

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS NATURAIS E EXATAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MATEMÁTICA

Luiza Santos Morin

MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EM TEMPO DISCRETO

Santa Maria, RS
2022

Luiza Santos Morin

MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EM TEMPO DISCRETO

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Matemática, Área de Concentração em Biomatemática, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Matemática**.

ORIENTADOR: Prof. Luiz Alberto Díaz Rodrigues

Santa Maria, RS
2022

Morin, Luiza Santos
MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EM TEMPO DISCRETO / Luiza
Santos Morin.- 2022.
48 p.; 30 cm

Orientador: Luiz Alberto Díaz Rodrigues
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa
Maria, Centro de Ciências Naturais e Exatas, Programa de
Pós-Graduação em Matemática, RS, 2022

1. Epidemiologia 2. modelos matemáticos discretos 3.
endemia I. Díaz Rodrigues, Luiz Alberto II. Título.

Sistema de geração automática de ficha catalográfica da UFSM. Dados fornecidos pelo autor(a). Sob supervisão da Direção da Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca Central. Bibliotecária responsável Paula Schoenfeldt Patta CRB 10/1728.

Declaro, LUIZA SANTOS MORIN, para os devidos fins e sob as penas da lei, que a pesquisa constante neste trabalho de conclusão de curso (Dissertação) foi por mim elaborada e que as informações necessárias objeto de consulta em literatura e outras fontes estão devidamente referenciadas. Declaro, ainda, que este trabalho ou parte dele não foi apresentado anteriormente para obtenção de qualquer outro grau acadêmico, estando ciente de que a inveracidade da presente declaração poderá resultar na anulação da titulação pela Universidade, entre outras consequências legais.

Luiza Santos Morin

MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EM TEMPO DISCRETO

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Matemática, Área de Concentração em Biomatemática, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Matemática**.

Aprovada em 25 de agosto de 2022:



Luiz Alberto Díaz Rodrigues, Dr. (UFSM)
(Presidente/Orientador)



Diomar Cristina Mistro, Dra. (UFSM)



Joice Chaves Marques, Dra. (FURG)

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela vida e pelas oportunidades concedidas. Aos meus pais e ao meu irmão que sempre me apoiaram e acreditaram em mim.

A Universidade Federal de Santa Maria-UFSM, ao Centro de Ciências Naturais e Exatas-CCNE e ao Programa de Pós-Graduação em Matemática, por terem me proporcionado a formação de qualidade e proporcionado o avanço nos meus estudos.

A meu orientador, Luiz Alberto Díaz Rodrigues, por ter me orientado ao longo do mestrado, na escolha das disciplinas e após na elaboração dessa dissertação.

Obrigada aos professores do programa pela formação e conhecimentos ensinados ao longo do curso. Em especial a Celene Buriol, que me apoiou ao longo das disciplinas, pelas conversas e motivação ao longo da pandemia, ao professor Luiz Alberto e a professora Diomar Cristina Mistro que foram fundamentais nas disciplinas de Biomatemática que proporcionaram aporte na elaboração da dissertação.

Deixo ainda registrado meus agradecimentos às oportunidade de bolsas/empregos que tive ao longo curso que auxiliaram na minha permanência, à professora Sandra Vielmo, pela oportunidade de bolsa na secretaria da OBMEP, à Clínica de Estudo EURECA, onde tive a honra de ser professora e a Central de Tutoria do CCNE, na qual além de colegas fiz muitos amigos.

Por fim, mas não menos importante, gostaria de agradecer aos meus amigos pela compreensão e suporte. Em particular a Luciane Tonet, a Maisa Iora, a Moisés Rutkoski, a Adriana Aires, a Andressa Paola, a Luiza de Paula, aos demais amigos que estiveram comigo durante esse período, aos parceiros de truco e aos que me deram pouso ao longo desse semestre.

Muito obrigada, sem vocês, nada disso seria possível!

Não são as nossas habilidades que revelam quem realmente somos. São as nossas escolhas.

(Alvo Dumbledore)

RESUMO

MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EM TEMPO DISCRETO

AUTORA: Luiza Santos Morin

ORIENTADOR: Luiz Alberto Díaz Rodrigues

Em uma endemia, uma doença infecciosa permanece prevalente, em baixos níveis, na população. Neste trabalho, são estudados três modelos matemáticos de tempo discreto para uma doença endêmica: os modelos SIR, SIER e SEIRS. Para a análise qualitativa dos modelos são utilizadas técnicas de Sistemas Dinâmicos Discretos, através das quais se determinam as soluções de equilíbrio e sua estabilidade e o Número Reprodutivo Básico de cada modelo. Além disso, os resultados são ilustrados através de simulações numéricas. Uma comparação cuidadosa das propriedades dos modelos revela que todos eles apresentam oscilações amortecidas, à medida que o número de suscetíveis, infecciosos e recuperados se aproxima do equilíbrio endêmico. No modelo SEIR o período de latência retarda a propagação da infecção em comparação com o modelo SIR. Quando há perda de imunidade (modelo SEIRS) os níveis de infecciosos são mais altos.

Palavras-chave: Epidemiologia, modelos matemáticos discretos, endemia

ABSTRACT

EPIDEMIOLOGICAL MODELS IN DISCRETE TIME

AUTHOR: Luiza Santos Morin

ADVISOR: Luiz Alberto Díaz Rodrigues

In an endemics, an infectious disease remains prevalent, in low levels, in a population. In this work, three discrete time mathematical models for an endemic disease are studied: the SIR, the SEIR and SEIRS models. For the qualitative analysis of the models, Discrete Dynamical Systems techniques are used, through which the equilibrium solutions and their stability and the Basic Reproductive Number of each model are determined. In addition, the results are illustrated through numerical simulations. A careful comparison of the properties of the models reveals that they all exhibit damped oscillations as the number of susceptible, infectious, and recovered approaches the endemic equilibrium. In the SEIR model, the latency period slows down the spread of infection compared to the SIR model. When there is loss of immunity (SEIRS model) the levels of infectious are higher.

Keywords: Epidemiology, Discrete mathematical models, endemics

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1 – Diagrama de fluxo para o modelo SIR.	12
Figura 2.2 – Diagrama de bifurcação de \bar{S} em relação ao parâmetro β para $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$	19
Figura 2.3 – Diagrama de bifurcação de \bar{I} em relação ao parâmetro β para $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$	19
Figura 2.4 – Soluções para o Modelo SIR com $b = 0,05$ e $\gamma = 0,35$. Suscetíveis (linha preta tracejada), Infectados (linha preta contínua) e Recuperados (linha cinza). (a) $\beta = 0,7$ ($R_0 = 1,75$) e (b) $\beta = 0,2$ ($R_0 = 0,5$).	20
Figura 2.5 – Soluções para o Modelo SIR com $b = 0,05$, $\beta = 0,42$ e $\gamma = 0,35$ ($R_0 = 1,05$). Suscetíveis (linha preta tracejada), Infectados (linha preta contínua) e Recuperados (linha cinza).	20
Figura 2.6 – (a) Trajetória no plano de fase (S, I) e (b) trajetória no espaço de fase (S, I, R) para o Modelo SIR com $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\beta = 0,7$, $S_0 = 99$ e $I_0 = 1$	21
Figura 3.1 – Diagrama de fluxo para o modelo SEIR.	22
Figura 3.2 – (a) Diagrama de bifurcação para \bar{S} em relação a β e (b) Diagrama de bifurcação para \bar{I} em relação a β	30
Figura 3.3 – Com $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\beta = 0,7$; (a) Diagrama de bifurcação para \bar{S} em relação a θ e (b) Diagrama de bifurcação para \bar{I} em relação a θ	30
Figura 3.4 – Com $N = 100$, $b = 0,05$, $\theta = 0,1$, $\beta = 0,7$, (a) Diagrama de bifurcação para \bar{S} em relação a γ e (b) Diagrama de bifurcação para \bar{I} em relação a γ	31
Figura 3.5 – Soluções do modelo SEIR para $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$ e $\theta = 0,1$ e (a) $\beta = 0,7$ ($R_0 \simeq 1,16$) e (b) $\beta = 0,2$ ($R_0 \simeq 0,3$). Suscetíveis (curva preta pontilhada), infecciosos (linha preta contínua), latentes (linha cinza pontilhada) e recuperados (linha cinza contínua).	31
Figura 3.6 – (a) Trajetória no plano de fase (\bar{S}, \bar{I}) e (b) Trajetória no espaço de fase ($\bar{S}, \bar{I}, \bar{R}$) para o Modelo SEIR com $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\beta = 0,7$ e $\theta = 0,1$	32
Figura 3.7 – Soluções do modelo SEIR para $b = 0,01$, $\beta = 0,7$, $\gamma = 0,35$ e $\theta = 0,5$ ($R_0 \simeq 1,91$). Suscetíveis (curva preta pontilhada), infecciosos (linha preta contínua), latentes (linha cinza pontilhada) e recuperados (linha cinza contínua).	32
Figura 3.8 – Infecciosos em função do tempo nos modelos SIR (curva em preto) e SEIR (curvas em cinza) para: $b = 0,01$, $\beta = 0,7$, $\gamma = 0,35$ e dois valores de θ , $\theta = 0,2$ (curva cinza tracejada) e $\theta = 0,5$ (curva cinza contínua).	33
Figura 4.1 – Diagrama de fluxo para o modelo SEIRS.	34
Figura 4.2 – Diagrama de bifurcação de \bar{S} para o modelo SEIRS em relação a β para: $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$ e $\alpha = 0,7$. A curva contínua indica o equilíbrio estável enquanto a curva tracejada corresponde ao equilíbrio instável.	38
Figura 4.3 – Diagrama de bifurcação de \bar{I} para o modelo SEIRS em relação a β para: $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$ e $\theta = 0,1$. As curvas correspondem ao equilíbrio endêmico dos infecciosos para $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).	38
Figura 4.4 – Diagrama de bifurcação de \bar{R} para o modelo SEIRS em relação a β para: $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$ e $\theta = 0,1$. As curvas correspondem ao equilíbrio endêmico dos recuperados para $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva	

	tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).	39
Figura 4.5 – Número de suscetíveis em função do tempo para: $I_0 = 20$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$ e, $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).		39
Figura 4.6 – Número de infecciosos em função do tempo para: $I_0 = 20$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$ e, $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).		40
Figura 4.7 – Número de recuperados em função do tempo para: $I_0 = 20$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$ e, $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).		40
Figura 4.8 – Número de infecciosos com relação ao tempo no modelo SEIRS para $b = 0,01$, $\gamma = 0,35$, $\beta = 0,7$, $\theta = 0,5$ e diferentes valores de α : $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,01$ (tracejada larga), $\alpha = 0,05$ (tracejada) e $\alpha = 0,1$ (pontilhada).		41
Figura A.1 – Estabilidade		46

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
1.1	MODELAGEM MATEMÁTICA EM SISTEMAS EPIDEMIOLÓGICOS	9
2	MODELO SIR	12
2.1	MODELO SIR DISCRETO NO TEMPO	12
2.2	SOLUÇÕES DE EQUILÍBRIO	13
2.3	ANÁLISE DE ESTABILIDADE	15
2.4	INTERPRETAÇÃO BIOLÓGICA DOS RESULTADOS	17
2.5	SIMULAÇÕES	18
3	MODELO SEIR	22
3.1	MODELO SEIR DISCRETO NO TEMPO	22
3.2	SOLUÇÕES DE EQUILÍBRIO DO MODELO	23
3.3	ANÁLISE DE ESTABILIDADE	25
3.4	SIMULAÇÕES	29
3.5	COMPARAÇÃO DOS MODELOS SIR E SEIR	33
4	MODELO SEIRS	34
4.1	MODELO DISCRETO	34
4.2	SOLUÇÕES DE EQUILÍBRIO DO MODELO	35
4.3	SIMULAÇÕES	37
5	CONCLUSÕES	42
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43
	APÊNDICE A – ESTABILIDADE LINEAR	44

1 INTRODUÇÃO

Os modelos matemáticos têm desempenhado um papel muito importante no estudo de propagação de doenças infecciosas, principalmente a partir da década de 1920 com os trabalhos de Kermack-McKendrick e Reed-Frost (Britton, 2003; Keeling and Rohani, 2008). Recentemente, o aparecimento de novas doenças e o ressurgimento de outras impulsionaram a expansão de trabalhos nessa área.

A grande maioria dos modelos epidemiológicos na literatura consideram o tempo como variável contínua. Neste caso, os modelos são descritos através de equações diferenciais ordinárias. No entanto, desde que os períodos latente e infeccioso de muitas enfermidades são relativamente bem definidos, é razoável construir modelos em tempo discreto. Outro argumento que reforça esta escolha é que os dados são coletados e relatados em unidades discretas de tempo (dias, semanas) o que permite a escolha da unidade de tempo para o modelo. A ferramenta matemática utilizada para representar modelos discretos no tempo são as equações a diferenças. Além disso, esses modelos são mais acessíveis do ponto de vista matemático o que torna mais fácil a interação com profissionais da saúde.

O objetivo deste trabalho é estudar modelos matemáticos discretos para endemias. Os modelos são caracterizados por descrever o comportamento de doenças infecciosas de transmissão direta. O trabalho proposto tem caráter teórico, no sentido de que não será aplicado a nenhuma situação específica. Outrossim, pretende-se desvendar a dinâmica dos modelos e, dessa forma, mostrar os possíveis comportamentos qualitativos da propagação de doenças infecciosas.

Essa dissertação é estruturada da seguinte forma:

No capítulo 2, é apresentado o modelo SIR, para doenças em que a população pode ser dividida em Suscetíveis, Infecciosos e Recuperados.

No capítulo 3, o modelo SEIR é desenvolvido. Esses modelos são adequados para enfermidades em que há um período de latência após a infecção.

No capítulo 4, o modelo SEIRS, que considera imunidade temporária, é estudado.

As considerações finais são apresentadas no último capítulo.

1.1 MODELAGEM MATEMÁTICA EM SISTEMAS EPIDEMIOLÓGICOS

Segundo Allen (2007) há três etapas básicas na modelagem matemática em sistemas biológicos: (1) Formulação de um modelo matemático para representar com precisão o processo ou sistema biológico subjacente em estudo, (2) aplicação de técnicas matemáticas para entender o comportamento do modelo e (3) interpretação dos resultados do modelo para determinar se são obtidos resultados biológicos significativos. Com o propósito de aplicar tais passos, formulação, análise e interpretação a teoria matemática subjacente, ferramentas e técnicas devem

ser cuidadosamente aplicadas e completamente compreendidas.

Modelos matemáticos de processos e sistemas biológicos são frequentemente expressos em termos de equações a diferenças ou equações diferenciais. A razão para esses tipos de modelos é que os processos biológicos são dinâmicos, mudando em relação ao tempo, espaço, ou estágio de desenvolvimento. Portanto, as três etapas da modelagem matemática requerem conhecimento da teoria matemática tanto para equações diferenciais quanto para equações a diferenças.

