



Universidade de Brasília  
Instituto de Ciências Exatas  
Departamento de Matemática  
Programa de Mestrado Profissional  
em Matemática em Rede Nacional



# **Modelos Matemáticos de Dinâmicas Epidemiológicas e Aplicações em Sala De Aula**

Gerson Ferreira Rocha

Brasília

2023



Gerson Ferreira Rocha

# **Modelos Matemáticos de Dinâmicas Epidemiológicas e Aplicações em Sala De Aula**

Dissertação apresentada ao Departamento de Matemática da Universidade de Brasília, como parte dos requisitos do “Programa” de Mestrado Profissional em Matemática em Rede Nacional - PROFMAT, para obtenção do grau de Mestre.

Universidade de Brasília - UnB  
Departamento de Matemática - MAT  
PROFMAT - SBM

Orientador: Prof. Dr. Vinicius de Carvalho Rispoli

Brasília  
2023

Posição vertical

---

Gerson Ferreira Rocha

Modelos Matemáticos de Dinâmicas Epidemiológicas e Aplicações em Sala De  
Aula/ Gerson Ferreira Rocha. – Brasília, 2023-  
80 p. : il. (algumas color.) ; 30 cm.

Orientador: Prof. Dr. Vinicius de Carvalho Rispoli

Dissertação de Mestrado – Universidade de Brasília - UnB  
Departamento de Matemática - MAT  
PROFMAT - SBM, 2023.

1. Palavra Chave 1. 2. Palavra Chave 2. I. Nome do Orientador. II. Universidade  
de Brasília. III. PROFMAT - SBM. IV. Título XYZ

CDU XYZ 02:141:005.7

---

Universidade de Brasília  
Instituto de Ciências Exatas  
Departamento de Matemática

# Modelos Matemáticos de Dinâmicas Epidemiológicas e Aplicações em Sala De Aula

por

**Gerson Ferreira Rocha**

Dissertação apresentada ao Departamento de Matemática da Universidade de Brasília, como parte dos requisitos do “Programa” de Mestrado Profissional em Matemática em Rede Nacional - PROFMAT, para obtenção do grau de

**MESTRE**

Brasília, 15 de Dezembro de 2023

Comissão Examinadora:

---

Prof. Dr. Vinicius de Carvalho Rispoli - MAT/UnB (Orientador)

---

Profa. Dra. Tatiane da Silva Evangelista - FGA/UnB (Membro Interno)

---

Profa. Dra. Camila de Oliveira Vieira - UFOB (Membro Externo)



*Este trabalho é dedicado a todas as pessoas que bravamente contribuíram para amenizar o sofrimento causado pela recente pandemia de Covid-19, bem como às famílias das pessoas que tiveram suas vidas ceifadas por essa tragédia sanitária.*



# Agradecimentos

Apesar de este ser um trabalho desenvolvido individualmente, muitas pessoas contribuíram direta e indiretamente para a sua realização.

Primeiramente gostaria de agradecer a minha família que sempre me apoio em minha jornada pelas ciências, as vezes incentivando, às vezes apontando minhas falhas e meus deslizes e sugerindo possíveis correções. Dedico um agradecimento especial à minha companheira Laudenira, sempre presente em minha vida nos bons e maus momentos; ao meu pai, referência de caráter e sabedoria que contribuiu decisivamente para forjar minha personalidade; e a meu irmão Kelson e sua esposa Ana Paula, que gentilmente cederam sua casa para que eu pudesse realizar o exame de admissão ao Profmat em um momento em que o sinal de internet estava instável no meu bairro.

Agradeço também a equipe do Profmat por não medir esforços para o aprimoramento da educação matemática brasileira, sobretudo aos seus representantes na Universidade de Brasília, sempre corteses e solícitos em seus relacionamentos com os alunos.

Aos meus colegas de jornada no Profmat, meus agradecimentos por todas as experiências compartilhadas, pelo apoio nos momentos difíceis e pela presença nas comemorações após a superação de dificuldades.

Dedico um agradecimento especial ao meu orientador Vinicius Rispoli, que abraçou sem hesitação a ideia para a realização desse projeto, e sem o qual este trabalho não seria possível.

E muito obrigado a todos os outros que de alguma forma contribuíram para a concretização deste trabalho e que não foram nominalmente citados devido a um lapso de memória.



*“Há verdadeiramente duas coisas diferentes: saber e crer que se sabe. A ciência consiste em saber; em crer que se sabe reside a ignorância. ”*

*Hipócrates*



# Resumo

Visando disseminar a cultura da epidemiologia matemática, este trabalho trará uma análise dos modelos compartimentais básicos de Kermack-Mackendrick SIS e SIR. Efeitos demográficos e efeitos de vacinação em pulso sobre a epidemia serão investigados utilizando este último modelo. Devido a sua importância para os estudos epidemiológicos, ênfase será dada ao número básico de reprodução da doença e a seu significado como quantidade de infecções secundárias provocadas por um indivíduo infeccioso. Além disso, serão apresentadas duas propostas de introdução da epidemiologia matemática nas escolas de ensino básico, uma com a apresentação pontual dos modelos epidemiológicos discretizados como sequências recursivas acopladas, e a outra como projeto interdisciplinar envolvendo programação de computadores, matemática e disciplinas afins com o propósito de construir modelos epidemiológicos, implementá-los computacionalmente e estudar as dinâmicas por eles descritas.

**Palavras-chaves:** SIR; SIS; Número de reprodução; Python; Interdisciplinaridade.



# Abstract

Aiming to disseminate the culture of mathematical epidemiology, this work will provide an analysis of the basic Kermack-Mackendrick SIS and SIR compartmental models. Demographic effects and effects of pulse vaccination on the epidemic will be investigated using this last model. Due to its importance for epidemiological studies, emphasis will be placed on the basic reproduction number of the disease and its meaning as the number of secondary infections caused by an infectious individual. Furthermore, two proposals for introducing mathematical epidemiology in junior school and high school will be presented, one with the specific presentation of epidemiological models discretized as coupled recursive sequences, and the other as an interdisciplinary project involving computer programming, mathematics and related disciplines, with the purpose to build epidemiological models, implement them computationally and study the dynamics they describe.

