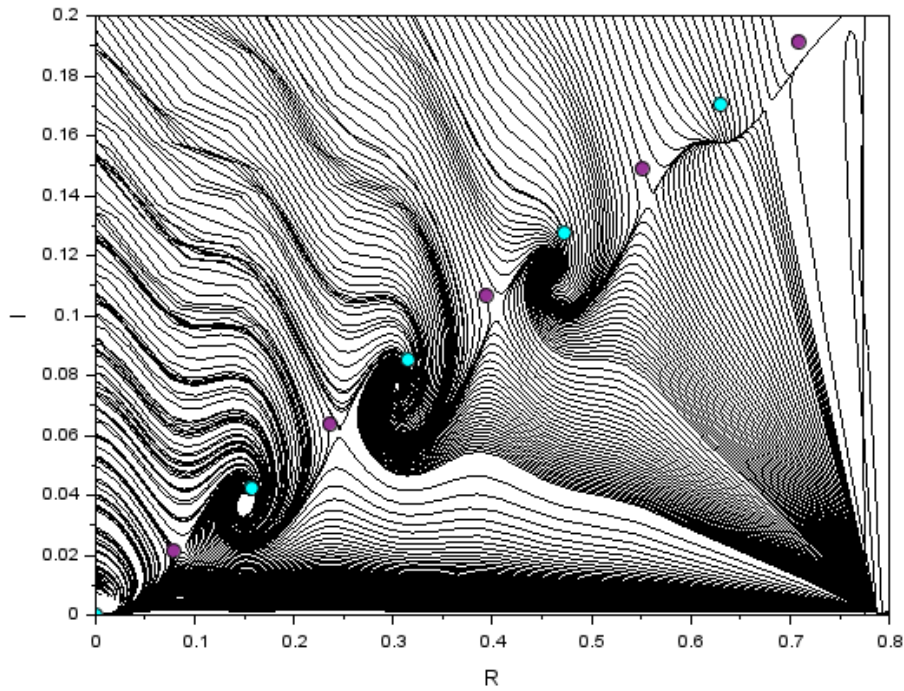


Figura 5.7: Plano de fase parcial $R \times I$ com $k = 4, 7$.

Nas Figuras (5.5), (5.6) e (5.7) foram utilizados marcadores azuis para representar os pontos de equilíbrio localmente estáveis e marcadores roxos para os pontos de equilíbrio de sela. Do mesmo modo que nas Figuras (5.2), (5.3) e (5.4), conforme o parâmetro k aumenta, os valores do coeficiente angular das imagens das Figuras (5.5), (5.6) e (5.7) diminuem, uma vez que são, 0,27, 0,263 e 0,256 respectivamente. Logo, quanto menor o valor de k , sendo $k < 5$, maiores serão as ordenadas de cada ponto e elas também se distanciarão dos pontos de convergência das curvas.

Com isso, é possível concluir que quanto maior a abscissa dos pontos atratores (azuis), melhor é a situação epidemiológica, pois o número de recuperados será maior. Ao mesmo tempo, quanto maior for a ordenada dos pontos atratores, pior é a situação epidemiológica, já que o número de infectados será maior. Sendo assim, o melhor seria aproximar os pontos atratores da abscissa, ou seja, diminuir o coeficiente angular da reta que os contém, pois assim obteremos um número menor de infectados. Para isso acontecer, é necessário que k seja o maior possível.

Considerações Finais

Inicialmente foram apresentados nessa dissertação alguns conceitos e resultados importantes sobre os sistemas de equações diferenciais lineares, sendo a principal finalidade do capítulo 2, analisar os diferentes tipos de soluções com base nos autovalores destes sistemas e apresentar exemplos destas soluções, incluindo os planos de fase de cada um. Estes conceitos foram necessários para realizar as análises de estabilidade dos pontos de equilíbrio nos capítulos seguintes e, por este motivos, foram apresentados no primeiro capítulo do trabalho.

No capítulo 3 foram apresentados de forma breve cinco modelos epidemiológicos: SIS, SIR, SIRS, SEIS e SEIR, todos com população constante. Os objetivos eram introduzir as ideias sobre modelos epidemiológicos e comentar sobre alguns dos mais utilizados na literatura. Para isso, foram apresentados os compartimentos de cada um destes modelos, os parâmetros utilizados para representar a transição da população entre cada compartimento e o conjunto de equações que os descrevem.

Já o capítulo 4 aborda o principal objetivo desta dissertação: uma análise do modelo SIR. Para isso, foram discutidos de maneira mais ampla, três variações do modelo SIR (que já havia sido mencionado no capítulo anterior), sendo elas: o modelo SIR simples (sem dinâmica vital), o modelo SIR com dinâmica vital e população constante e o modelo SIR com dinâmica vital e população variável. Para cada um destes modelos discutimos como encontrar o conjunto de equações diferenciais que formam o sistema que os descrevem, bem como os seus diagramas compartimentais e os gráficos que representam o comportamento da população de cada compartimento em função do tempo. Além disso, foram calculados os pontos de equilíbrio destes modelos e feita a análise de estabilidade de cada um, os quais foram representados em planos de fase SI .