Para tanto, nesse trabalho cabe apresentarmos algumas definições. De acordo com Keeling e Rohani (2008), doenças infecciosas são classificadas como agudas ou crônicas. O termo aguda refere-se a infecções “rápidas”, onde a resposta imune relativamente rápida remove patógenos após um curto período de tempo (dias ou semanas). Exemplos de infecções agudas são Gripes, Cinomose, Raiva, Varicela e Rubéola. As infecções crônicas, por outro lado, duram muito mais tempo (meses ou anos), alguns exemplos incluem Herpes e Clamídia.

Epidemia ou doenças epidêmicas são prevalentes em uma população apenas em momentos ou circunstâncias particulares, já na **Endemia** ou doenças endêmicas que são habitualmente prevalentes numa população (BRITTON, 2003). A **Pandemia** é quando uma doença epidemia tem larga distribuição geográfica, ou seja, atingindo mais de um país ou de um continente. Um exemplo é a epidemia de AIDS que atinge todos os continentes (PEREIRA, 2007).

O **Número Reprodutivo Básico** (R_0) é o número médio de infecções secundárias produzidas por um único indivíduo infectado durante todo o seu período infeccioso, em uma população inteiramente suscetível. Quando a população for grande que pode se desprezar as infecções que vão sendo produzidas, o R_0 mede a velocidade inicial de crescimento de uma doença (QUARTIERI, 2004).

O número de indivíduos infectados na população, em um determinado tempo, é chamado de **prevalência** da doença, esse é o resultado que o sistema de equações fornece. A **incidência** de uma doença é o número de novos casos produzidos por unidade de tempo. Em geral, a incidência provém dos dados epidemiológicos disponíveis.

Nos modelos apresentados nesse trabalho, os indivíduos são classificados de acordo com seu status frente à doença:

- Suscetíveis (S), indivíduos saudáveis que podem ser acometidos pela infecção;
- Expostos ou Latentes (E), indivíduos que foram infectados mas ainda não são capazes de transmitir a doença;
- Infectados ou infecciosos (I), indivíduos doentes que transmitem a doença;
- Recuperados ou removidos (R), indivíduos que deixaram a classe de infecciosos por terem se recuperado ou por morte.

Os modelos matemáticos em Epidemiologia são, então, chamados Modelos Compartmentais e são usadas, como nomenclatura, as iniciais das classes envolvidas na doença: SI,

SIS, SIR, SEIR, etc. Dependendo da doença, de suas características, ou dos aspectos que se pretendem investigar, outras classes podem ser consideradas. Na epidemia de COVID19, por exemplo, muitos modelos consideram a classes dos assintomáticos. Alguns modelos incluem uma classe para hospitalizados. É importante, no entanto, valer-se do princípio da parcimônia e utilizar somente o necessário para obter uma resposta satisfatória às perguntas de interesse.

Modelos SIR são apropriados para doenças que conferem imunidade permanente como Catapora, Caxumba, Rubéola, etc. Uma fração dos indivíduos suscetíveis torna-se infecciosas quando mantém contato com indivíduos infecciosos. Dessa forma, passam para a classe de infecciosos. Após o período médio de infecciosidade, recuperam-se e passam para a classe dos Recuperados, onde permanecem indefinidamente já que a doença confere imunidade.

Os modelos SEIR diferem dos modelos SIR pela existência de uma classe de expostos, isto é, quando entram em contato com um infectado, os suscetíveis permanecem em estado de latência, sem transmitir a doença até que passem para a classe dos infectados.

Quando há perda de imunidade para a infecção, os modelos são do tipo SEIRS. Isto é, após um determinado período, os indivíduos retornam à classe dos suscetíveis.

2 MODELO SIR

Em modelos do tipo SIR a população é dividida em três classes: S corresponde aos indivíduos suscetíveis à doença, I corresponde aos indivíduos infectados e capazes de espalhar a doença e R , de removidos por adquirirem imunidade ou por morte. Conforme Allen (2007) o modelo é aplicável a doenças infecciosas, como Sarampo, Varicela ou Caxumba, nas quais a infecção confere imunidade.

2.1 MODELO SIR DISCRETO NO TEMPO

Na construção do modelo, assumimos que a população está homogeneamente misturada, isto significa que a probabilidade de um contato efetivo entre qualquer suscetível e qualquer infeccioso é a mesma para toda a população.

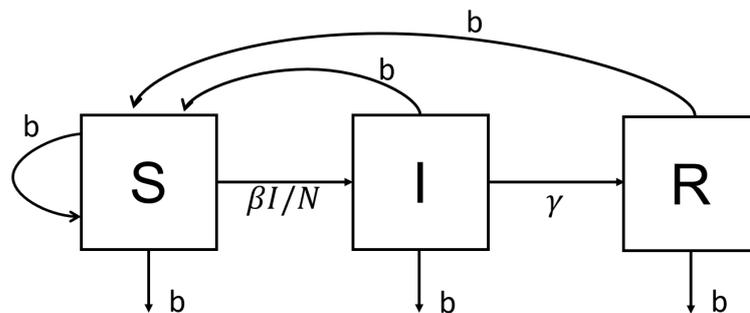
Um diagrama compartimental, que ilustra o fluxo dos indivíduos nas diferentes categorias relativas à doença, é mostrado na Figura 2.1. A população é dividida em três classes, de acordo com seu status em relação à doença:

$S_t \equiv$ número de suscetíveis no tempo t ;

$I_t \equiv$ número de infecciosos no tempo t ;

$R_t \equiv$ número de removidos no tempo t .

Figura 2.1 – Diagrama de fluxo para o modelo SIR.



Fonte: Autora.

O modelo SIR é baseado nas seguintes hipóteses:

- (i) A transmissão da doença ocorre por contato direto entre um indivíduo suscetível e um infeccioso. A incidência da doença é dada pelo termo $\frac{\beta SI}{N}$, que representa o número total de infectados no intervalo t a $t + 1$. O parâmetro β é o número médio de contatos bem sucedidos (que resultam em infecção) feitos por um indivíduo infectado durante o tempo t até $t + 1$.
- (ii) A população total N é constante: a probabilidade de um nascimento é igual à probabilidade de uma morte, dada pelo parâmetro b . Todos os indivíduos que morrem são

substituídos pelo nascimentos de novos suscetíveis. Não há transmissão vertical (da mãe para o filho). A fração $\frac{1}{b}$ é a expectativa média de vida dos indivíduos.

- (iii) Indivíduos infectados se recuperam com uma probabilidade γ , adquirindo imunidade. A fração dada por $\frac{1}{\gamma+b}$ representa a duração média do período infeccioso.

O modelo SIR tempo discreto que incorpora as hipóteses (i) – (iii) pode ser expresso pelo seguinte sistema de equações a diferenças (Allen, 2007):

$$\begin{aligned} S_{t+1} &= S_t - \frac{\beta}{N} I_t S_t + b(I_t + R_t), \\ I_{t+1} &= I_t(1 - \gamma - b) + \frac{\beta}{N} I_t S_t, \\ R_{t+1} &= R_t(1 - b) + \gamma I_t. \end{aligned} \quad (2.1)$$

As condições iniciais são dadas por $S_0 + I_0 + R_0 = N$, onde $S_0, I_0, R_0 > 0$. Condições suficientes para garantir que as soluções sejam não negativas são:

$$b > 0, \gamma > 0, 0 < b + \gamma < 1, 0 < \beta < 1.$$

Essas condições impõem uma restrição à duração do intervalo de tempo $(t, t + 1)$. A duração do intervalo (dias, por exemplo) deve ser menor que o período infeccioso $\frac{1}{b + \gamma}$.

Somando as três equações tem-se, $S_{t+1} + I_{t+1} + R_{t+1} = S_t + I_t + R_t$, e por indução, $S_t + I_t + R_t = N$. Ainda por indução, prova-se que as soluções são não negativas para todo t .

Como a população se mantém constante, uma variável pode ser removida tomando $R_t = N - S_t - I_t$. Com isso, o sistema (2.1) é reduzido a duas equações:

$$\begin{aligned} S_{t+1} &= S_t - \frac{\beta}{N} I_t S_t + b(N - S_t), \\ I_{t+1} &= I_t(1 - \gamma - b) + \frac{\beta}{N} I_t S_t. \end{aligned} \quad (2.2)$$

2.2 SOLUÇÕES DE EQUILÍBRIO

Uma solução de equilíbrio de uma equação a diferenças é uma solução constante, isto é, uma solução que não varia do tempo t para o tempo $t + 1$. Soluções de equilíbrio (\bar{S}, \bar{I}) do sistema (2.2) devem satisfazer

$$\begin{aligned} \bar{S} &= \bar{S} - \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S} + b(N - \bar{S}), \\ \bar{I} &= \bar{I} - \bar{I}\gamma - \bar{I}b + \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S}. \end{aligned}$$

Rearranjando, obtém-se o seguinte sistema para \bar{S} e \bar{I}

$$-\frac{\beta}{N}\bar{I}\bar{S} + bN - b\bar{S} = 0, \quad (2.3)$$

$$-\bar{I}\gamma - \bar{I}b + \frac{\beta}{N}\bar{I}\bar{S} = 0. \quad (2.4)$$

Somando (2.3) com (2.4) tem-se

$$bN - b\bar{S} - \bar{I}\gamma - \bar{I}b = 0. \quad (2.5)$$

Isolando \bar{S} em (2.5) segue

$$\bar{S} = \frac{bN - \bar{I}(\gamma + b)}{b}. \quad (2.6)$$

Substituindo \bar{S} de (2.6) em (2.4) tem-se

$$\bar{I}(-(\gamma + b)(bN) + \beta bN - \beta \bar{I}(\gamma + b)) = 0.$$

Logo, $\bar{I} = 0$ ou $-(\gamma + b)(bN) + \beta bN - \beta \bar{I}(\gamma + b) = 0$, que fornece

$$\bar{I} = \frac{-(\gamma + b)bN + \beta bN}{\beta(\gamma + b)} = \frac{bN(\beta - (\gamma + b))}{\beta(\gamma + b)}. \quad (2.7)$$

Substituindo $\bar{I} = 0$ em (2.6) tem-se

$$\bar{S} = N.$$

Usando (2.7) em (2.6) tem-se

$$\bar{S} = \frac{N(\gamma + b)}{\beta}.$$

Com isso, obtém-se as soluções de equilíbrios

$$(\bar{S}_1, \bar{I}_1) = (N, 0) \quad (2.8)$$

e

$$(\bar{S}_2, \bar{I}_2) = \left(\frac{N(\gamma + b)}{\beta}, \frac{bN(\beta - (\gamma + b))}{\beta(\gamma + b)} \right). \quad (2.9)$$

O equilíbrio (\bar{S}_1, \bar{I}_1) , denominado equilíbrio livre da doença, corresponde a uma população que não tem indivíduos infectados. O segundo, (\bar{S}_2, \bar{I}_2) , tem uma proporção da população na classe dos infectados e é conhecido por equilíbrio endêmico. Esse equilíbrio é positivo se, e somente se, $\beta > \gamma + b$.

É importante destacar que para o equilíbrio endêmico, \bar{R} , o número de recuperados de

equilíbrio, não é nulo. \bar{R} pode ser calculado a partir da relação $\bar{S} + \bar{I} + \bar{R} = N$, que resulta em

$$\bar{R} = \frac{N\gamma(\beta - b - \gamma)}{\beta(b + \gamma)}.$$

2.3 ANÁLISE DE ESTABILIDADE

Para determinar a estabilidade das soluções de equilíbrio usa-se análise de estabilidade linear, desenvolvida em detalhes no Apêndice A. A Matriz Jacobiana do sistema (2.2) é dada por

$$J_{(\bar{S}, \bar{I})} = \begin{pmatrix} 1 - b - \frac{\beta}{N}I & -\frac{\beta}{N}S \\ \frac{\beta}{N}I & 1 - \gamma - b + \frac{\beta}{N}S \end{pmatrix}. \quad (2.10)$$

A Jacobiana calculada no equilíbrio livre da doença $(\bar{S}_1, \bar{I}_1) = (N, 0)$ é:

$$J_{(\bar{S}_1, \bar{I}_1)} = \begin{pmatrix} 1 - b & -\beta \\ 0 & 1 - \gamma - b + \beta \end{pmatrix}. \quad (2.11)$$

Como esta matriz é triangular superior, os autovalores são os elementos da diagonal principal:

$$\lambda_1 = 1 - b \text{ e } \lambda_2 = 1 - \gamma - b + \beta.$$

O equilíbrio livre da doença é localmente assintoticamente estável se $|\lambda_1| < 1$ e $|\lambda_2| < 1$. Neste caso,

$$0 < \lambda_1 < 1, \text{ pois } 0 < b < 1$$

e

$$0 < \lambda_2 < 1, \text{ se } \frac{\beta}{\gamma + b} < 1.$$

Essa razão define um parâmetro limiar para o modelo SIR conhecido como **Número Reprodutivo Básico**,

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

Se $R_0 < 1$, existe somente o equilíbrio livre da doença e ele é localmente estável. O equilíbrio endêmico é positivo para $R_0 > 1$.

Reescrevendo (\bar{S}_2, \bar{I}_2) em função do R_0 obtém-se

$$(\bar{S}_2, \bar{I}_2) = \left(\frac{N(\gamma + b)}{\beta}, \frac{bN(\beta - (\gamma + b))}{\beta(\gamma + b)} \right) = \left(\frac{1}{R_0}N, (R_0 - 1)\frac{bN}{\beta} \right). \quad (2.12)$$

Substituindo em (2.10) obtém-se a Matriz Jacobiana para o equilíbrio endêmico:

$$J_{(\bar{S}_2, \bar{I}_2)} = \begin{pmatrix} 1 - bR_0 & -\frac{\beta}{R_0} \\ b(R_0 - 1) & 1 \end{pmatrix}$$

Calculam-se:

$$\text{Tr } J = 2 - bR_0 \text{ e } \det J = 1 - bR_0 + \beta b \left(1 - \frac{1}{R_0}\right).$$

O traço de J é sempre positivo pois

$$bR_0 = b \frac{\beta}{\gamma + b} < 1.$$

Aplicando-se as condições de estabilidade (Apêndice A) chega-se a:

$$2 - bR_0 < 2 - bR_0 + \beta b \left(1 - \frac{1}{R_0}\right) < 2$$

ou, rearranjando,

$$0 < \beta \left(1 - \frac{1}{R_0}\right) < R_0.$$

Essas desigualdades são satisfeitas porque

$$R_0 > 1 > \beta \left(1 - \frac{1}{R_0}\right).$$

Portanto, o equilíbrio endêmico existe e é localmente assintoticamente estável se $R_0 > 1$.