**Key-words:** SIR model; SIS model; Reproduction Number; Python; interdisciplinarity.



# Lista de ilustrações

Figura 1 – Diagrama de fluxo do modelo SIR . . . . .	24
Figura 2 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados para as condições: $N = 20 + 10^7$ , $S(0) \approx 10^7$ , $I(0) = 20$ e $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 0,9$ . Valores de $I$ e $S$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	27
Figura 3 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados para as condições: $N = 20 + 10^7$ , $S(0) = 10^7$ , $I(0) = 20$ e $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ . Valores de $I$ e $S$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	27
Figura 4 – Diagrama de fluxo do modelo SIS . . . . .	30
Figura 5 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados e suscetíveis: $N = 20 + 10^7$ , $S(0) = 10^7$ , $I(0) = 20$ e $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ . Valores de $I$ e $S$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	31
Figura 6 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados e suscetíveis. $N = 20 + 10^7$ , $S(0) = 10^7$ , $I(0) = 20$ e $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 0,9$ . Valores de $I$ e $S$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	31
Figura 7 – Diagrama de fluxo do modelo SIR com influência da demografia. . . . .	33
Figura 8 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados e suscetíveis: $N = 20 + 10^7$ , $S(0) = 10^7$ , $I(0) = 20$ , $\alpha = 0,08$ , $\beta = 0,32$ , $\Lambda = 0,1$ e $\mu = 0,05$ . Valores de $I$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	37
Figura 9 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados e suscetíveis: $N = 20 + 10^7$ , $S(0) = 10^7$ , $I(0) = 20$ , $\alpha = 0,08$ , $\beta = 0,32$ , $\Lambda = 0,1$ e $\mu = 0,05$ . Valores de $I$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	39
Figura 10 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados, suscetíveis e recupera- dos: $N = 10^7$ , $S(0) = 10^7$ , $I(0) = 20$ , $\alpha = 0,08$ , $\beta = 0,32$ , $\Lambda = 0,1$ e $\mu = 0,05$ . Valores de $S$ , $I$ e $R$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	39
Figura 11 – Equilíbrio endêmico com $\Lambda = 0,1$ , $\alpha = 0,08$ , $\beta = 0,32$ , e $\mu = 0,05$ . . . . .	41
Figura 12 – Diagrama de fluxo do modelo SIR com vacinação em pulso . . . . .	46
Figura 13 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados para as condições: $N = 20 + 10^7$ , $S(0) = 10^7$ , $I(0) = 20$ , $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,2$ , e $\delta = 0$ . Valores de $S$ e $I$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	47
Figura 14 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados para as condições: $N = 10^7$ , $S(0) = 10^7$ , $I(0) = 20$ , $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,2$ , e $\delta = 0,05$ . Valores de $S$ e $I$ normalizados por $S(0)$ . . . . .	47

Figura 15 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados, suscetíveis e recuperados:  
 $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$ ,  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,2$ , e  $\delta = 0,05$ . Valores de  $S$ ,  $I$  e  $R$  normalizados por  $S(0)$ . . . . . 48

Figura 16 – Dados da simulação da equação logística para:  $P(0) = 100$ ,  $r = 1,2$  e  $K = 350$ . . . . . 53

Figura 17 – Gráfico da simulação da equação logística para:  $P(0) = 100$ ,  $r = 1,2$  e  $K = 350$ . . . . . 54

Figura 18 – Dados da simulação do modelo SIS para:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 1$  e  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ . . . . . 55

Figura 19 – Gráficos da simulação do modelo SIS para:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 1$  e  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$  . . . . . 56

Figura 20 – Dados da simulação do modelo SIR para:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 1$  e  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ . . . . . 57

Figura 21 – Gráficos da simulação do modelo SIR para:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 1$  e  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ . . . . . 57

# Sumário

	<b>Introdução</b>	<b>19</b>
<b>1</b>	<b>OS MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS DE KERMACK-MCKENDRICK</b>	<b>23</b>
<b>1.1</b>	<b>O modelo SIR</b>	<b>23</b>
1.1.1	A Modelagem do Contágio	24
1.1.2	A Modelagem da Recuperação	25
1.1.3	O Modelo SIR	26
<b>1.2</b>	<b>O modelo SIS</b>	<b>29</b>
1.2.1	O número básico de Reprodução	32
<b>2</b>	<b>SIR COM EFEITOS DEMOGRÁFICOS</b>	<b>33</b>
<b>2.1</b>	<b>O modelo SIR</b>	<b>33</b>
2.1.1	Linearização do Modelo SIR	34
2.1.1.1	Análise do Equilíbrio Livre de Doença	36
2.1.1.2	Análise do Equilíbrio Endêmico	37
2.1.1.3	O Número Básico de Reprodução da Doença	38
2.1.2	Análise no Plano de Fase do Modelo SIR	40
2.1.2.1	O Campo de Direções	40
<b>3</b>	<b>ANÁLISE NUMÉRICA DOS MODELOS</b>	<b>43</b>
<b>3.1</b>	<b>O Método de Euler</b>	<b>44</b>
<b>3.2</b>	<b>SIR Discretizado</b>	<b>44</b>
3.2.1	SIR Com Vacinação em Pulso	45
3.2.1.1	Efeito da Vacinação em Pulso	46
3.2.1.2	Pontos de Equilíbrio	48
<b>4</b>	<b>TRANSPOSIÇÃO PARA A SALA DE AULA</b>	<b>49</b>
<b>4.1</b>	<b>Fundamentos Teóricos e Normativos das Propostas de Intervenção</b>	<b>49</b>
4.1.1	Base Nacional Comum Curricular	50
4.1.2	Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional	51
4.1.3	O currículo Em Movimento do Novo Ensino Médio	51
<b>4.2</b>	<b>Extensão do Conteúdo de Sequências</b>	<b>51</b>
4.2.1	A equação logística	52
4.2.2	O Modelo SIS	54
4.2.3	O Modelo SIR	56
<b>4.3</b>	<b>Projeto Extraclasse</b>	<b>58</b>

4.3.1	Desenvolvimento de Habilidades de Programação . . . . .	59
4.3.2	A Construção do Modelo . . . . .	62
	<b>Considerações Finais . . . . .</b>	<b>67</b>
	<b>REFERÊNCIAS . . . . .</b>	<b>69</b>
	 <b>APÊNDICES</b>	 <b>73</b>
	<b>APÊNDICE A – CÓDIGO PARA O MODELO SIS BÁSICO . . . . .</b>	<b>75</b>
	<b>APÊNDICE B – CÓDIGOS PARA AS VERSÕES DO MODELO SIR</b>	<b>77</b>
<b>B.1</b>	<b>SIR Básico . . . . .</b>	<b>77</b>
<b>B.2</b>	<b>SIR Com Vacinação em Pulso . . . . .</b>	<b>78</b>
<b>B.3</b>	<b>SIR Com Efeitos Demográficos . . . . .</b>	<b>78</b>
B.3.1	Variações em Cada Compartimento . . . . .	78
B.3.2	Campo de Direções . . . . .	79