Por fim, no capítulo 5 retomamos as discussões apresentadas no artigo "On Equilibrium Stability in an Epidemiological SIR Model with Recovery-dependent Infection Rate", o qual apresenta uma variação do modelo SIR com dinâmica vital e população constante, considerando situações em que a taxa de infecção varia em função da população do compartimento R. A partir dos resultados obtidos pelos autores desse artigo, foram reproduzidos diferentes planos de fase RI para analisar os pontos de equilíbrio após variação nos parâmetros utilizados inicialmente.

Entre as contribuições desta dissertação, podemos ressaltar duas que consideramos de maior relevância: a primeira delas é referente aos amplos resultados possíveis de serem analisados por meio de um código desenvolvido, o que possibilitou gerar dados e gráficos que podem servir de auxílio para estudos posteriores nesta área. A segunda diz respeito a análise feita sobre o modelo SIR com dinâmica vital e população variável, pois apesar de representar mais fielmente o que ocorre na dinâmica epidemiológica, encontramos menos trabalhos que o abordam, se comparado aos outros dois modelos aqui discutidos.

Referências

- [1] BARROS L.C. ; BASSANEZI, R. *Tópicos de Lógica Fuzzy e Biomatemática*. [S.l.]: IMECC - UNICAMP, 2010.
- [2] MASSAD E.; ORTEGA, N. B. L. S. C. *Fuzzy Logic in Action: Applications in Epidemiology and Beyond*. [S.l.]: Springer, 2010.
- [3] EDELSTEIN-KESHET, L. *Mathematical Models in Biology*. New Orleans, United States: Society for Industrial and Applied Mathematic, 2005.
- [4] BAEZ-SÁNCHEZ A. D ; BOBKO, N. *On Equilibria Stability in an Epidemiological SIR Model with Recovery-dependent Infection Rate*. [S.l.]: Rev. TEMA, 21, N.3 - SBMAC, 2020.
- [5] BOYCE W. E. ; DIPRIMA, R. C. *Equações Diferenciais Elementares e Problemas de Valores de Contorno*. Rio de Janeiro, Brasil: Livros Técnicos e Científicos Editora Ltda, 2010.
- [6] LUIZ, R. *Modelos Matemáticos em Epidemiologia*. Rio Claro, Brasil: Dissertação - IGCE/UNESP, 2012.
- [7] KERMACK A.G. ; MCKENDRICK, W. *A contribution to the mathematical theory of epidemics*. [S.l.]: Royal Society, 1927.
- [8] LIMA, J. P. O. *Sistemas Complexos aplicado a modelos epidemiológicos*. Brasília, Brasil: Artigo - IF/UnB, 2021.
- [9] BARBOSA, T. e. a. *Shigella SP: um problema de saúde pública*. [S.l.]: Rev. Higiene Alimentar, 31, N.264/265, 2017.
- [10] TAVARES, J. N. *Modelo SIR em Epidemiologia*. Porto, Portugal: Rev. Ciência Elem., V5(02):020 - CMUP/Universidade do Porto, 2017.
- [11] JÚNIOR, A. M. R. A. *Dinâmica de modelos epidemiológicos*. Fortaleza, Brasil: Monografia/UFC, 2021.
- [12] ALVARENGA, R. *Modelagem de Epidemias Através de Modelos Baseados em Indivíduos*. Belo Horizonte, Brasil: Monografia - UFMG, 2008.
- [13] BORGES B. ; LIMA, R. . S. R. *Análise Estocástica de propagação de doenças epidemiológicas*. Rio de Janeiro, Brasil: ANAIS/X ERMAC-RS, 2020.

-
- [14] FARIAS, A. V. *Um estudo da modelagem epidemiológica SIR usando conceitos de derivadas de ordem inteira e fracionária*. Rio Grande do Sul, Brasil: Monografia - IMEF/FURG, 2017.
- [15] MARQUESONE, E. *A Matemática nos Modelos do Tipo SIR*. Cornélio Procópio, Brasil: Dissertação - Jeepema, 2020.
- [16] BASSANEZI W.C.F. JÚNIOR, R. *Equações Diferenciais com Aplicações*. São Paulo, Brasil: HARBRA ltda, 1988.
- [17] ALMEIDA, P. *Modelos Epidêmicos SIR, Contínuos e Discretos, e Estratégias de Vacinação*. Viçosa, Brasil: Dissertação - UFV, 2014.
- [18] HETHCOTE, H. W. *The mathematics of infectious diseases*. [S.l.]: SIAM review, SIAM, v. 42, n. 4, 2000.
- [19] SILVA, M. *Análise Matemática de Modelos Epidemiológicos: SIR E SIS*. [S.l.]: Monografia - UFPB, 2022.