A equação característica de $J_{(\bar{S}_2, \bar{I}_2)}$ é

$$\lambda^2 - \text{Tr } J \lambda + \det J = 0, \quad (2.13)$$

através da qual calculam-se os autovalores

$$\lambda_{1,2} = \frac{2 - bR_0 \pm \sqrt{b^2 R_0^2 - \frac{4\beta b}{R_0}(R_0 - 1)}}{2}. \quad (2.14)$$

Para $b^2 R_0^2$ suficientemente pequeno, $\lambda_{1,2}$ são complexos conjugados com parte real $u = \frac{1}{2}(2 - bR_0)$ e parte imaginária $v = \frac{1}{2}\sqrt{\frac{4\beta b}{R_0}(R_0 - 1) - b^2 R_0^2}$. Como $\frac{1}{b}$ representa a expectativa de vida, b deve ser pequeno e v pode ser aproximado por $v = \sqrt{\frac{\beta b}{R_0}(R_0 - 1)}$.

As soluções para a perturbação X_t do sistema linearizado são da forma

$$X_t = A r^t \cos(\delta t + B), \quad (2.15)$$

onde $r = \sqrt{u^2 + v^2}$, $\tan \delta = \frac{v}{u}$ e, A e B são constantes. A aproximação ao equilíbrio ocorre, então, de maneira oscilatória (desde que $|r| = |\lambda_{1,2}| < 1$). Esse comportamento, que ocorre para valores suficientemente pequenos de b , assemelha-se a picos epidêmicos recorrentes. O período das oscilações é aproximadamente

$$T = \frac{2\pi}{\delta}.$$

2.4 INTERPRETAÇÃO BIOLÓGICA DOS RESULTADOS

No início de uma pandemia, quase todos os indivíduos são suscetíveis, exceto um único caso infectado.

Considerando uma população em que todos são suscetíveis, $S \approx N$, com um único infectado, $I \approx 1$, o número de novas infecções em um intervalo de tempo é

$$\frac{\beta}{N} \cdot 1 \cdot S = \frac{\beta}{N} \cdot 1 \cdot N = \beta.$$

Como o tempo médio que um indivíduo permanece infeccioso é $\frac{1}{\gamma+b}$,

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

Portanto, R_0 é o número médio de casos produzidos por um indivíduo infeccioso, durante seu período de infecciosidade, em uma população completamente suscetível.

O parâmetro adimensional R_0 , que determina a dinâmica do modelo, diz se a doença vai se espalhar ou não na população. $R_0 < 1$, significa que um indivíduo é capaz de infectar, em média, menos que um indivíduo e, neste caso, a doença se extingue. Se, por outro lado, $R_0 > 1$, um infeccioso transmite a doença, em média, para mais de um indivíduo suscetível. Neste caso, a doença permanece endêmica na população.

Os valores de R_0 foram obtidos para doenças como Sarampo, Varicela e Varíola (maio, 1983). As estimativas dependem da localização e do momento em que ocorreu a epidemia. As taxas de contato e o nível de imunidade em uma população dependem de vários fatores e podem variar com a posição geográfica e o tempo.

A Tabela (2.1) fornece algumas estimativas para R_0 para algumas doenças infecciosas que resultaram em epidemias em grande escala (ALLEN, 2007).

Tabela 2.1 – Tabela de R_0 .

Número reprodutivo básico		
Infecção	Localização e Tempo	R_0
Varíola	Países em desenvolvimento antes da campanha global	3-5
Sarampo	Inglaterra e País de Gales, 1956-1968	13
	EUA, vários locais, 1910-1930	12-13
Coqueluche	Inglaterra e País de Gales, 1942-1950	17
	Maryland, EUA, 1908-1917	13
Sarampo Alemão	Inglaterra e País de Gales, 1979	6
	Alemanha Ocidental, 1972	
Catapora	EUA, vários locais, 1913-1921,1943	9-10
Difteria	EUA, vários locais, 1910-1947	4-6
Escarlatina	EUA, vários locais, 1910-1920	5-7
Caxumba	EUA, vários locais, 1912-1916,1943	4-7
Poliomielite	Holanda, 1960; EUA, 1955	6

Fonte: Adaptado de Allen (2007).

A Assembleia Mundial da Saúde declarou o mundo livre da Varíola em 1980. A erradicação da varíola foi alcançada por meio de uma extensa campanha de vacinação (o valor de R_0 foi reduzido para um valor menor que um). O tamanho do número reprodutivo básico dá uma indicação da dificuldade em controlar uma epidemia ou erradicar a doença (quanto maior o valor de R_0 , mais difícil é o controle). Uma campanha mundial de vacinação está em andamento para erradicar a Poliomielite (ALLEN, 2007).

2.5 SIMULAÇÕES

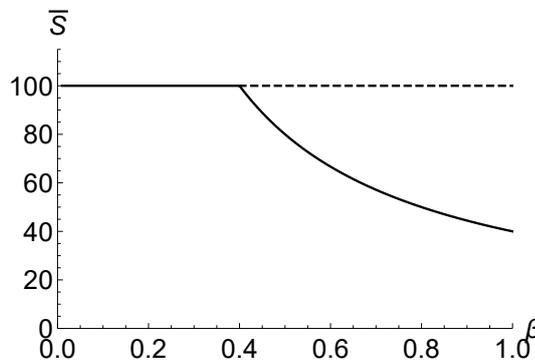
Nesta seção serão apresentados os resultados referentes ao modelo SIR dado pelas equações (2.2). As simulações foram implementadas no software Wolfram Mathematica 10.

Com o propósito de mostrar o comportamento qualitativo das soluções do sistema (2.2) apresentaremos o Diagrama de Bifurcação, que é definido como uma mudança brusca no comportamento de um sistema dinâmico em relação à variação de um parâmetro.

Os diagramas de bifurcações para o sistema (2.2) são mostrados nas Figuras 2.2 e 2.3. As linhas contínuas e tracejadas indicam estabilidade e instabilidade dos equilíbrios, respectivamente.

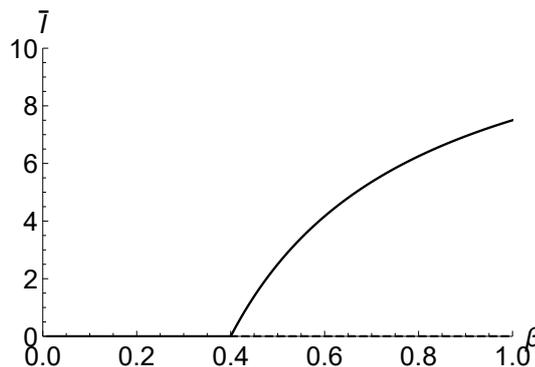
A Figura 2.2 retrata um diagrama de bifurcação em relação ao parâmetro β para as soluções de equilíbrio \bar{S} . Ocorre uma bifurcação para $\beta = 0,4$ que corresponde a $R_0 = 1$, para o conjunto de parâmetros escolhidos: $\gamma = 0,35$ e $b = 0,05$. Observa-se que para esse valor de β , o equilíbrio $\bar{S}_1 = N$ torna-se instável e o equilíbrio $\bar{S}_2 = \frac{N}{R_0}$ passa a ser estável. Essa bifurcação, na qual há troca de estabilidade entre os equilíbrios, é denominada bifurcação transcritical. Na Figura 2.3 é apresentado o diagrama de bifurcação correspondente para as soluções de equilíbrio \bar{I} em relação ao parâmetro β .

Figura 2.2 – Diagrama de bifurcação de \bar{S} em relação ao parâmetro β para $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$.



Fonte: Autora.

Figura 2.3 – Diagrama de bifurcação de \bar{I} em relação ao parâmetro β para $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$.

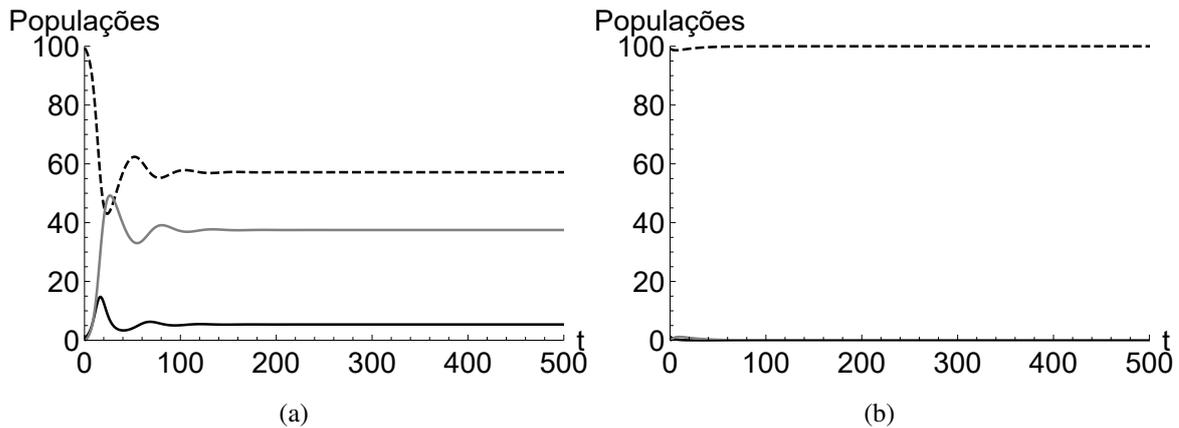


Fonte: Autora.

A partir do diagrama de bifurcação é possível escolher valores de β que permitem retratar os diferentes comportamentos de S , I e R em função do tempo. Considerando a população total $N = 100$, com $S = 99$ e $I = 1$, na Figura 2.4 (a) com $\beta = 0,7$, que corresponde a $R_0 = 1,75$, as populações apresentam oscilações com amplitude decrescente aproximando-se do equilíbrio endêmico $(\bar{S}_2, \bar{I}_2, \bar{R}_2)$. Para valores de $R_0 \approx 1$, as populações aproximam-se

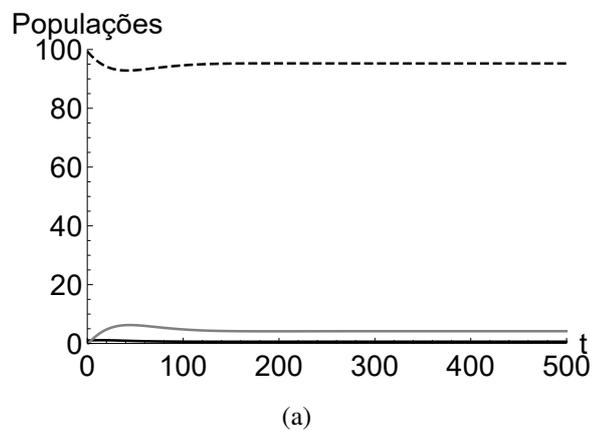
do equilíbrio endêmico sem apresentar oscilações (Figura 2.5). Para $\beta = 0,2$ ($R_0 = 0,5$), as populações aproximam-se do equilíbrio livre da doença ($\bar{S}_1, \bar{I}_1, \bar{R}_1$) na Figura fig1 (b).

Figura 2.4 – Soluções para o Modelo SIR com $b = 0,05$ e $\gamma = 0,35$. Suscetíveis (linha preta tracejada), Infectados (linha preta contínua) e Recuperados (linha cinza). (a) $\beta = 0,7$ ($R_0 = 1,75$) e (b) $\beta = 0,2$ ($R_0 = 0,5$).



Fonte: Autora.

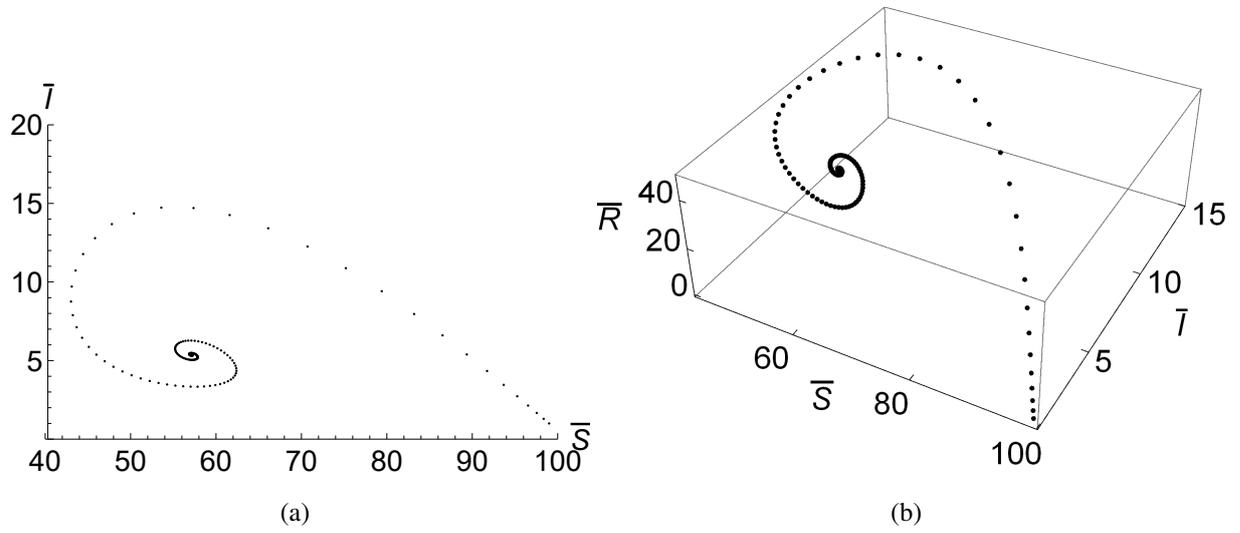
Figura 2.5 – Soluções para o Modelo SIR com $b = 0,05$, $\beta = 0,42$ e $\gamma = 0,35$ ($R_0 = 1,05$). Suscetíveis (linha preta tracejada), Infectados (linha preta contínua) e Recuperados (linha cinza).



Fonte: Autora.

Os resultados também podem ser visualizados por meio de um plano de fase. A solução (S_t, I_t) é vista como uma trajetória no plano (S, I) com tempo implícito, como ilustrado na Figura 2.6 (a). Ao considerar a solução (S_t, I_t, R_t) obtém-se uma trajetória no espaço tridimensional, como pode ser visto na Figura 2.6 (b). Através destas figuras, é possível analisar a variação de uma população em relação às outras.

Figura 2.6 – (a) Trajetória no plano de fase (S, I) e (b) trajetória no espaço de fase (S, I, R) para o Modelo SIR com $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\beta = 0,7$, $S_0 = 99$ e $I_0 = 1$.



Fonte: Autora.