# Introdução

Há milhares de anos doenças infecciosas tem assolado a humanidade, provocando a perda de milhões de vidas, diversos problemas econômicos e sociais e, em alguns casos, mudando o curso da história. A praga antonina, 165-180 DC, supostamente um surto de varíola ou sarampo, exemplifica dramaticamente os problemas causados por este tipo de doença. Levada para Roma por soldados que retornavam do cerco da cidade mesopotâmica de Seleucia, no inverno de 165-166, esta doença se disseminou tornando uma destrutiva epidemia que assolou grande parte do império; a doença ressurgiu em 169 e, no seu auge, causou aproximadamente 2000 mortes por dia na cidade de Roma, vitimando entre 5 e 10 milhões de pessoas em todo o império, sobretudo nas cidades e entre os soldados; acredita-se que os efeitos desta epidemia foram tão intensos ao ponto de combalir as forças do império, facilitando a invasão de suas fronteiras pelos chamados povos bárbaros (LITTMAN; LITTMAN, 1973)). Surgida no século 12, a peste negra, possivelmente peste bubônica, foi a epidemia conhecida que mais ceifou vidas; causando entre 75 e 200 milhões de morte, esta doença teve origem na Ásia e se espalhou por este continente, pela Europa e norte da África, desestabilizando as regiões onde se instalava; acredita-se que esta doença contribuiu significativamente para a crise da baixa idade média que culminou com a desestruturação do sistema feudal na Europa (JMVH, 2023); esta doença reapareceu diversas vezes em diversas regiões da Europa nos próximos 300 anos, sendo a grande praga de Londres em 1666, seu retorno mais dramático (BRITANNICA, 2023). Surgida no Kansas, Estados Unidos, nos últimos anos da primeira grande guerra, a gripe espanhola foi a epidemia mais letal da história recente; provocando aproximadamente 500 milhões de infecções e 50 milhões de mortes, esta doença se espalhou pelo mundo utilizando os soldados que retornavam da guerra como vetor, intensificando a destruição provocada pela guerra que chegava ao fim (HOMES, 2023) (YORKDAILYRECORD, 2023).

No início da década atual, um surto de Covid-19 surgido em Wuhan, na China, se espalhou pelo mundo, provocando milhões de mortes e induzindo transformações em diversas sociedades (BUTANTAN, 2023). Uma das mudanças significativas provocadas por essa pandemia foi a intensificação do uso das telecomunicações e informática para a realização de diversas atividades que até então ocorriam mediadas pelo contato físico entre pessoas. No Brasil, esta mudança em particular teve consequências positivas e negativas: por um lado, diversos setores tiveram suas atividades beneficiadas pela velocidade e versatilidade das comunicações digitais; por outro lado, por ter acesso precário ou nenhum acesso às tecnologias de telecomunicações, grande parte da população ficou à margem destas mudanças em curso. Estes impactos negativos são particularmente preocupantes no contexto da educação, haja visto que milhões de crianças e jovens tiveram de interromper,

ou prosseguir de maneira precária, seus estudos e não se sabe ao certo quais serão as consequências para a sociedade das lacunas de aprendizagem criadas nesse período.

Assim como os surgimento de surtos epidemiológicos conhecidos, o estudo da epidemiologia pode ser rastreado até os escritos de Aristóteles (384-322 AC) na antiguidade clássica, onde ideias sobre seres vivos invisíveis transmissores de doenças foi veiculada; esta teoria foi desenvolvida no século 16 e a existência de micro organismos foi demonstrada por Leeuwenhoek (1632-1723) com a utilização do primeiro microscópio. Muitos avanços ocorreram na teoria dos germes desde então, merecendo destaque a contribuição de Louis Pasteur (1822-1895), que vão desde a descoberta das causas e meios de prevenção de doenças a criação da primeira vacina antirrábica.

Apesar de a epidemiologia possuir milhares de anos de existência, o estudo matemático de doenças e de sua disseminação é bem mais recente. O primeiro estudo estatístico de doenças infecciosas é atribuído a John Graunt (1620-1674) e, um século depois, Daniel Bernoulli usou métodos matemáticos para analisar a mortalidade causada por varíola; a partir deste estudo Daniel Bernoulli publicou em 1766 o que é considerado o primeiro modelo epidemiológico (BERNOULLI, 1766). Sir Ronald Ross, em seus estudos sobre a transmissão da malária, demonstrou que a redução da quantidade de mosquitos *Anopheles* abaixo de um nível crítico era suficiente para eliminar a doença; com essa, Ross introduziu o conceito de número básico de reprodução, ideia central da epidemiologia matemática atualmente (ROSS, 1911).

Um grande avanço na epidemiologia matemática ocorreu com a publicação dos modelos de propagação de doenças comunicáveis, enfermidades causadas por bactérias, vírus, parasitas ou outros patógenos que podem ser transmitidas direta ou indiretamente de pessoa para pessoa, de Kermack e Mackendrick por volta de 1927. Nestas publicações também são apresentados conceitos básicos que orientam o processo de modelagem e uma descrição simples e clara do fenômeno modelado:

Uma (ou mais) pessoa infectada é introduzida numa comunidade de indivíduos, mais ou menos suscetíveis à doença em questão. A doença se espalhou dos afetados para os não afetados pela infecção de contato. Cada pessoa infectada percorre o curso da sua doença e, finalmente, é retirada do número dos doentes, por recuperação ou por morte. (KERMACK; MCKENDRICK, 1927, tradução nossa).

Tendo em vista a magnitude dos impactos causados por epidemias na humanidade durante sua história, e que as mudanças climáticas e destruição dos ambientes naturais criam perspectivas de que o surgimento de epidemias seja mais frequente (GUARDIAN, 2020), este trabalho foi elaborado com o propósito de contribuir com a disseminação da cultura da epidemiologia, sobretudo da epidemiologia matemática, visando favorecer o desenvolvimento de condições que permitam mitigar os efeitos deletérios das pandemias futuras.

Na expectativa de atingir este propósito, a parte inicial desse trabalho apresenta modelos compartimentais básicos e análises das disseminações de doenças infecciosas por eles modeladas; esta apresentação visa o público geral, mas a compreensão de algumas passagens requer noções de cálculo diferencial e integral. Na parte final são apresentadas de maneira prescritiva duas propostas de introdução do estudo da epidemiologia matemática na educação básica; a primeira consiste em uma apresentação pontual de modelos epidemiológicos discretizados em meio ao estudo de sequências e a segunda consiste em um projeto que mescla programação de computadores e matemática com o propósito de construir e implementar computacionalmente os modelos matemáticos, para posterior estudo da dinâmica epidemiológica modelada.



# 1 Os Modelos Epidemiológicos de Kermack-McKendrick

Nas primeiras décadas do século passado, o bioquímico William Ogilvy Kermack e o médico Anderson Gray McKendrick publicaram uma série de artigos semanais (KERMACK; MCKENDRICK, 1927; KERMACK; MCKENDRICK, 1932; KERMACK; MCKENDRICK, 1933), onde apresentaram modelos matemáticos que descrevem a dinâmica do processo de contágio por doenças infecciosas. Nesses modelos, a evolução das epidemias são descritas por equações diferenciais/integrais, cujos parâmetros (coeficientes) internalizam as particularidades da doença infecciosa e da população alvo da infecção.

No estudo da dinâmica epidemiológica é importante saber quantos indivíduos são suscetíveis à infecção, quantos estarão infectados em um dado momento e quantos indivíduos outrora infectados se recuperaram da doença. Para identificar estas quantidades, os modelos de Kermack e McKendrick consideram a população dividida em classes disjuntas (compartimentos) definidas a partir do estado de seus integrantes em relação à doença infecciosa. É comum se considerar classe composta por indivíduos suscetíveis à infecção mas ainda não infectados,  $S$ ; a classe dos indivíduos infectados e passíveis de infectar indivíduos suscetíveis  $I$ , e a classe composta por indivíduos outrora infectados/infectivos que se recuperaram da infecção  $R$ . Outros compartimentos podem ser incorporados aos modelos a depender das características da infecção de interesse para o estudo, do nível de detalhamento do modelo ou da própria maneira que o modelo foi concebido.

No decorrer do texto os compartimentos e a quantidade de indivíduos neles contidos serão representados indistintamente pelo mesmo rótulo, exceto em situações em que não se possa inferir a partir do contexto a que o rótulo se refere.

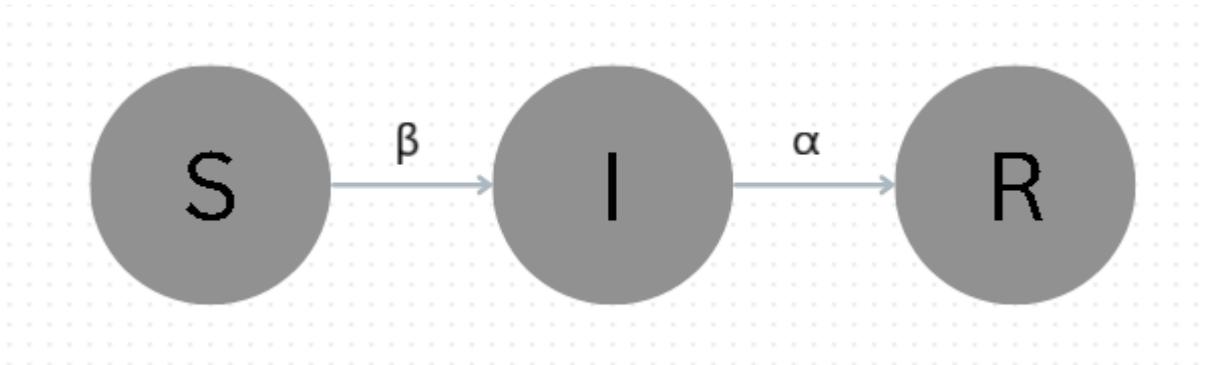
## 1.1 O modelo SIR

O modelo SIR proposto por Kermack-McKendrick (KERMACK; MCKENDRICK, 1927) foi um dos primeiros grandes feitos da epidemiologia matemática por predizer com extrema precisão o comportamento de inúmeras epidemias de doenças que invadem uma população, se espalha entre seus membros e desaparece deixando parte dos seus indivíduos intocados (BRAUER; CASTILLO-CHAVEZ; FENG, 2019). Este modelo foi concebido para representar doenças que possuem uma escala temporal de propagação muito pequena comparada com a escala temporal da dinâmica populacional, de modo que efeitos demográficos, sejam devidos a nascimentos e mortes ou frutos de imigrações e/ou emigrações, são desconsiderados. Assume-se também que indivíduos recuperados

da infecção adquirem imunidade vitalícia; esta é uma característica de algumas doenças causadas por vírus como influenza, sarampo e catapora (MA; LI, 2009).

O diagrama de fluxo na Figura 1 descreve o modelo SIR esquematicamente, indicando por seta os fluxos entre as classes e por  $\beta$  e  $\alpha$  os parâmetros associados a estes fluxos. Tais parâmetros serão assumidos constantes.

Figura 1 – Diagrama de fluxo do modelo SIR



Fonte: Próprio autor.

### 1.1.1 A Modelagem do Contágio

A quantidade de indivíduos que se tornam infectados por unidade de tempo é chamada de incidência. Nos termos do modelo em estudo, a incidência é o fluxo de indivíduos do compartimento  $S$  para o compartimento  $I$  por unidade de tempo. Uma maneira simples de modelar este fluxo consiste assumir que em média, a quantidade de contatos capazes de transmitir a doença realizados por um indivíduo infectivo, por unidade de tempo, seja proporcional ao tamanho da população; isto é, em uma população de tamanho  $N$ , um indivíduo faz em média  $\beta N$  contatos capazes de transmitir a infecção, por unidade de tempo. Considerando que a probabilidade de um indivíduo infectivo realizar um contato com um indivíduo suscetível é de  $S/N$ , a quantidade de novos infectados por unidade de tempo, por indivíduo infectivo é de  $(\beta N)(S/N) = \beta S$ ; logo, a taxa de novas infecções por unidade de tempo, isto é, a quantidade de indivíduos que migram do compartimento  $S$  para o compartimento  $I$  é

$$S' = -\beta SI. \quad (1.1)$$

O coeficiente  $\beta$  é a taxa de contágio da doença infecciosa (MARTCHEVA, 2015).

A equação 1.1 é o análogo epidemiológico da lei de ação das massas da cinética química. Este princípio afirma que a velocidade de uma reação química é proporcional às concentrações dos reagentes elevadas a certas potências (ATKINS; PAULA; KEELER, 2006).

### 1.1.2 A Modelagem da Recuperação

Assume-se, em primeira abordagem, que a quantidade de indivíduos que deixam a classe  $I$ , isto é, indivíduos que se recuperam da doença por unidade de tempo, seja proporcional a  $I$  com fator de proporção  $\alpha$ . Com isso, a taxa de variação de  $I$  e  $R$  podem ser expressas por

$$\begin{aligned} I' &= \beta SI - \alpha I \\ R' &= \alpha I, \end{aligned} \tag{1.2}$$

A constante  $\alpha$ , denominada de taxa de recuperação (MARTCHEVA, 2015), possui um significado mais profundo nos estudos epidemiológicos. Para compreender este significado, considera-se uma certa quantidade de indivíduos infectados em determinando instante  $t_0$  e assume-se que  $v(t)$  seja a quantidade de indivíduos que permanecem infectados no instante  $t$ . Se uma fração  $\alpha$  de indivíduos se recupera por unidade de tempo, a quantidade de indivíduos ainda infectados pode ser descrita pela equação diferencial

$$v' = -\alpha v, \tag{1.3}$$

cuja solução é dada por

$$v(t) = v(0)e^{-\alpha t}. \tag{1.4}$$

Com isso, para  $t > 0$ ,  $v(t)/v(0) = e^{-\alpha t}$  representa a fração de indivíduos que permanecem infectivos no instante  $t$ , utilizando o vocabulário da probabilidade,  $e^{-\alpha t}$  é a probabilidade de um indivíduo ainda ser infectivo no instante  $t$ . Por sua vez, a probabilidade de recuperação (indivíduo deixar a classe  $I$ ) no intervalo  $[0, t)$  é  $F(t) = 1 - e^{-\alpha t}$ . Assumindo que  $F(t) = 0$  para  $t < 0$ ,  $F(t)$  pode ser interpretada como uma distribuição de probabilidade com função densidade de probabilidade  $f(t) = \frac{dF}{dt}$ , isto é

$$f(t) = \alpha e^{-\alpha t}, \tag{1.5}$$

daí, o tempo médio em que um indivíduo permanece infectado é dado pelo valor médio da variável aleatória  $t$ . Utilizando a expressão para o valor médio de uma variável aleatória (MEYER, 1983),  $\int_{-\infty}^{+\infty} xf(x) dx$  temos

$$\int_{-\infty}^{+\infty} tf(t) dt = \int_{-\infty}^{+\infty} t\alpha e^{-\alpha t} dt = \frac{1}{\alpha}. \tag{1.6}$$

A equação 1.6 fornece uma informação de extrema relevância para os epidemiologistas pois, como o tempo médio que um indivíduo se mantém infectado e/ou infectivo pode ser facilmente determinado em campo, o parâmetro  $\alpha$  pode ser determinado (estimado), o que é um passo para a modelagem em tempo real da propagação da doença infecciosa na população.