3 MODELO SEIR

Em muitas doenças infecciosas, os indivíduos infectados não se tornam imediatamente infecciosos. Inicialmente a concentração de vírus (ou bactérias) é muito pequena e durante este período não há transmissão da doença para outros indivíduos suscetíveis. O período em que um indivíduo está infectado, mas ainda não é capaz de transmitir a doença é chamado de período latente ou exposto. Desta forma, é necessário incluir um período exposto E como uma nova classe no modelo.

3.1 MODELO SEIR DISCRETO NO TEMPO

O diagrama de fluxo para a dinâmica de uma doença com compartimentos S, E, I e R é ilustrado na Figura 3.1. Neste caso, a população é dividida nas quatro classes:

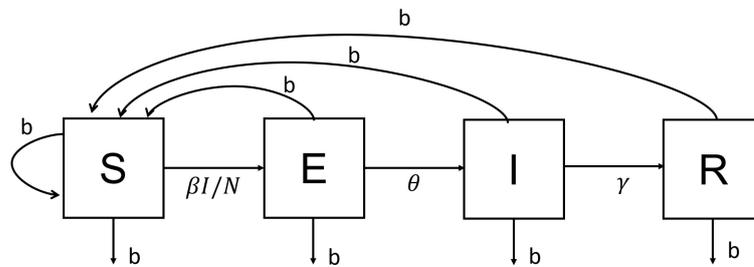
$S_t \equiv$ número de suscetíveis no tempo t ;

$E_t \equiv$ número de latentes (expostos) no tempo t ;

$I_t \equiv$ número de infecciosos no tempo t ;

$R_t \equiv$ número de removidos no tempo t .

Figura 3.1 – Diagrama de fluxo para o modelo SEIR.



Fonte: Autora.

De acordo com o diagrama da Figura 3.1, o sistema de equações a diferenças para o modelo SEIR tempo discreto é

$$\begin{aligned}
 S_{t+1} &= S_t + b(E_t + I_t + R_t) - \frac{\beta}{N} I_t S_t, \\
 E_{t+1} &= E_t(1 - \theta - b) + \frac{\beta}{N} I_t S_t, \\
 I_{t+1} &= I_t(1 - \gamma - b) + \theta E_t, \\
 R_{t+1} &= R_t(1 - b) + \gamma I_t.
 \end{aligned} \tag{3.1}$$

onde θ é a probabilidade de um indivíduo passar para a classe de infecciosos em uma etapa

de tempo. A fração $\frac{1}{\theta}$ é o tempo médio de permanência na classe de expostos. Os demais parâmetros têm a mesma interpretação dada no modelo SIR do capítulo anterior.

As condições iniciais $S_0, E_0, I_0, R_0 > 0$ satisfazem $S_0 + E_0 + I_0 + R_0 = N$. Para garantir que as soluções sejam não negativas são impostas as seguintes condições suficientes:

$$b, \gamma, \theta > 0, \quad 0 < b + \gamma < 1, \quad 0 < b + \theta < 1 \text{ e } 0 < \beta < 1.$$

Assim como no modelo SIR, essas condições impõem uma restrição à duração do intervalo de tempo $(t, t + 1)$, que deve ser menor que o período infeccioso $\frac{1}{b + \gamma}$.

Como $S_t + E_t + I_t + R_t = N$, uma variável pode ser removida. Fazendo $R_t = N - S_t - E_t - I_t$, obtém-se o sistema de três equações

$$\begin{aligned} S_{t+1} &= S_t + b(N - S_t) - \frac{\beta}{N} I_t S_t, \\ E_{t+1} &= E_t(1 - \theta - b) + \frac{\beta}{N} I_t S_t, \\ I_{t+1} &= I_t(1 - \gamma - b) + \theta E_t. \end{aligned} \tag{3.2}$$

3.2 SOLUÇÕES DE EQUILÍBRIO DO MODELO

As soluções de equilíbrio do sistema (3.2) \bar{S} , \bar{E} e \bar{I} devem satisfazer

$$\begin{aligned} \bar{S} &= \bar{S} + b(N - \bar{S}) - \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S}, \\ \bar{E} &= \bar{E} - \theta \bar{E} - b \bar{E} + \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S}, \\ \bar{I} &= \bar{I} - \gamma \bar{I} - b \bar{I} + \theta \bar{E}, \end{aligned}$$

ou equivalentemente,

$$bN - b\bar{S} - \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S} = 0, \tag{3.3}$$

$$-\theta \bar{E} - b \bar{E} + \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S} = 0, \tag{3.4}$$

$$-\gamma \bar{I} - b \bar{I} + \theta \bar{E} = 0. \tag{3.5}$$

Isolando \bar{S} em (3.3) obtém-se

$$\bar{S} = \frac{bN^2}{Nb + \beta \bar{I}}. \tag{3.6}$$

Isolando \bar{E} em (3.5) segue

$$\bar{E} = \frac{\bar{I}(\gamma + b)}{\theta}. \quad (3.7)$$

Substituindo (3.6) e (3.7) em (3.4) tem-se

$$\bar{I}(-(\gamma + b)(\theta + b)(Nb + \beta\bar{I}) + \beta\theta bN) = 0.$$

Logo, $\bar{I} = 0$ ou $-(\gamma + b)(\theta + b)(Nb + \beta\bar{I}) + \beta\theta bN = 0$. Isto é,

$$\bar{I} = \frac{\beta\theta bN - Nb(\gamma + b)(\theta + b)}{(\gamma + b)(\theta + b)\beta}. \quad (3.8)$$

Substituindo $\bar{I} = 0$ em (3.6) e (3.7) tem-se

$$\begin{aligned} \bar{S} &= N, \\ \bar{E} &= 0. \end{aligned}$$

Substituindo (3.8) em (3.6) e (3.7) tem-se

$$\begin{aligned} \bar{S} &= \frac{N(\gamma + b)(\theta + b)}{\beta\theta}, \\ \bar{E} &= \frac{\beta\theta bN - bN(\gamma + b)(\theta + b)}{(\theta + b)\beta\theta}. \end{aligned}$$

Portanto, as soluções de equilíbrio do sistema (3.2) são

$$(\bar{S}_1, \bar{E}_1, \bar{I}_1) = (N, 0, 0) \quad (3.9)$$

e

$$(\bar{S}_2, \bar{E}_2, \bar{I}_2) = \left(\frac{N(\gamma + b)(\theta + b)}{\beta\theta}, \frac{bN[\beta\theta - (\gamma + b)(\theta + b)]}{(\theta + b)\beta\theta}, \frac{bN[\beta\theta - (\gamma + b)(\theta + b)]}{(\gamma + b)(\theta + b)\beta} \right). \quad (3.10)$$

O equilíbrio $(\bar{S}_1, \bar{E}_1, \bar{I}_1)$ é o equilíbrio livre da doença e o equilíbrio $(\bar{S}_2, \bar{E}_2, \bar{I}_2)$ é endêmico.

Destaca-se, também aqui, que \bar{R}_2 é não nulo, dado por

$$\bar{R}_2 = \frac{N\gamma[-b^2 + b(\gamma - \theta) + \theta(\beta - \gamma)]}{\beta(b + \gamma)(b + \theta)}.$$

O equilíbrio endêmico é positivo se

$$\beta\theta - (\gamma + b)(\theta + b) > 0, \text{ ou seja, } \frac{\beta\theta}{(b + \gamma)(b + \theta)} > 1. \quad (3.11)$$

3.3 ANÁLISE DE ESTABILIDADE

A Matriz Jacobiana do sistema (3.2) é dada por

$$J_{(S,E,I)} = \begin{pmatrix} 1-b-\frac{\beta}{N}I & 0 & -\frac{\beta}{N}S \\ \frac{\beta}{N}I & 1-\theta-b & \frac{\beta}{N}S \\ 0 & \theta & 1-\gamma-b \end{pmatrix}, \quad (3.12)$$

para o equilíbrio livre da doença,

$$J_{(N,0,0)} = \begin{pmatrix} 1-b & 0 & -\beta \\ 0 & 1-\theta-b & \beta \\ 0 & \theta & 1-\gamma-b \end{pmatrix}.$$

Neste caso, para encontrar os autovalores calcula-se $\det(J - \lambda I) = 0$,

$$\begin{vmatrix} 1-b-\lambda & 0 & -\beta \\ 0 & 1-\theta-b-\lambda & \beta \\ 0 & \theta & 1-\gamma-b-\lambda \end{vmatrix} = 0, \quad (3.13)$$

$\det(J - \lambda I)$ pode ser reescrito como $\det(J - \lambda I) = (1-b-\lambda)\det(J_1 - \lambda I)$, onde

$$J_1 = \begin{pmatrix} 1-\theta-b & \beta \\ \theta & 1-\gamma-b \end{pmatrix}. \quad (3.14)$$

Assim, $\det(J - \lambda I) = 0$ resulta em $1-b-\lambda = 0$, que fornece $\lambda_1 = 1-b$ ou $\det(J_1 - \lambda I) = 0$, de onde se obtém $\lambda_{2,3}$. O autovalor $0 < \lambda_1 < 1$ pois $b < 1$. Para garantir que $|\lambda_{2,3}| < 1$, usam-se os critérios apresentados no Apêndice A. Isto é,

- a) $|Tr J_1| < \det J_1 + 1$,
- b) $\det J_1 < 1$.

A condição a) pode ser dividida em duas partes, uma correspondente a $Tr J_1 < 1 + \det J_1$ e outra, a $-1 - \det J_1 < Tr J_1$. A primeira desigualdade é

$$(1-\theta-b) + (1-\gamma-b) < (1-\theta-b)(1-\gamma-b) - \beta\theta + 1,$$

a qual resulta em

$$\beta\theta < (\gamma+b)(\theta+b).$$

Isto é,

$$\frac{\beta\theta}{(\gamma+b)(\theta+b)} < 1. \quad (3.15)$$

A desigualdade $-1 - \det J_1 < \text{Tr } J_1$ corresponde a

$$-(1 - \theta - b)(1 - \gamma - b) + \beta\theta - 1 < (1 - \theta - b) + (1 - \gamma - b),$$

que pode ser reescrita na forma

$$-(\gamma + b)(\theta + b) + \beta\theta < 2(1 - \theta - b) + 2(1 - \gamma - b).$$

Como o lado direito é sempre positivo, esta desigualdade é válida quando (3.15) for verdadeira, pois, nesse caso, o lado esquerdo $-(\gamma + b)(\theta + b) + \beta\theta < 0$.

Finalmente, a condição b) equivale a

$$(1 - \theta - b)(1 - \gamma - b) - \beta\theta < 1,$$

ou

$$(1 - \theta - b)(1 - \gamma - b) < \beta\theta + 1,$$

que é, obviamente verdadeira, uma vez que

$$(1 - \theta - b)(1 - \gamma - b) < 1 < \beta\theta + 1.$$

Portanto, conclui-se que o equilíbrio livre da doença é linearmente assintoticamente estável quando

$$R_0 = \frac{\beta\theta}{(b + \gamma)(b + \theta)} < 1.$$

Determina-se assim o Número Reprodutivo Básico R_0 do modelo SEIR.

Continuando a análise do modelo epidêmico SEIR, a estabilidade assintótica local é investigada para o equilíbrio endêmico.

O equilíbrio endêmico é positivo, quando $R_0 > 1$ (3.11). A matriz Jacobiana avaliada no equilíbrio endêmico (3.10) é obtido da substituição desse em (3.12),

$$J_{(\bar{S}_2, \bar{E}_2, \bar{I}_2)} = \begin{pmatrix} 1 - R_0 b & 0 & -R_0^{-1} \beta \\ b(R_0 - 1) & 1 - \theta - b & R_0^{-1} \beta \\ 0 & \theta & 1 - \gamma - b \end{pmatrix}.$$

Para estudar a estabilidade da solução de equilíbrio endêmica usa-se a Condição de Jury (Apêndice A).

Para obter os autovalores de $J_{(\bar{S}_2, \bar{E}_2, \bar{I}_2)}$, calcula-se $\det(J_{(\bar{S}_2, \bar{E}_2, \bar{I}_2)} - \lambda I) = 0$. Isto é,

$$\begin{vmatrix} 1 - R_0 b - \lambda & 0 & -R_0^{-1} \beta \\ b(R_0 - 1) & 1 - \theta - b - \lambda & R_0^{-1} \beta \\ 0 & \theta & 1 - \gamma - b - \lambda \end{vmatrix} = 0,$$

que fornece a equação característica:

$$-R_0^{-1}\beta\theta(1-b-\lambda) + (1-R_0b-\lambda)(1-\theta-b-\lambda)(1-\gamma-b-\lambda) = 0.$$

Fazendo $a^* = -R_0^{-1}\beta\theta$, $b^* = (1-b)$, $c^* = (1-R_0b)$, $d^* = (1-\theta-b)$, $e^* = (1-\gamma-b)$ e agrupando as potências de λ , tem-se

$$-\lambda^3 + \lambda^2(c^* + d^* + e^*) + \lambda(-a^* - c^*d^* - c^*e^* - d^*e^*) + (a^*b^* + c^*d^*e^*) = 0.$$

O polinômio característico é, então, dado por

$$p(\lambda) = \lambda^3 - \lambda^2(c^* + d^* + e^*) - \lambda(-a^* - c^*d^* - c^*e^* - d^*e^*) - (a^*b^* + c^*d^*e^*) \quad (3.16)$$

ou

$$p(\lambda) = \lambda^3 + \lambda^2(-c^* - d^* - e^*) + \lambda(a^* + c^*d^* + c^*e^* + d^*e^*) + (-a^*b^* - c^*d^*e^*). \quad (3.17)$$

Comparando (A.6) com (3.17) tem-se

$$a_1 = (-c^* - d^* - e^*), \quad a_2 = (a^* + c^*d^* + c^*e^* + d^*e^*), \quad a_3 = (-a^*b^* - c^*d^*e^*).$$

Aplica-se, então, a Condição de Jury (A.2.1):

$$(i) \quad p(1) = 1 + a_1 + a_2 + a_3 > 0 \Rightarrow$$

$$\begin{aligned} p(1) &= 1 + (-c^* - d^* - e^*) + (a^* + c^*d^* + c^*e^* + d^*e^*) + (-a^*b^* - c^*d^*e^*) = \\ &= 1 + (-(1-R_0b) - (1-\theta-b) - (1-\gamma-b)) + (-R_0^{-1}\beta\theta + (1-R_0b)(1-\theta-b) + \\ &+ (1-R_0b)(1-\gamma-b) + (1-\theta-b)(1-\gamma-b)) + (-(-R_0^{-1}\beta\theta)(1-b) - (1-R_0b) \\ &(1-\theta-b)(1-\gamma-b)) = -R_0\beta\theta b + R_0b\gamma\theta + R_0b^2\theta + b^2R_0\gamma + R_0b^3. \end{aligned}$$