### 1.1.3 O Modelo SIR

Agrupando as equações 1.1 e 1.2 o modelo SIR é representado pelo sistema de equações diferenciais

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI \\ I' &= \beta SI - \alpha I, \\ R' &= \alpha I. \end{aligned} \tag{1.7}$$

com condições iniciais  $S(0) = S_0$ ,  $I(0) = I_0$  e  $R(0) = R_0$ .

Somando as equações desse sistema pode se ver explicitamente a pressuposta inexistência de efeitos demográficos sobre os membros dos compartimentos:  $N' = S' + I' + R' = 0$ .

A primeira equação do sistema 1.7 mostra que a quantidade de indivíduos suscetíveis é sempre decrescente ou nula ( $S' \leq 0$ ), independente da condição inicial  $S(0)$ ; como  $S \geq 0$ , temos  $\lim_{t \rightarrow \infty} S = S_\infty$ . A terceira equação mostra que a quantidade de indivíduos recuperados é sempre crescente ou nula ( $R' \geq 0$ ), independente da condição inicial  $R(0)$ ; como  $R \geq 0$ , temos  $\lim_{t \rightarrow \infty} R = R_\infty$ . Para obtermos informações sobre os limites  $S_\infty$  e  $R_\infty$ , dividamos a primeira equação do sistema 1.7 pela terceira, para obter a equação diferencial

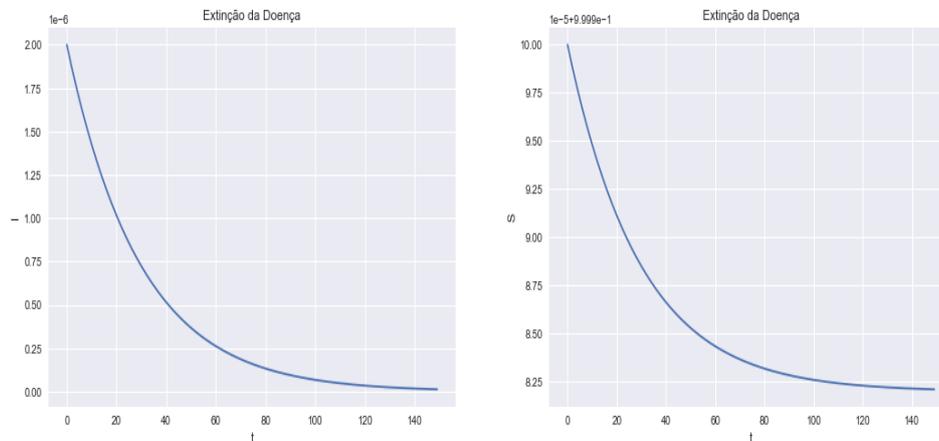
$$\frac{dS}{dR} = -\frac{\beta S}{\alpha} \tag{1.8}$$

cuja solução é  $S = S(0)e^{-\frac{\beta R}{\alpha}} \geq S(0)e^{-\frac{\beta N}{\alpha}} \geq 0$ . Com isso conclui-se que  $S_\infty$ , o indicador do tamanho final da epidemia, é maior do que zero, o que mostra que parte da população é deixada intocada pela epidemia.

A quantidade de indivíduos infectados pode apresentar dois comportamentos distintos, a depender dos parâmetros da segunda equação:  $I$  pode decrescer monotonicamente para zero ou crescer monotonicamente até atingir um valor máximo e então decrescer para zero. Estes dois comportamentos são determinados por  $I'(0) = (\beta S(0) - \alpha)I(0)$ ; quando  $I'(0) < 0$ , isto é,  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} < 1$  o primeiro comportamento é observado e, quando  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} > 1$ , observa-se o segundo. O crescimento súbito da quantidade de indivíduos infectados seguido de um declínio para zero é a característica típica da dinâmica de uma epidemia e a identificação de uma grandeza cujo atingimento de um limiar seja o indicador de um surto epidemiológico é um importante propósito de muitos estudos epidemiológicos. Esta grandeza costuma ser chamada de número de reprodução.

A Figura 2 mostra a evolução das quantidades  $I$  e  $S$  com o passar do tempo. O gráfico à esquerda mostra que a quantidade de indivíduos infectados decresce exponencialmente, conduzindo a doença à extinção. O gráfico à direita mostra que a quantidade de indivíduos suscetíveis também decresce exponencialmente; infere-se desta figura que os indivíduos infectados se recuperam à taxa maior do que a que os indivíduos suscetíveis são infectados.

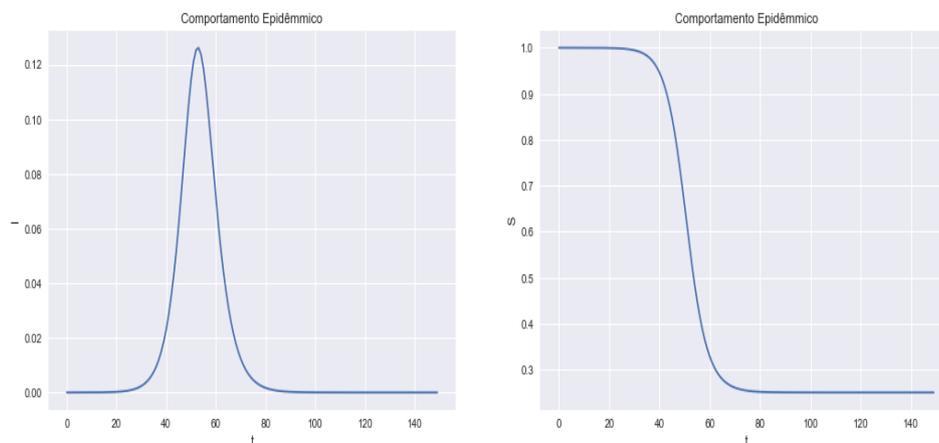
Figura 2 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados para as condições:  $N = 20 + 10^7$ ,  $S(0) \approx 10^7$ ,  $I(0) = 20$  e  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 0,9$ . Valores de  $I$  e  $S$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

A Figura 3 mostra o comportamento epidêmico da doença. O gráfico à direita sugere que parte dos indivíduos suscetíveis permanecerão intocados pela infecção. O gráfico à esquerda mostra que a doença desaparecerá com o passar do tempo, isto é,  $\lim_{t \rightarrow \infty} I = I_{\infty} = 0$ . Para se enxergar esta informação de maneira mais clara, integra-se a

Figura 3 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados para as condições:  $N = 20 + 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$  e  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ . Valores de  $I$  e  $S$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

primeira equação do sistema 1.7 de zero ao infinito, obtendo

$$\begin{aligned} \int_0^\infty S'(t) dt &= -\beta \int_0^\infty S(t)I(t) dt \Rightarrow \\ S_0 - S_\infty &= \beta \int_0^\infty S(t)I(t) dt \Rightarrow \\ S_0 - S_\infty &\geq \beta S_\infty \int_0^\infty I(t) dt. \end{aligned} \quad (1.9)$$

Isso mostra que  $I_\infty = 0$  pois, se não fosse, a integral  $\int_0^\infty I(t) dt \rightarrow \infty$ , o que contradiz a desigualdade dada na equação 1.9.

Além da caracterização do surto epidemiológico, o modelo pode lançar luz sobre duas outras questões de extrema importância para os epidemiologistas: Quantas pessoas estarão infectadas no momento mais crítico da epidemia e quantas pessoas serão infectadas no transcorrer da epidemia.

Para responder a segunda pergunta, somemos as duas equações do sistema 1.7 e, em seguida, integremos o resultado de zero ao infinito:

$$\int_0^\infty (S + I)' dt = -(S_0 + I_0) + S_\infty = -\alpha \int_0^\infty I(t) dt; \quad (1.10)$$

dividamos agora a primeira equação do sistema 1.7 por  $S$  e integremos, novamente, zero ao infinito:

$$\int_0^\infty \frac{S'}{S} dt = \ln(S_\infty) - \ln(S_0) = -\beta \int_0^\infty I(t) dt; \quad (1.11)$$

combinando as equações 1.10 e 1.11, obtemos:

$$\begin{aligned} \frac{S_0 + I_0 - S_\infty}{\alpha} &= \frac{\ln(S_0) - \ln(S_\infty)}{\beta} \Rightarrow \\ S_0 + I_0 - S_\infty &= \frac{\alpha}{\beta} (\ln(S_0) - \ln(S_\infty)). \end{aligned} \quad (1.12)$$

A equação 1.12 estabelece as características finais da epidemia e, uma de suas virtudes é tornar claro quantas pessoas foram infectadas durante a dinâmica epidemiológica. Como  $N = S_0 + I_0$ , temos  $N - S_\infty = \frac{\alpha}{\beta} (\ln(S_0) - \ln(S_\infty))$ . Outro aspecto importante da equação 1.12 reside na possibilidade de se determinar (estimar) o parâmetro  $\beta$  para uma epidemia cujo transcurso foi observado; para tanto, basta reorganizá-la da forma

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\ln(\frac{S_0}{S_\infty})}{S_0 + I_0 - S_\infty} \quad (1.13)$$

e tomar-se  $\frac{1}{\alpha}$  como o tempo médio em que um indivíduo se mantém infectado/infectivo.

O segundo questionamento referido, qual será o valor máximo de indivíduos infectados simultaneamente ( $I_{max}$ ), pode ser investigado somando-se as duas primeiras equações do sistema 1.7 e integrando a soma de 0 a  $t$ :

$$\int_0^t (S + I)' dt = -\alpha \int_0^t I(t) dt \Rightarrow S(t) + I(t) - S_0 - I_0 = -\alpha \int_0^t I(t) dt; \quad (1.14)$$

divida a primeira equação do sistema 1.7 por  $S$  e integre o resultado de 0 a  $t$

$$\int_0^t \frac{S'}{S} dt = -\beta \int_0^t I(t) dt \Rightarrow \ln \left( \frac{S_0}{S(t)} \right) = \beta \int_0^t I(t) dt. \quad (1.15)$$

Combinando as equações 1.14 e 1.15, obtemos

$$\frac{N - S(t) - I(t)}{\alpha} = \frac{1}{\beta} \ln \left( \frac{S_0}{S(t)} \right), \quad (1.16)$$

e, como  $I_{max}$  ocorrerá quando  $I'(t) = 0$ , isto é,  $S(t) = \frac{\alpha}{\beta}$ , obtemos

$$N - \frac{\alpha}{\beta} - I_{max} = \frac{\alpha}{\beta} \ln \left( \frac{S_0}{\frac{\alpha}{\beta}} \right) \Rightarrow I_{max} = N - \frac{\alpha}{\beta} \left( 1 + \ln \left( \frac{\beta}{\alpha} S_0 \right) \right). \quad (1.17)$$

A análise do sistema 1.7 e das premissas que o acompanha mostra que a equação  $R' = \alpha I$  é redundante por ser desacoplada das outras equações e pelo fato de termos  $R(t) = N - I(t) - S(t)$ ; logo, tal sistema poderia ser reduzido para

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI \\ I' &= \beta SI - \alpha I, \end{aligned} \quad (1.18)$$

com condições iniciais  $S(0) = S_0$  e  $I(0) = I_0$ , sem prejuízo para a análise feita acima.

## 1.2 O modelo SIS

Ao contrário do que ocorre com infecções virais, indivíduos acometidos por doenças causadas por bactérias, como encefalite e gonorreia (*Neisseria gonorrhoeae*), não costumam adquirir imunidade à ação destes agentes patógenos após recuperar-se da infecção (MA; LI, 2009). Com o propósito de estudar a evolução deste tipo de doenças em meio a populações, Kermack e Mackendrick propuseram o modelo SIS em 1932 (KERMACK; MCKENDRICK, 1932).

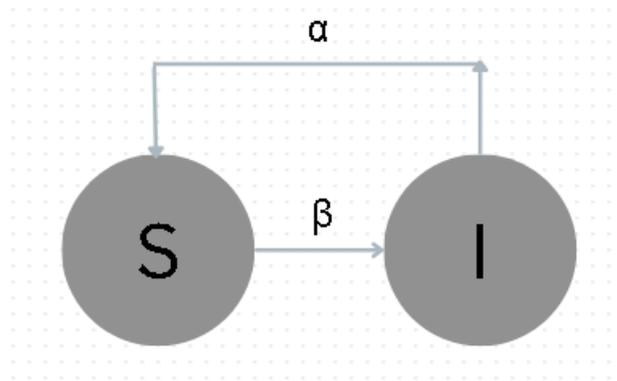
O diagrama de fluxo na Figura 4 descreve o Modelo SIS esquematicamente, onde as setas representam os fluxos entre os compartimentos e os  $\alpha$  e  $\beta$  os parâmetros característicos destes fluxos.

As quantidades de indivíduos infectados e recuperados por unidade de tempo são modeladas do mesmo modo realizado para o modelo SIR e é assumido que indivíduos recuperados retornam ao compartimento  $S$ , isto é, tornam-se novamente suscetíveis à infecção. Após estas considerações, o modelo pode ser representado pelo sistema de equações diferenciais

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI + \alpha I \\ I' &= \beta SI - \alpha I, \end{aligned} \quad (1.19)$$

com condições iniciais  $I(0) = I_0$  e  $S(0) = S_0$ .

Figura 4 – Diagrama de fluxo do modelo SIS



Fonte: Próprio autor.