Logo, para que $p(1) > 0$ é necessário que

$$-R_0^{-1}\beta\theta b + R_0b\gamma\theta + R_0b^2\theta + b^2R_0\gamma + R_0b^3 > 0$$

ou

$$R_0b(\theta\gamma + b\theta + b\gamma + b^2 - R_0^{-2}\beta\theta) > 0. \quad (3.18)$$

Como $R_0 > 1$ e $0 < b < 1$,

$$\begin{aligned}
\theta\gamma + b\theta + b\gamma + b^2 - R_0^{-2}\beta\theta > 0 &\Rightarrow (\gamma + b)\theta + (\gamma + b)b - R_0^{-2}\beta\theta > 0 \Rightarrow \\
(\gamma + b)(\theta + b) - R_0^{-2}\beta\theta > 0 &\Rightarrow (\gamma + b)(\theta + b) > R_0^{-2}\beta\theta \Rightarrow \\
(\gamma + b)(\theta + b) > \frac{\beta\theta}{R_0^2} &\Rightarrow R_0^2(\gamma + b)(\theta + b) > \beta\theta \Rightarrow \\
R_0^2 > \frac{\beta\theta}{(\gamma + b)(\theta + b)} &\Rightarrow R_0^2 > R_0 \Rightarrow R_0 > 1.
\end{aligned}$$

$$(ii) (-1)^3 p(-1) = 1 - a_1 + a_2 - a_3 > 0 \Rightarrow$$

$$\begin{aligned}
(-1)^3 p(-1) &= 1 - (-c^* - d^* - e^*) + (a^* + c^*d^* + c^*e^* + d^*e^*) - (-a^*b^* - c^*d^*e^*) = \\
&= 1 + c^* + d^* + e^* + c^*d^* + c^*e^* + d^*e^* + c^*d^*e^* + a^*(1 + b^*) = \\
&= (1 + d^* + e^* + d^*e^*) + c^*(1 + d^* + e^* + d^*e^*) + a^*(1 + b^*) = \\
&= (1 + c^*)(1 + d^* + e^* + d^*e^*) + a^*(1 + b^*) = \\
&= (1 + c^*)(1 + d^*)(1 + e^*) + a^*(1 + b^*) > 0.
\end{aligned}$$

(3.19)

Substituindo a^* , b^* , c^* , d^* e e^* obtém-se

$$(2 - R_0b)(2 - \theta - b)(2 - \gamma - b) - R_0^{-1}\beta\theta(2 - b) > 0.$$

Considerando um fator de mortalidade pequeno ($b \ll \theta, \gamma$), segue

$$\begin{aligned}
2(2 - \theta)(2 - \gamma) - R_0^{-1}\beta\theta(2) &> 0, \\
(2 - \theta)(2 - \gamma) &> R_0^{-1}\beta\theta, \\
R_0 &> \frac{\beta\theta}{(2 - \theta)(2 - \gamma)}.
\end{aligned}$$

Como β e θ são números entre 0 e 1, o produto deles é menor que 1 e o denominador é maior que 1, pois θ e γ são menores 1, logo essa condição já é satisfeita quando considera-se $R_0 > 1$.

(iii)

$$\begin{aligned}
1 - (a_3)^2 &> |a_2 - a_3a_1| \Rightarrow \\
1 - (-a^*b^* - c^*d^*e^*)^2 &> |(a^* + c^*d^* + c^*e^* + d^*e^*) - (-a^*b^* - c^*d^*e^*)(-c^* - d^* - e^*)| \\
(1 - (-a^* - d^*e^*))(1 + (-a^* - d^*e^*)) &> |(a^* + d^* + e^* + d^*e^*) - (-a^* - d^*e^*)(-1 - d^* - e^*)| \\
(1 - (-a^* - d^*e^*))(1 + (-a^* - d^*e^*)) &> |(d^* + e^*)(1 - d^*e^* - a^*)|
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
(1 - (-a^* - d^* e^*))(1 + (-a^* - d^* e^*)) &> (d^* + e^*)(1 - d^* e^* - a^*) > -(1 - (-a^* - d^* e^*))(1 + (-a^* - d^* e^*)) \\
(1 - (-a^* - d^* e^*)) &> (d^* + e^*) > -(1 - (-a^* - d^* e^*)) \\
1 - \frac{\beta \theta}{R_0} + d^* e^* &> d^* + e^* > -1 + \frac{\beta \theta}{R_0} - d^* e^* \tag{3.20}
\end{aligned}$$

Por um lado da inequação modular tem-se

$$1 + d^* e^* > \frac{\beta \theta}{R_0} + d^* + e^* \Rightarrow 1 + d^* e^* - d^* - e^* > \frac{\beta \theta}{R_0} \Rightarrow R_0(1 - e^*)(1 - d^*) > \beta \theta \Rightarrow$$

$$R_0 > \frac{\beta \theta}{(1 - d^*)(1 - e^*)} \Rightarrow R_0 > \frac{\beta}{\gamma}.$$

Pelo outro lado

$$d^* + e^* > -1 + \frac{\beta \theta}{R_0} - d^* e^* \Rightarrow d^* + e^* + 1 + d^* e^* > \frac{\beta \theta}{R_0} \Rightarrow$$

$$R_0 > \frac{\beta \theta}{(1 + e^*)(1 + d^*)} \Rightarrow R_0 > \frac{\beta \theta}{(2 - \gamma)(2 - \theta)}.$$

Portanto, se o fator de mortalidade b for pequeno é suficiente que R_0 seja maior que 1.

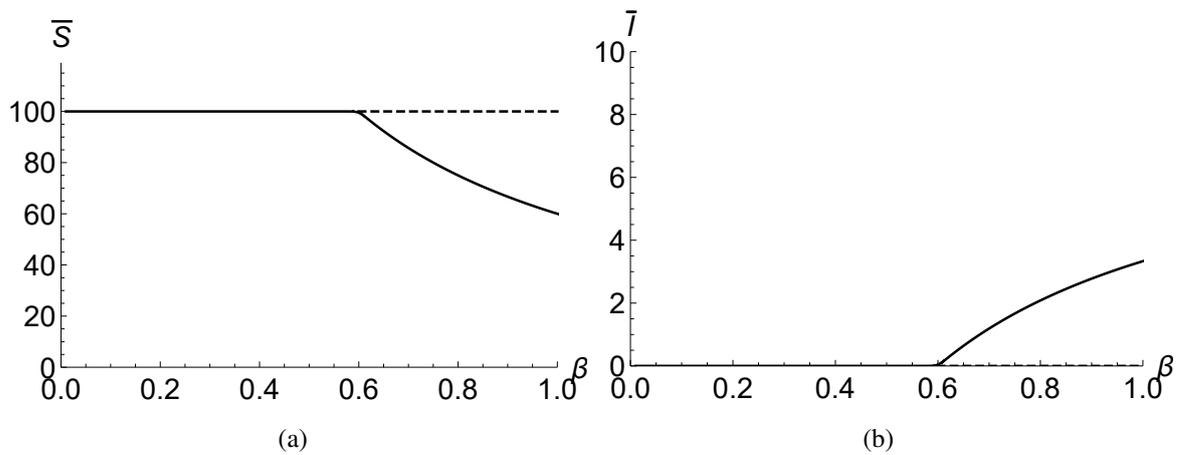
3.4 SIMULAÇÕES

Nesta seção são apresentados resultados de simulações do modelo SEIR descrito pelo sistema (3.2).

Nas Figuras 3.2 foi considerado $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$. A Figura 3.2 (a) mostra um diagrama de bifurcação para os dois equilíbrios de suscetíveis, \bar{S}_1 e \bar{S}_2 . Observa-se que para $\beta < 0,6$, o equilíbrio livre da doença é estável, ou seja, a doença não se estabelece na população. Para $\beta = 0,6$ ($R_0 = 1$) ocorre uma bifurcação transcítica, isto é, o equilíbrio \bar{S}_1 torna-se instável e o equilíbrio \bar{S}_2 existe e é estável.

O diagrama de bifurcação na Figura 3.2 (b) mostra os dois equilíbrios de infecciosos, \bar{I}_1 e \bar{I}_2 , em função do parâmetro β . Para $\beta < 0,6$, o equilíbrio \bar{I}_1 é estável, a doença não se espalha na população. Quando $\beta = 0,6$ ($R_0 = 1$) há troca de estabilidade e \bar{I}_2 existe e é estável, ou seja, para valores de $\beta > 0,6$, a doença torna-se endêmica.

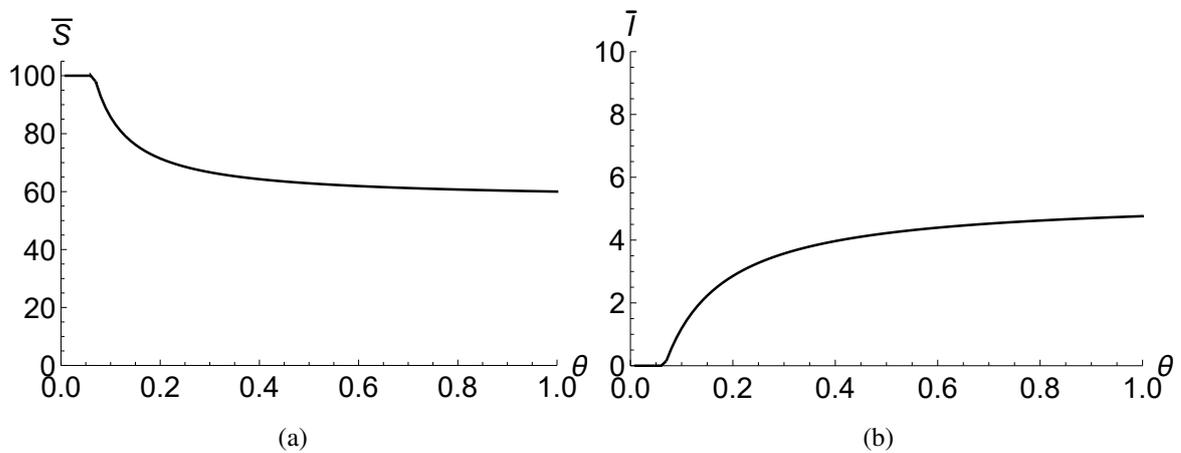
Figura 3.2 – (a) Diagrama de bifurcação para \bar{S} em relação a β e (b) Diagrama de bifurcação para \bar{I} em relação a β .



Fonte: Autora.

Assumindo $\beta = 0,7$ e $\gamma = 0,35$, na Figura 3.3 pode ser visto os diagramas de bifurcação em relação ao parâmetro θ . Em Figura 3.3 (a) os equilíbrios \bar{S} em relação a θ e em Figura 3.3 (b) dos \bar{I} .

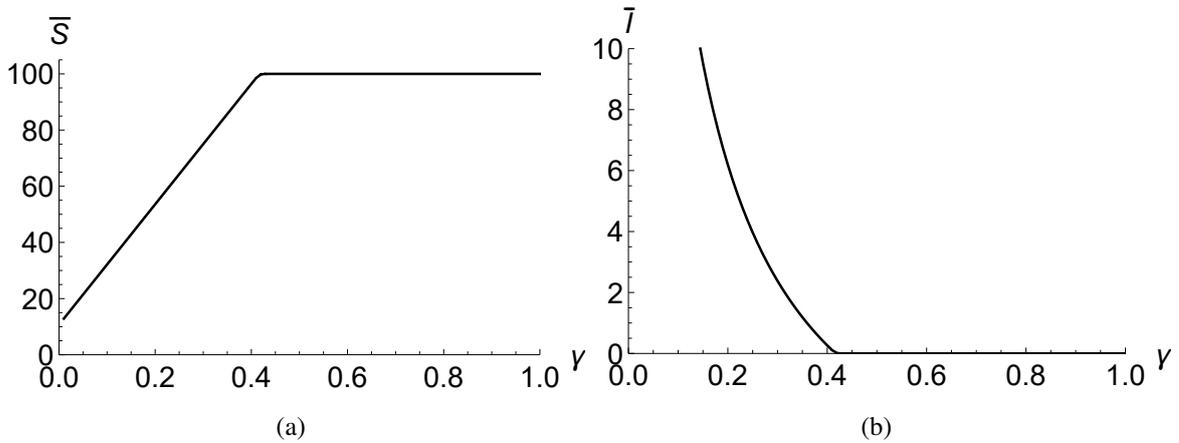
Figura 3.3 – Com $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\beta = 0,7$; (a) Diagrama de bifurcação para \bar{S} em relação a θ e (b) Diagrama de bifurcação para \bar{I} em relação a θ .



Fonte: Autora.

Com $\beta = 0,7$ e $\theta = 0,1$, na Figura 3.4 pode ser visto os diagramas de bifurcação em relação ao parâmetro γ . Em Figura 3.4 (a) os equilíbrios \bar{S} em relação a γ e em Figura 3.4 (b) dos \bar{I} em relação ao parâmetro γ .

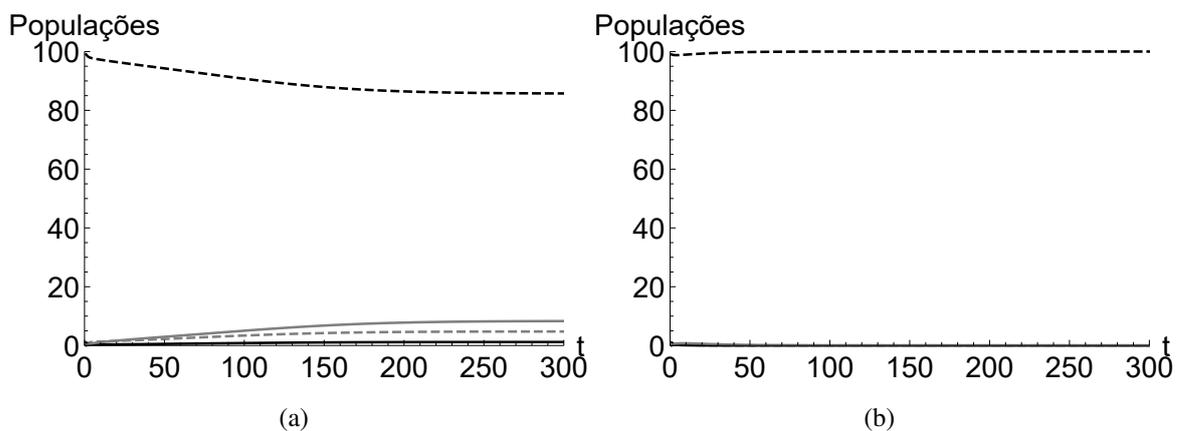
Figura 3.4 – Com $N = 100$, $b = 0,05$, $\theta = 0,1$, $\beta = 0,7$, (a) Diagrama de bifurcação para \bar{S} em relação a γ e (b) Diagrama de bifurcação para \bar{I} em relação a γ .



Fonte: Autora.

Na Figura 3.5 são apresentadas soluções do modelo SEIR com população $N = 100$, onde $S_0 = 99$ e $I_0 = 1$. O parâmetro β foi escolhido a partir dos diagramas de bifurcação apresentados. Para $\beta = 0,7$, $R_0 \simeq 1,16$, observa-se a ocorrência de epidemia (Figura 3.5 (a)), pois as populações tendem ao equilíbrio endêmico. Na Figura 3.5 (b) com $\beta = 0,2$, que corresponde a $R_0 \simeq 0,3$ é possível verificar que após um curto período de tempo não haverá mais infectados e toda população volta a ser suscetível. Os suscetíveis são representados pela linha pontilhada preta, os infectados, pela linha preta contínua, os latentes pela linha pontilhada cinza e os recuperados pela linha cinza contínua.

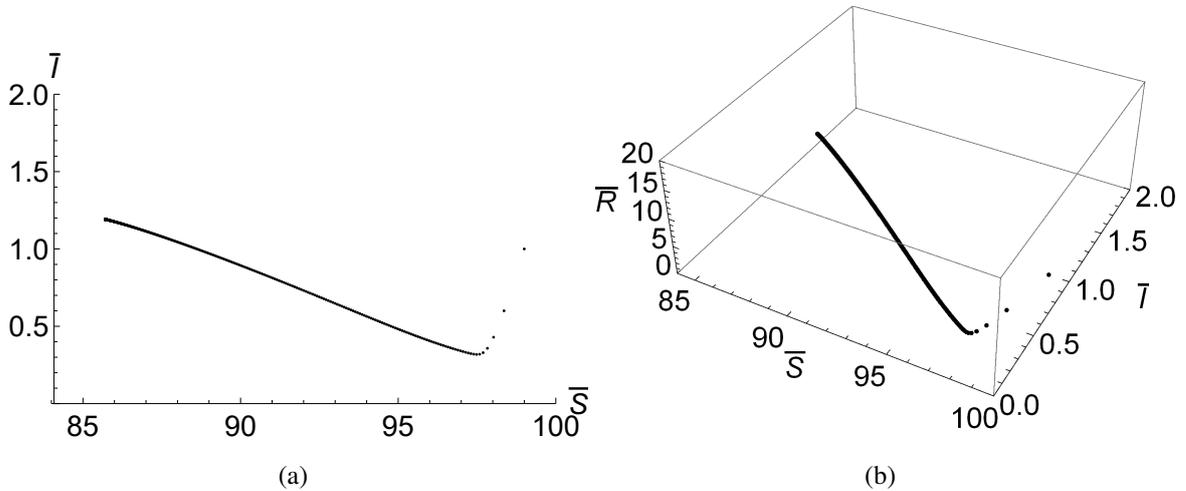
Figura 3.5 – Soluções do modelo SEIR para $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$ e $\theta = 0,1$ e (a) $\beta = 0,7$ ($R_0 \simeq 1,16$) e (b) $\beta = 0,2$ ($R_0 \simeq 0,3$). Suscetíveis (curva preta pontilhada), infecciosos (linha preta contínua), latentes (linha cinza pontilhada) e recuperados (linha cinza contínua).



Fonte: Autora.

Nas Figuras 3.6 (a) e (b) são vistas, respectivamente, a trajetória no plano (S, I) e a trajetória no espaço tridimensional (S, I, R) .

Figura 3.6 – (a) Trajetória no plano de fase (\bar{S}, \bar{I}) e (b) Trajetória no espaço de fase $(\bar{S}, \bar{I}, \bar{R})$ para o Modelo SEIR com $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\beta = 0,7$ e $\theta = 0,1$.

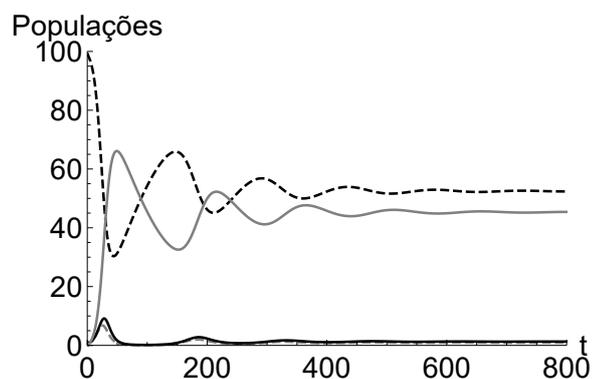


Fonte: Autora.

Diagramas de bifurcação são de grande importância no estudo de sistemas dinâmicos mostrando os possíveis comportamentos assintóticos de um modelo. No entanto, não mostram os transientes, de grande relevância quando se trata de sistemas epidemiológicos. Conhecer o transcorrer de uma epidemia pode ser mais importante (e necessário) do que saber o seu estado final. Através das simulações, pode-se perceber que o parâmetro b tem um papel relevante no surgimento de picos epidêmicos. Quanto maior a expectativa de vida dos indivíduos, isto é, quanto menor o valor de b , mais propenso a oscilações é o sistema.

Na Figura 3.7 ilustra-se uma solução do modelo SEIR para $b = 0,01$. Lembrando que a escala aqui considerada é de dias, este valor de b é ainda grande para descrever a expectativa de vida da população humana. No entanto, foi escolhido para permitir uma visualização da dinâmica. Valores de b compatíveis com a população humana produzem resultados qualitativos semelhantes, porém, com oscilações em uma escala muitas ordens de grandeza mais lenta.

Figura 3.7 – Soluções do modelo SEIR para $b = 0,01$, $\beta = 0,7$, $\gamma = 0,35$ e $\theta = 0,5$ ($R_0 \simeq 1,91$). Suscetíveis (curva preta pontilhada), infecciosos (linha preta contínua), latentes (linha cinza pontilhada) e recuperados (linha cinza contínua).



Fonte: Autora.

3.5 COMPARAÇÃO DOS MODELOS SIR E SEIR

Nesta seção é apresentada uma comparação entre os resultados qualitativos do modelo SIR e do modelo SEIR.

Como verificado neste trabalho, assim como o modelo SIR, o modelo SEIR também tem uma solução de equilíbrio livre da doença e outra endêmica.

A expressão de R_0 para o modelo SEIR é ligeiramente diferente

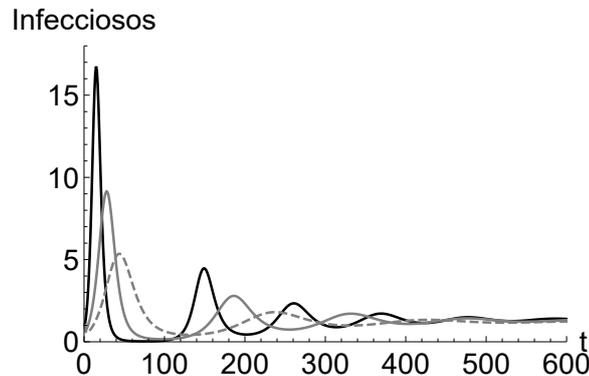
$$R_0^{SEIR} = \frac{\beta \theta}{(b + \gamma)(b + \theta)} = \frac{\beta}{b + \gamma} \cdot \frac{\theta}{b + \theta} = R_0^{SIR} \cdot \frac{\theta}{b + \theta}. \quad (3.21)$$

De fato, o período de latência provoca uma redução no valor de R_0 . No entanto, essa diferença é muitas vezes insignificante, pois a duração do período latente é muito menor que a expectativa de vida $\frac{1}{b}$. Neste caso, $\frac{\theta}{b + \theta} \sim 1$, na expressão (3.21) e, portanto, $R_0^{SEIR} \approx R_0^{SIR}$.

Como as densidades de equilíbrio dependem de R_0 , para uma taxa de mortalidade b pequena, nos modelos SIR e SEIR no equilíbrio endêmico são qualitativamente semelhantes, desde que os números reprodutivos básicos sejam iguais.

No entanto, os dois modelos se comportam de maneira muito diferente na propagação da infecção com a presença de uma classe de expostos retardando o processo de transmissão.

Figura 3.8 – Infecciosos em função do tempo nos modelos SIR (curva em preto) e SEIR (curvas em cinza) para: $b = 0,01$, $\beta = 0,7$, $\gamma = 0,35$ e dois valores de θ , $\theta = 0,2$ (curva cinza tracejada) e $\theta = 0,5$ (curva cinza contínua).



Fonte: Autora.

4 MODELO SEIRS

Algumas doenças infecciosas conferem somente imunidade temporária, isto é, os indivíduos tornam-se novamente suscetíveis após um período de recuperação. Nesses casos, o modelo deve considerar um fluxo de retorno de indivíduos removidos para a classe dos suscetíveis.

Os modelos do tipo SEIR foram inicialmente utilizados para estudar a COVID-19. No entanto, estudos mais recentes demonstraram que a imunidade para a COVID-19 não é permanente. Novas infecções podem ocorrer aproximadamente três meses depois da recuperação de uma ocorrência da doença. Isto significa que um modelo do tipo SEIRS seria mais adequado para esta doença.

Nesta seção, um modelo do tipo SEIRS de tempo discreto é estudado.

4.1 MODELO DISCRETO

A Figura 4.1 ilustra o diagrama de fluxo para a dinâmica de uma doença com compartimentos S, E, I e R com retorno de recuperados para o compartimento dos suscetíveis. Em um modelo tipo SEIRS, a população também é dividida nas quatro classes:

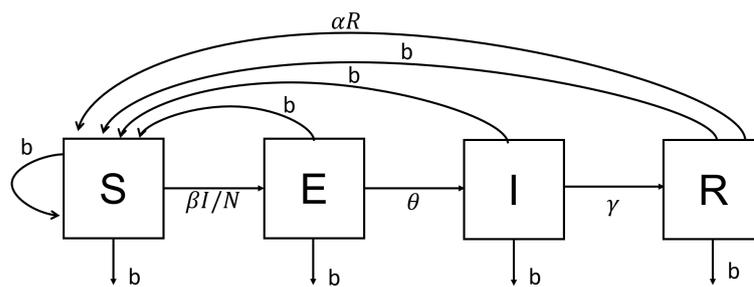
$S_t \equiv$ número de suscetíveis no tempo t ;

$E_t \equiv$ número de latentes (expostos) no tempo t ;

$I_t \equiv$ número de infecciosos no tempo t ;

$R_t \equiv$ número de removidos no tempo t .

Figura 4.1 – Diagrama de fluxo para o modelo SEIRS.



Fonte: Autora.

O seguinte sistema de equações a diferenças descreve o fluxo representado na Figura 4.1:

$$\begin{aligned}
 S_{t+1} &= S_t + b(E_t + I_t + R_t) - \frac{\beta}{N}I_t S_t + \alpha R_t, \\
 E_{t+1} &= E_t(1 - \theta - b) + \frac{\beta}{N}I_t S_t, \\
 I_{t+1} &= I_t(1 - \gamma - b) + \theta E_t, \\
 R_{t+1} &= R_t(1 - b) + \gamma I_t - \alpha R_t.
 \end{aligned} \tag{4.1}$$

Os parâmetros β , b , γ , θ têm os mesmos significados dos modelos SIR e SEIR. O parâmetro α representa a probabilidade de um indivíduo removido deixar a classe R e tornar-se suscetível novamente. $\frac{1}{\alpha}$ é o tempo médio de imunidade.

As condições iniciais $S_0, E_0, I_0, R_0 > 0$ também satisfazem $S_0 + E_0 + I_0 + R_0 = N$. Além disso, podemos observar que $S_t + E_t + I_t + R_t = N$ para todo t . As restrições para que as soluções não se tornem negativas são $b, \theta, \gamma, \alpha > 0, 0 < b + \gamma < 1, 0 < b + \theta < 1, 0 < b + \alpha < 1, 0 < \beta < 1$ e $0 < \alpha < 1$.

Como $S_t + E_t + I_t + R_t = N$, uma variável pode ser removida por exemplo R_t , pois $R_t = N - S_t - E_t - I_t$. Com isso, o sistema fica reduzido às três equações:

$$\begin{aligned} S_{t+1} &= S_t + b(N - S_t) - \frac{\beta}{N} I_t S_t + \alpha(N - S_t - E_t + I_t), \\ E_{t+1} &= E_t(1 - \theta - b) + \frac{\beta}{N} I_t S_t, \\ I_{t+1} &= I_t(1 - \gamma - b) + \theta E_t. \end{aligned} \quad (4.2)$$

Rearranjando (4.2), obtém-se

$$\begin{aligned} S_{t+1} &= S_t + (b + \alpha)(N - S_t) - \frac{\beta}{N} I_t S_t - \alpha(E_t + I_t), \\ E_{t+1} &= E_t(1 - \theta - b) + \frac{\beta}{N} I_t S_t, \\ I_{t+1} &= I_t(1 - \gamma - b) + \theta E_t. \end{aligned} \quad (4.3)$$

4.2 SOLUÇÕES DE EQUILÍBRIO DO MODELO

As soluções de equilíbrio do modelo (4.4) devem satisfazer:

$$\begin{aligned} \bar{S} &= \bar{S} + (b + \alpha)(N - \bar{S}) - \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S} - \alpha(\bar{E} + \bar{I}), \\ \bar{E} &= \bar{E} - \theta \bar{E} - b \bar{E} + \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S}, \\ \bar{I} &= \bar{I} - \gamma \bar{I} - b \bar{I} + \theta \bar{E}. \end{aligned}$$

Isto é,

$$(b + \alpha)(N - \bar{S}) - \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S} - \alpha(\bar{E} + \bar{I}) = 0, \quad (4.4)$$

$$-(\theta + b)\bar{E} + \frac{\beta}{N} \bar{I} \bar{S} = 0, \quad (4.5)$$

$$-(\gamma + b)\bar{I} + \theta \bar{E} = 0. \quad (4.6)$$

De (4.6) obtém-se

$$\bar{E} = \frac{\bar{I}(\gamma + b)}{\theta}. \quad (4.7)$$

Substituindo-se (4.7) em (4.5), segue

$$\bar{I} = 0 \text{ ou } \bar{S} = \frac{(\gamma + b)(\theta + b)N}{\theta\beta}. \quad (4.8)$$

Substituindo $\bar{I} = 0$ em (4.5) e (4.4), chega-se a $\bar{E} = 0$ e $\bar{S} = N$. Logo, o equilíbrio livre da doença é $(\bar{S}_1, \bar{E}_1, \bar{I}_1) = (N, 0, 0)$.