Somando as duas equações do sistema 1.19 obtém-se  $N' = S' + I' = 0$ . Isso significa que não ocorrem mortes devido a doença e efeitos demográficos (nascimentos, mortes por outras causas e fluxos migratórios) são inexistentes; com isso a população permanece constante durante toda a dinâmica epidemiológica ( $N = S + I$ ). Este resultado permite reduzir o sistema 1.19 a uma única equação; para tanto basta substituir  $S$  por  $N - I$  em sua segunda equação, obtendo

$$I' = (\beta N - \alpha)I \left(1 - \frac{I}{N - \frac{\alpha}{\beta}}\right), \quad (1.20)$$

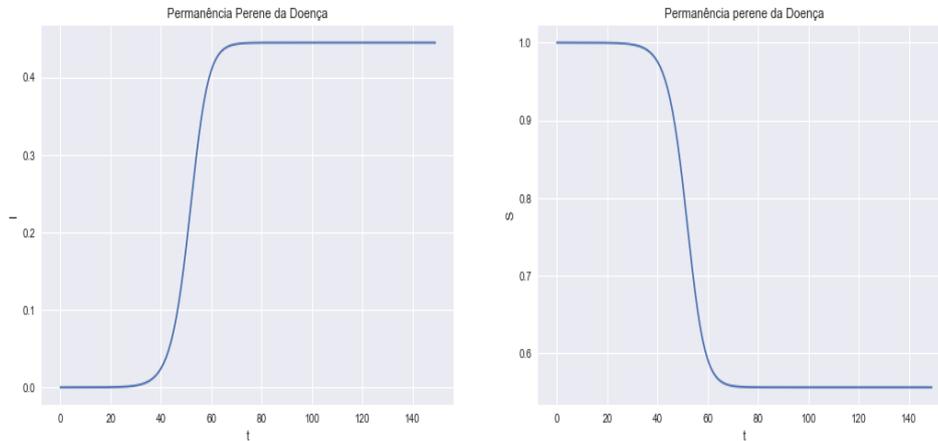
que é a equação logística,  $I' = rI \left(1 - \frac{I}{K}\right)$ , com  $r = \beta N - \alpha$  e  $K = N - \frac{\alpha}{\beta}$ . A solução desta equação pode ser explicitamente determinada utilizando separações de variáveis (ANTON, 2000) e, considerando  $I(0) = I_0$ , têm-se

$$I(t) = \frac{KI_0 e^{rt}}{K - I_0 + I_0 e^{rt}} = \frac{KI_0}{I_0 + (K - I_0)e^{-rt}}. \quad (1.21)$$

A análise da solução (1.21) da equação logística (1.20) nos revela que se  $r > 0$ , isto é,  $\frac{\beta N}{\alpha} > 1$ ,  $I(t)$  tende para o limite  $K$  quando  $t \rightarrow \infty$ ; isso caracteriza um estado de estabilidade perene da doença na população. A Figura 5 mostra este comportamento do modelo e os valores limites das quantidades  $I$  e  $S$ ; inicialmente a curva dos indivíduos infectados apresenta crescimento exponencial e, em seguida, a taxa de crescimento diminui progressivamente até atingir um valor nulo, instante em que a quantidade de indivíduos infectados se estabiliza, e a partir de então se mantém constante; a curva dos indivíduos suscetíveis apresenta comportamento semelhante, decresce exponencialmente no início, a taxa de decréscimo diminui, tendendo a zero.

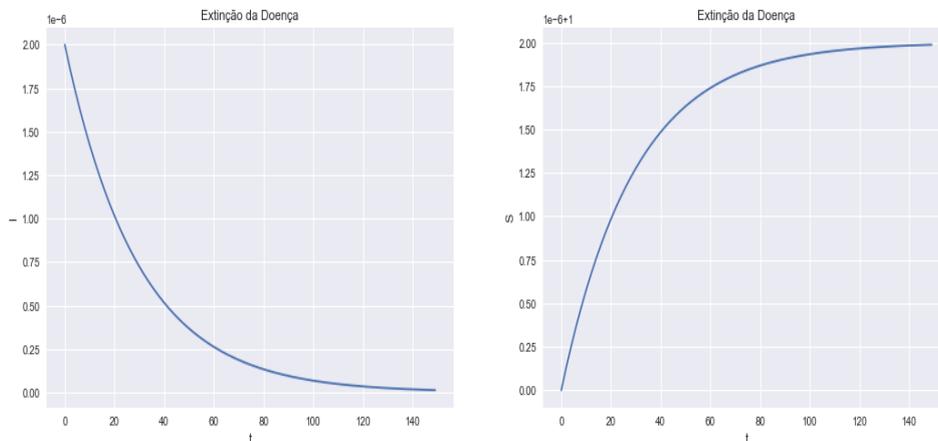
Por sua vez, se  $\frac{\beta N}{\alpha} < 1$ , qualquer solução com  $I_0 > 0$  tende para a zero quando  $t \rightarrow \infty$ ; temos a situação em que a doença é erradicada do meio de convívio da população. A Figura 6 realça estas características ao mostrar os valores limites de  $I$  e  $S$ .

Figura 5 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados e suscetíveis:  $N = 20 + 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$  e  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ . Valores de  $I$  e  $S$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

Figura 6 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados e suscetíveis.  $N = 20 + 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$  e  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 0,9$ . Valores de  $I$  e  $S$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

Em ambos os casos se tem que, independentemente de seu valor inicial, a quantidade  $I(t)$  sempre atingirá um limite menor do que a população total, sendo este limite determinado pela quantidade  $\frac{\beta N}{\alpha}$ . Em termos epidemiológicos, se a quantidade  $\frac{\beta N}{\alpha}$  for menor do que 1 a epidemia extingue-se, isto é, a quantidade de indivíduos infectivos tenderá a zero; esta solução constante  $I(t) = 0$  é chamada de equilíbrio livre da doença. Por outro lado, se a quantidade  $\frac{\beta N}{\alpha}$  exceder a unidade, a epidemia persistirá e a solução constante  $I = N - \frac{\alpha}{\beta}$  é chamada de equilíbrio endêmico.

### 1.2.1 O número básico de Reprodução

Tende em vista que nos primeiros estágios da epidemia os valores  $S_0$  e  $N$  são muito próximos, pode se dizer que em ambos os modelos a quantidade  $\frac{\beta N}{\alpha}$  determina o comportamento da dinâmica epidemiológica. Esta grandeza é conhecida como número básico de reprodução e é denotada por

$$R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}. \quad (1.22)$$

O número básico de reprodução é interpretado epidemiologicamente como a quantidade de infecções secundárias causadas por um indivíduo infectado no período em que se mantém infectivo. Esta interpretação fica clara ao se observar que  $\beta N$  representa a quantidade de contatos capazes de transmitir a doença feitos por um indivíduo infectivo por unidade de tempo e que  $\frac{1}{\alpha}$  representa o período em que um indivíduo permanece infectivo (MARTCHEVA, 2015).

Por suas características, o número básico de reprodução desempenha um papel central no estudo de modelos de doenças infecciosas. Isto por que, para o modelo SIS, o valor de  $R_0$  determina um limiar a partir do qual a doença persistirá em meio a população ou desaparecerá ( $R_0 > 1$  e  $R_0 < 1$ , respectivamente); no modelo SIR este limiar determina se a quantidade de indivíduos infectados crescerá exponencialmente e depois decrescerá tendendo a zero em um típico surto epidemiológico ou se diminuirá desde o início exponencialmente, até que a doença seja extinta. Além disso,  $R_0$  desempenha um importante papel na implementação de políticas de saúde pública que visam o controle de doenças, pois, qualquer tentativa de evitar a propagação da infecção passa pela redução de  $R_0$ .