Por outro lado, substituindo-se \bar{S} , dado em (4.8), e \bar{E} , dado em (4.7), em (4.4), obtém-se

$$(b + \alpha) \left(\frac{N\beta\theta}{\beta\theta} - \frac{N(\theta + b)(\gamma + b)}{\beta\theta} \right) - \beta\bar{I} \frac{(\theta + b)(\gamma + b)}{\beta\theta} - \alpha \left(\frac{\beta\bar{I}(\gamma + b)}{\beta\theta} + \frac{\bar{I}\beta\theta}{\beta\theta} \right) = 0,$$

que fornece

$$\bar{I} = \frac{(b + \alpha)(N\beta\theta - N(\theta + b)(\gamma + b))}{(\beta(\theta + b)(\gamma + b) + \beta\alpha((\gamma + b) + \theta))}.$$

Com isso, o equilíbrio endêmico é dado por:

$$(\bar{S}_2, \bar{E}_2, \bar{I}_2) = \left(\frac{N(\theta + b)(\gamma + b)}{\beta\theta}, \frac{N(\gamma + b)(b + \alpha)(\beta\theta - (\theta + b)(\gamma + b))}{\theta(\beta(\theta + b)(\gamma + b) + \beta\alpha((\gamma + b) + \theta))}, \frac{(b + \alpha)N(\beta\theta - (\theta + b)(\gamma + b))}{\beta(\theta + b)(\gamma + b) + \beta\alpha((\gamma + b) + \theta)} \right) \quad (4.9)$$

Observa-se, mais uma vez, que \bar{R} é não nulo e, nesse caso, vale

$$\bar{R} = \frac{N\gamma(\beta\theta - (\theta + b)(\gamma + b))}{\beta(\alpha(\gamma + \theta) + b^2 + b(\alpha + \gamma + \theta) + \gamma\theta)}.$$

Para que o equilíbrio endêmico seja biologicamente relevante, exige-se que

$$(b + \alpha)N(\beta\theta - (\theta + b)(\gamma + b)) > 0.$$

Isto é,

$$\beta\theta > (\theta + b)(\gamma + b),$$

ou,

$$\frac{\beta\theta}{(\theta + b)(\gamma + b)} > 1.$$

A Matriz Jacobiana do sistema (4.4) é dada por

$$J_{(\bar{S}, \bar{E}, \bar{I})} = \begin{pmatrix} 1 - b - \alpha - \frac{\beta}{N}I & -\alpha & -\alpha - \frac{\beta}{N}S \\ \frac{\beta}{N}I & 1 - \theta - b & \frac{\beta}{N}S \\ 0 & \theta & 1 - \gamma - b \end{pmatrix}. \quad (4.10)$$

$J_{(S,E,I)}$ calculada no equilíbrio livre da doença, é

$$J_{(N,0,0)} = \begin{pmatrix} 1-b-\alpha & -\alpha & -\alpha-\beta \\ 0 & 1-\theta-b & \beta \\ 0 & \theta & 1-\gamma-b \end{pmatrix}.$$

Neste caso, para encontrar os autovalores calcula-se $\det(J - \lambda I) = 0$,

$$\begin{vmatrix} 1-b-\alpha-\lambda & -\alpha & -\alpha-\beta \\ 0 & 1-\theta-b-\lambda & \beta \\ 0 & \theta & 1-\gamma-b-\lambda \end{vmatrix} = 0. \quad (4.11)$$

$\det(J - \lambda I)$ pode ser reescrito como $\det(J - \lambda I) = (1-b-\alpha-\lambda) \det(J_1 - \lambda I)$, onde

$$J_1 = \begin{pmatrix} 1-\theta-b & \beta \\ \theta & 1-\gamma-b \end{pmatrix}. \quad (4.12)$$

Os autovalores de $J_{(S,E,I)}$ são calculados de $\det(J - \lambda I) = 0$. Assim como no Capítulo 3, $\lambda_1 = 1-b-\alpha$ segue de $1-b-\alpha-\lambda = 0$ enquanto $\lambda_{2,3}$ resultam de $\det(J_1 - \lambda I) = 0$. O autovalor $0 < \lambda_1 < 1$ pois $b + \alpha < 1$. Como J_1 em (4.12) é exatamente a mesma matriz J_1 do modelo SEIR (ver (3.14)), as condições para que os autovalores $\lambda_{2,3}$ do modelo SEIRS tenham módulo menor do que 1, são as mesmas obtidas para o modelo SEIR. Isto é,

$$\frac{\beta\theta}{(\gamma+b)(\theta+b)} < 1. \quad (4.13)$$

Portanto, o Número Reprodutivo Básico para o modelo SEIRS é

$$R_0 = \frac{\beta\theta}{(\gamma+b)(\theta+b)}, \quad (4.14)$$

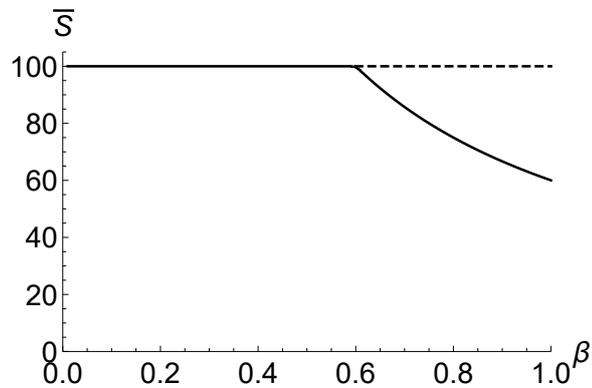
e o equilíbrio livre da doença é assintoticamente estável se $R_0 < 1$.

4.3 SIMULAÇÕES

Algumas simulações do modelo SEIRS são apresentadas nessa seção.

Como pode ser observado pela expressão do equilíbrio endêmico dos suscetíveis (4.9), \bar{S} não depende de α . Além disso, como o número reprodutivo básico do modelo SEIRS é o mesmo modelo SEIR, o diagrama de bifurcação de \bar{S} é o mesmo que o do modelo SEIR, independente do valor α escolhido, como pode ser visto na Figura 4.2.

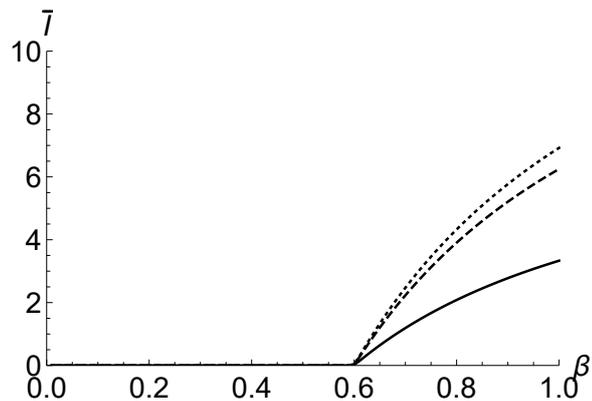
Figura 4.2 – Diagrama de bifurcação de \bar{S} para o modelo SEIRS em relação a β para: $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$ e $\alpha = 0,7$. A curva contínua indica o equilíbrio estável enquanto a curva tracejada corresponde ao equilíbrio instável.



Fonte: Autora.

Por outro lado, o equilíbrio endêmico dos infecciosos \bar{I} assume valores maiores, à medida que α aumenta a partir de $\alpha = 0$ (que corresponde ao modelo SEIR). A Figura 4.3 ilustra equilíbrio de infecciosos em função de β , para diferentes valores de α . Uma comparação do número de infecciosos em função do tempo para diferentes valores α pode ser vista na Figura 4.6.

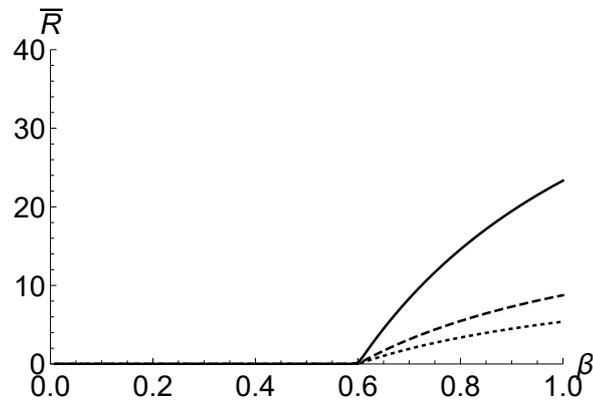
Figura 4.3 – Diagrama de bifurcação de \bar{I} para o modelo SEIRS em relação a β para: $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$ e $\theta = 0,1$. As curvas correspondem ao equilíbrio endêmico dos infecciosos para $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).



Fonte: Autora.

O número de recuperados de equilíbrio, por sua vez, diminui com aumentos em α , como pode ser visto na Figura 4.4.

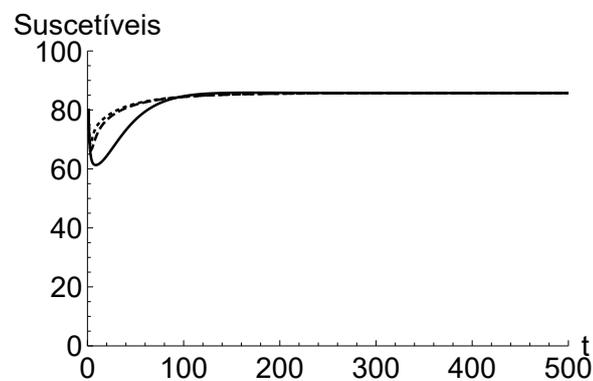
Figura 4.4 – Diagrama de bifurcação de \bar{R} para o modelo SEIRS em relação a β para: $N = 100$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$ e $\theta = 0,1$. As curvas correspondem ao equilíbrio endêmico dos recuperados para $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).



Fonte: Autora.

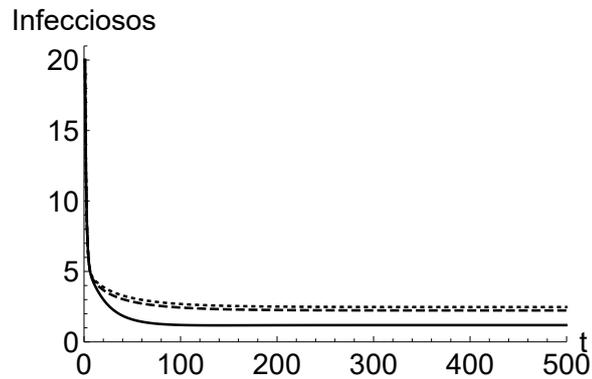
Nas Figuras 4.5, 4.6 e 4.7 podem ser visto os gráficos dos número de suscetíveis, infecciosos e recuperados, respectivamente, em função do tempo com as condições iniciais sendo $N = 100$, $S = 80$, $I = 20$ e $\beta = 0,7$, essas condições foram escolhidas para melhor visualização do comportamento das populações em função ao tempo.

Figura 4.5 – Número de suscetíveis em função do tempo para: $I_0 = 20$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$ e $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).



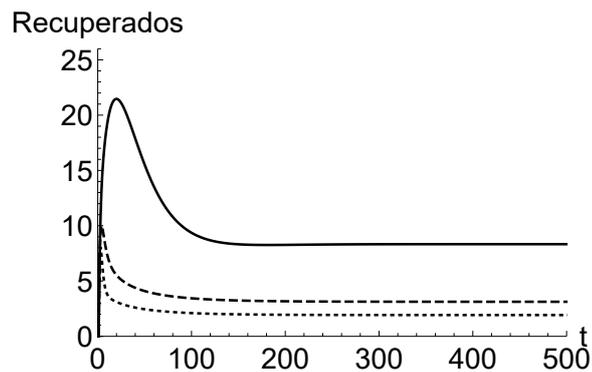
Fonte: Autora.

Figura 4.6 – Número de infecciosos em função do tempo para: $I_0 = 20$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$ e, $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).



Fonte: Autora.

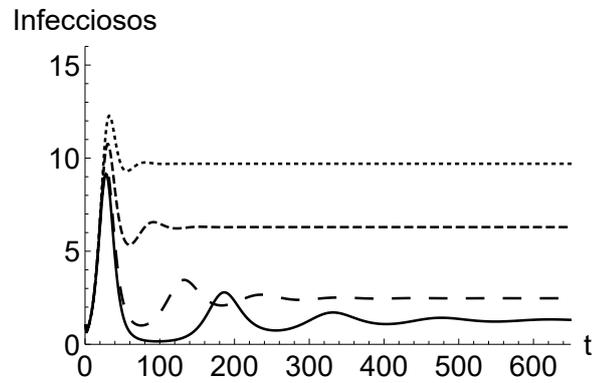
Figura 4.7 – Número de recuperados em função do tempo para: $I_0 = 20$, $b = 0,05$, $\gamma = 0,35$, $\theta = 0,1$ e, $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,2$ (curva tracejada) e $\alpha = 0,4$ (curva pontilhada).



Fonte: Autora.

Como pode ser observado na Figura 4.8, outro efeito da perda de imunidade, além do aumento do número de infecciosos de equilíbrio, é a supressão das oscilações. À medida que α aumenta, as oscilações e os picos secundários da infecção são amortecidos, até que o equilíbrio seja atingido monotonicamente, para α suficientemente grande.

Figura 4.8 – Número de infecciosos com relação ao tempo no modelo SEIRS para $b = 0,01$, $\gamma = 0,35$, $\beta = 0,7$, $\theta = 0,5$ e diferentes valores de α : $\alpha = 0$ (curva contínua), $\alpha = 0,01$ (tracejada larga), $\alpha = 0,05$ (tracejada) e $\alpha = 0,1$ (pontilhada).



Fonte: Autora.

5 CONCLUSÕES

Neste trabalho foram estudados três modelos matemáticos discretos para uma doença endêmica prevalente em uma população. Em uma endemia é importante analisar a dinâmica a longo prazo e, portanto, os nascimentos e mortes não relacionados à doença devem ser considerados no modelo.

No Capítulo 2, o modelo SIR tempo discreto com dinâmica vital proposto por Allen (2007) é analisado através das técnicas usuais em Matemática Aplicada. O parâmetro adimensional R_0 que governa a dinâmica do sistema de equações foi determinado.

O modelo apresenta duas soluções de equilíbrio: o equilíbrio livre da doença e o endêmico. Conclui-se que o equilíbrio endêmico existe e é estável se $R_0 > 1$, caso contrário, o equilíbrio livre da doença é estável. Em $R_0 = 1$ ocorre uma bifurcação transcítica na qual os equilíbrios trocam de estabilidade. Para $R_0 > 1$ as populações oscilam com amplitude decrescente à medida que se aproximam do equilíbrio endêmico.

No Capítulo 3, é incorporada ao SIR uma nova classe E de expostos na qual os indivíduos estão infectados mas não infecciosos; isto é, não transmitem a doença. Como o modelo SIR, o modelo SEIR também tem um equilíbrio endêmico e um equilíbrio livre da doença. O comportamento qualitativo do modelo SEIR no equilíbrio endêmico é muito semelhante ao do modelo SIR. Para valores pequenos do parâmetro b , $R_0^{SEIR} \approx R_0^{SIR}$. Isto implica que os valores do equilíbrio endêmico são aproximadamente iguais para os dois modelos. Porém, os dois modelos se comportam de maneira bastante diferente em relação à propagação de uma doença. O período de latência retarda a dinâmica de propagação.

No Capítulo 4, propõe-se uma modificação do modelo SEIR para incluir uma imunidade temporária. Após um intervalo de tempo, os indivíduos recuperados perdem a imunidade e tornam-se suscetíveis novamente. Também aqui, são observados dois estados de equilíbrio: um equilíbrio livre da doença e um equilíbrio endêmico. Vale destacar que a população de suscetíveis de equilíbrio não depende do fator de perda de imunidade. O equilíbrio dos indivíduos infecciosos, por outro lado, aumenta à medida que diminui a permanência na classe dos recuperados. Além disso, a perda de imunidade suprime o regime oscilatório para α suficientemente grande. Isto é, a população de infecciosos assume valores altos sem a ocorrência de picos epidêmicos secundários.

Em todos os modelos, as oscilações observadas para certas combinações dos parâmetros, são amortecidas com o tempo. Para nenhuma combinação dos parâmetros foram observadas oscilações sustentadas.

Em trabalhos futuros, pretende-se incluir crescimento dependente da densidade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLEN, L. J. S. **An Introduction to MATHEMATICAL BIOLOGY**. Upper Saddle River, New Jersey: Pearson/Prentice Hall, 2007.

BRITTON, N. F. **Essential Mathematical Biology**. University of Bath, Claverton Down, Bath B: Springer, 2003.

EDELSTEIN-KESHET, L. **Mathematical Models in Biology**. University of British Columbia Vancouver, British Columbia, Canada: Society for Industrial and Applied Mathematics Philadelphia, 2005.

KEELING, M. J.; ROHANI, P. **Modeling Infectious Diseases IN HUMANS AND ANIMALS**. 41 William Street, Princeton, New Jersey: Princeton University Press, 2008.

PEREIRA, S. D. **Conceitos e Definições da Saúde e Epidemiologia usados na Vigilância Sanitária**. 2007. <http://www.cvs.saude.sp.gov.br/pdf/epid_visa.pdf>. Acesso em 17 de jun. de 2022.

QUARTIERI, M. T. **Estudo de modelos epidemiológicos determinístico básico em doenças causadas por microparasitas**. Porto Alegre-RS: PPGMAp da UFRGS, 2004.

VRIES, G. de et al. **A Course in Mathematical Biology**. University City Science Center, Philadelphia: Society for Industrial and Applied Mathematics Philadelphia, 2005.

APÊNDICE A – ESTABILIDADE LINEAR

A.1 – SISTEMAS 2X2

Para analisar a estabilidade do sistema 2X2, estuda-se o comportamento de pequenas perturbações nas soluções de equilíbrios, expandido em séries de Taylor as funções $f(x_t, y_t)$ e $g(x_t, y_t)$, sendo essas $x_{t+1} = f(x_t, y_t)$ e $y_{t+1} = g(x_t, y_t)$, e após usando o Teorema A.1.1 que foi obtido desprezando os termos de ordem quadrática, tem-se um sistema linear para as perturbações, nas quais pode-se calcular os autovalores desse novo sistema a partir da Matriz Jacobiana do sistema que é dada por

$$J_{(x,y)} = \begin{pmatrix} f_x & f_y \\ g_x & g_y \end{pmatrix} \quad (\text{A.1})$$

Teorema A.1.1. *Suponha que as funções $f(x, y)$ e $g(x, y)$ tenha derivadas parciais contínuas de primeira ordem em x e y em algum conjunto aberta de \mathbb{R}^2 que contém o ponto (\bar{x}, \bar{y}) . Então o ponto de equilíbrio (\bar{x}, \bar{y}) do sistema linear*

$$x_{t+1} = f(x_t, y_t), \quad y_{t+1} = g(x_t, y_t)$$

é localmente assintoticamente estável se os autovalores da matriz jacobiana J avaliada no equilíbrio satisfaz $|\lambda_i| < 1$ se

$$|Tr(J)| < 1 + det(J) < 2. \quad (\text{A.2})$$

O equilíbrio é instável se algum $|\lambda_i| > 1$, isto é, se qualquer uma das três desigualdades for satisfeita,

$$Tr(J) > 1 + det(J), \quad Tr(J) < -1 - det(J) \quad \text{ou} \quad det(J) > 1. \quad (\text{A.3})$$

Prova: Mostrando que a condição (A.2) vale se os valores próprios de J tiverem magnitude menor que um. Denote $\tau = Tr(J)$ e $\delta = det(J)$. Então a equação característica da matriz jacobiana J é

$$p(\lambda) = \lambda^2 - \tau\lambda + \delta = 0$$

Os valores próprios são os zeros de $p(\lambda)$, isto é,

$$\lambda_{1,2} = \frac{\tau \pm \sqrt{\tau^2 - 4\delta}}{2}$$

Mostra-se em $|\lambda| < 1$ se $|\tau| < 1 + \delta < 2$. Primeiro, prova-se que $|\lambda| < 1$ implica $|\tau| < 1 + \delta < 2$. Considerando dois casos, quando os valores próprios são reais e quando são conjugados

complexos.

Caso (1) suponha $|\lambda| < 1$ e os autovalores sejam reais. Então $\tau^2 \geq 4\delta$. A parábola $\lambda^2 - \tau\lambda + \delta$ cruza o eixo λ em dois lugares λ_1 e λ_2 . Suponha $\lambda_2 \leq \lambda_1$. Como o vértice da parábola ocorre em $\frac{\tau}{2}$, segue da suposição $|\lambda| < 1$ que

$$-1 < \lambda_2 \leq \frac{\tau}{2} \leq \lambda_1 < 1$$

Assim, $|\frac{\tau}{2}| < 1$, então $4 > \tau^2 \geq 4\delta$ implicando $\delta < 1$. Também, as distâncias $|\frac{\tau}{2} - 1| > |\frac{\tau}{2} - \lambda_1|$ e $|\frac{\tau}{2} + 1| > |\frac{\tau}{2} - \lambda_2|$. Desde $|\frac{\tau}{2} - \lambda_i| = \frac{\sqrt{\tau^2 - 4\delta}}{2}$, segue-se que

$$1 - \frac{|\tau|}{2} > \frac{\sqrt{\tau^2 - 4\delta}}{2}$$

Quadrando ambos os lados, $1 - |\tau| + \frac{\tau^2}{4} > \frac{\tau^2 - 4\delta}{4}$. Então simplificando leva a $1 + \delta > |\tau|$. Portanto, $|\lambda_i| < 1$ implica em $|\tau| < 1 + \delta < 2$.

Caso (2) suponha $|\lambda| < 1$ e os autovalores sejam conjugados complexos. Então $\tau^2 < 4\delta$. Os autovalores satisfazem

$$\lambda_{1,2} = \frac{\tau}{2} \pm i \frac{\sqrt{\tau^2 - 4\delta}}{2}$$

e

$$|\lambda_i|^2 < \frac{\tau^2}{4} + \delta - \frac{\tau^2}{4} = \delta$$

Assim, $0 < \delta < 1$. Mas $\tau^2 < 4\delta$ implica $|\tau| < 2\sqrt{\delta}$ e $2\sqrt{\delta} < 1 + \delta$. Por isso, $|\lambda_i| < 1$ implicando $|\tau| < 1 + \delta < 2$. A seguir, mostra-se que $|\tau| < 1 + \delta < 2$ implica $|\lambda_i| < 1$. Novamente, considerando dois casos, quando os autovalores são reais e quando são complexos.

Caso (1) suponha $|\tau| < 1 + \delta < 2$ e os autovalores sejam reais. Então $\tau^2 \geq 4\delta$. Denote $\lambda_1 = \tau/2 + (1/2)\sqrt{\tau^2 - 4\delta}$ e $\lambda_2 = \tau/2 - (1/2)\sqrt{\tau^2 - 4\delta}$ de modo $\lambda_2 \leq \lambda_1$. Precisa-se mostrar que $\lambda_1 < 1$ e $\lambda_2 > -1$ reorganizando a desigualdade em $|\tau| < 1 + \delta$ leva a $1 - |\tau| > -\delta$. Adicione $\frac{\tau^2}{4}$ a ambos os lados da última desigualdade,

$$(1 - |\tau|/2)^2 > \tau^2/4 - \delta \geq 0$$

e tirando a raiz quadrada de ambos os lados,

$$1 - \frac{|\tau|}{2} > \frac{\sqrt{\tau^2 - 4\delta}}{2}$$

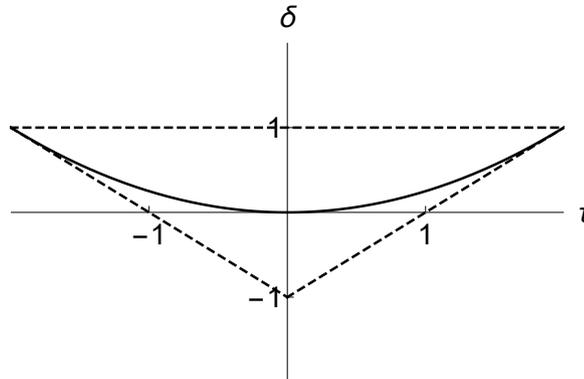
Assim, $1 > |\tau|/2 + \sqrt{\tau^2 - 4\delta}/2 \geq \lambda_1$ e $-1 < -|\tau|/2 - \sqrt{\tau^2 - 4\delta}/2 \leq \lambda_2$, primeiro caso está provado.

Caso (2) suponha $|\tau| < 1 + \delta < 2$ e os autovalores λ_i são complexos. Assim, $|\lambda_i|^2 = \delta < 1$. Todos os casos foram verificados.

O equilíbrio (\bar{x}, \bar{y}) vai ser instável se $|\lambda_i| > 1$, ou seja, isso ocorre se alguma das três

desigualdades em (A.3) não for verificada.

Figura A.1 – Estabilidade



Fonte: Autora.

□

A.2 – SISTEMAS 3X3 OU ORDEM SUPERIOR

Para analisar a estabilidade do sistema de ordem 3 ou superior, nos pontos de equilíbrio, faz-se pequenas perturbações no sistema. Calculando a Matriz Jacobiana:

$$J_{(S,E,I)} = \begin{pmatrix} f_S & f_E & f_I \\ g_S & g_E & g_I \\ h_S & h_E & h_I \end{pmatrix}$$

Aplica-se a Condição de Jury para essa matriz.

A.2.1 – Condição de Jury

Os critérios de estabilidade local para sistemas de primeira ordem para equações a diferença de ordem superior dependem do comportamento do sistema linearizado. Considere um sistema de primeira ordem consistindo de n equações $X(t) = (x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t))^T$,

$$X(t+1) = F(X(t)) \quad (\text{A.4})$$

onde $F = (f_1, f_2, \dots, f_n)^T$ e $f_i \equiv f_i(x_1, x_2, \dots, x_n)$, $i = 1, 2, \dots, n$. Suponha que o sistema (A.4) tem um equilíbrio em \bar{X} . Então se $U_t = X_t - \bar{X}$, a linearização de (A.4) em torno de \bar{X} leva ao sistema

$$U_{t+1} = JU_t$$

onde J é a Matriz Jacobiana avaliada em \bar{X} ,

$$J = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1(\bar{X})}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1(\bar{X})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_1(\bar{X})}{\partial x_n} \\ \frac{\partial f_2(\bar{X})}{\partial x_1} & \frac{\partial f_2(\bar{X})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_2(\bar{X})}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n(\bar{X})}{\partial x_1} & \frac{\partial f_n(\bar{X})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_n(\bar{X})}{\partial x_n} \end{pmatrix}$$

A estabilidade assintótica local de \bar{X} depende dos autovalores da matriz jacobiana, que por sua vez dependem da existência das derivativas parciais em uma região que contenha \bar{X} . Portanto, para a estabilidade assintótica local de \bar{X} , exigimos que as derivadas parciais de f sejam contínuas em um conjunto aberto contendo \bar{X} .

Os autovalores da matriz Jacobiana são as soluções da equação característica

$$\det(J - \lambda I) = 0 \quad (\text{A.5})$$

Os autovalores são os zeros do seguinte polinômio característico de $n - \text{ésimo}$ grau:

$$p(\lambda) = \lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + a_2\lambda^{n-2} + \dots + a_n \quad (\text{A.6})$$

Os coeficientes em (A.6) são reais porque as funções f_1 são reais. Para $n = 2$, $a_1 = -\text{Tr}(J)$ e $a_2 = \det(J)$.

As condições que devem ser satisfeitas para a estabilidade assintótica local são conhecidas como as Condições de Jury ou o teste de Jury. Essas condições garantem que as raízes do polinômio característico (A.6) satisfaçam $|\lambda_i| < 1$. Essas condições também são referidas como os critérios de Schar-Cohn (Flaydi, 1999). Schur e Cohn condições necessárias e suficientes derivadas para que as soluções de (A.6) satisfizessem $|\lambda_i| < 1$ quando os coeficientes a_j são complexos. Jury (1964, 1971, 1974) simplificando algumas das condições derivadas por Schur e Cohn quando os coeficientes a_j são reais. As condições são complicadas para grandes n . No entanto, as condições do Jury para um polinômio característico de terceiro grau,

$$p(\lambda) = \lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3 \quad (\text{A.7})$$

são fáceis de afirmar.

Teorema A.2.1. (Condições de Jury, critérios de Schur-Cohn, $n = 3$). *Suponha que o polinômio característico $p(\lambda)$ seja dado por (A.7). A solução é λ_i , $i = 1, 2, 3$, de $p(\lambda) = 0$ satisfaz $|\lambda_i| < 1$ se as três condições seguintes se mantiverem:*

- (i) $p(1) = 1 + a_1 + a_2 + a_3 > 0$,
- (ii) $(-1)^3 p(-1) = 1 - a_1 + a_2 - a_3 > 0$,
- (iii) $1 - (a_3)^2 > |a_2 - a_3 a_1|$.

Teorema A.2.2. *Se as soluções λ_i , $i = 1, 2, \dots, n$, de (A.6), $p(\lambda) = 0$ satisfaz $|\lambda_i| < 1$ então:*

(a) $p(1) = 1 + a_1 + a_2 + \dots + a_n > 0$,

(b) $(-1)^n p(-1) = 1 - a_1 + a_2 - \dots + (-1)^n a_n > 0$, (alternando o sinal)

(c) $|a_n| < 1$.

A condição (c) do Teorema A.2.2 decorre do fato de que a_n é o produto dos autovalores, $a_n = \lambda_1 \cdot \dots \cdot \lambda_n$. Se uma das condições anteriores não for satisfeita, então existe uma raiz $|\lambda_n| > 1$. No entanto, se todas as condições anteriores forem satisfeitas, as demais condições do teste do Jury devem ser verificadas para determinar a estabilidade assintótica local.