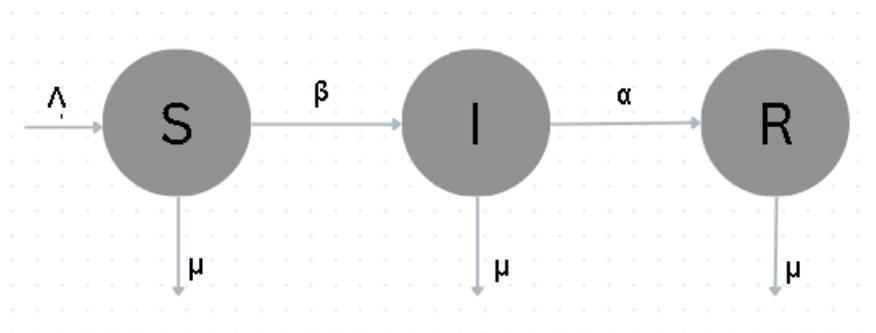
## 2 SIR Com Efeitos Demográficos

Os modelos analisados previamente consideram que a escala de tempo do ciclo epidemiológico é muito maior do que a escala de tempo da dinâmica populacional, de modo que nascimentos, mortes e fluxos migratórios foram desconsiderados. Esta suposição é válida para doenças como influenza e algumas doenças infantis. Entretanto, existem doenças, como a provocada pelo HIV, tuberculose e hepatite C, que se desenvolvem durante um longo período de tempo. Nestes casos o tamanho da população não se mantém contante por longo período de tempo e os modelos devem incorporar efeitos demográficos. Há doenças que se mantêm em equilíbrio endêmico durante longos períodos de tempo em muitas regiões do planeta; nesses casos a dinâmica populacional necessariamente precisa se estudada em paralelo ao comportamento da doença pelas autoridades sanitárias com o propósito de estimar a quantidade de indivíduos infectados em um dado instante futuro, bem como para planejar estratégias para reduzir o número de infectados e, eventualmente erradicar a doença (BRAUER; DRIESSCHE.; WU, 2008).

### 2.1 O modelo SIR

O modelo SIR proposto por Kermack e Mackendrick (KERMACK; MCKENDRICK, 1932) incluía quantidade de nascimentos no compartimento dos indivíduos suscetíveis proporcional ao total da população e o total de mortes em cada compartimento proporcional à quantidade de indivíduos nele contido. Este modelo permite que a população cresça exponencialmente, ou seja, extinta caso as taxas de natalidade e mortalidade sejam diferentes (BRAUER; DRIESSCHE.; WU, 2008; BRAUER; CASTILLO-CHAVEZ; FENG, 2019). A Figura 7 contém o diagrama de fluxo do modelo SIR que incorpora efeitos demográficos.

Figura 7 – Diagrama de fluxo do modelo SIR com influência da demografia.



Fonte: Próprio autor.

A análise que será feita considerará mesma taxa natural de mortes,  $\mu$ , (a taxa que existiria caso a doença não houvesse se instalado na população) do modelo original mas considerará a quantidade de nascimentos por unidade de tempo,  $\Lambda$ , constante.

Levando em conta estas considerações feitas, a dinâmica epidemiológica influenciada por nascimentos e mortes pode ser representada pelo sistema de equações diferenciais

$$\begin{aligned} S' &= \Lambda - \beta SI - \mu S \\ I' &= \beta SI - \alpha I - \mu I \\ R' &= \alpha I - \mu R, \end{aligned} \tag{2.1}$$

com condições iniciais  $S(0) = S_0$ ,  $I(0) = I_0$  e  $R(0) = R_0$ .

A soma das equações em 2.1 fornece a equação que descreve a dinâmica populacional  $S' + I' + R' = \Lambda - \mu(S + I + R) \rightarrow N' = \Lambda - \mu N$ , cuja solução é dada por  $N(t) = \frac{\Lambda}{\mu} - e^{-\mu t}$ . Esta expressão mostra que as taxas de natalidade e morte natural estabelecem um limite para a população  $\lim_{t \rightarrow \infty} N(t) = \frac{\Lambda}{\mu} = K$ .

Assim como no modelo SIR simplificado, analisado no capítulo anterior, as duas primeiras equações do sistema 2.1 são independentes da terceira, de modo que essa pode ser suprimida sem prejuízo para a análise que se seguirá. Assim sendo, o sistema 2.1 pode ser reescrito como

$$\begin{aligned} S' &= \Lambda - \beta SI - \mu S \\ I' &= \beta SI - \alpha I - \mu I. \end{aligned} \tag{2.2}$$

O modelo SIR com efeitos demográficos, compostos de equações não lineares autônomas, não pode ser resolvido analiticamente, mas pode-se obter informações sobre o comportamento de suas soluções. Uma maneira de se obter tais informações consiste em linearizar o sistema na vizinhança de seus pontos de equilíbrio e analisar as soluções do sistema linearizado; espera-se que as soluções do sistema linearizado se mantenham próximas das soluções do sistema original de modo que as características das soluções sejam semelhantes e que se chegue a conclusões que possam ser extrapoladas para o sistema original. Pode-se também fazer uma análise gráfica do modelo utilizando o plano de fase, que enfatiza a compreensão dos aspectos qualitativos do sistema.

### 2.1.1 Linearização do Modelo SIR

A linearização de um sistema de equações consiste em aproxima-lo por meio de um sistema linear na vizinhança de seus pontos críticos. Pontos críticos de um sistema de equações são valores que correspondem a soluções constantes, ou de equilíbrio, do sistema (BOYCE; DIPRIMA, 2002). Assim, representando o sistema 2.2 da forma genérica

$$\begin{aligned} S' &= f(S, I) \\ I' &= g(S, I), \end{aligned} \tag{2.3}$$

os pontos onde  $f(S^*, I^*) = 0$  e  $g(S^*, I^*) = 0$  são os pontos de equilíbrio.

A segunda equação do sistema 2.2 oferece duas alternativas para determinação de possíveis equilíbrios. A primeira delas,  $I^* = 0$ , determina o equilíbrio livre da doença e, a partir da primeira equação determina-se  $S^* = \frac{\Lambda}{\mu}$ ; a segunda alternativa,  $I^* \neq 0$ , determina um equilíbrio endêmico e, a partir da segunda equação determina-se  $S^* = \frac{\alpha + \mu}{\beta}$  e este resultado, combinado com a primeira equação, permite determinar  $I^* = \frac{\Lambda}{\alpha + \mu} - \frac{\mu}{\beta}$ .

Para a linearização na vizinhança do ponto de equilíbrio toma-se  $s = S - S^*$  e  $i = I - I^*$ , escreve-se o sistema em termos das variáveis  $s$  e  $i$ ,

$$\begin{aligned} s' &= f(s + S^*, i + I^*) \\ i' &= g(s + S^*, i + I^*), \end{aligned} \quad (2.4)$$

expande-se o sistema em série de Taylor,

$$\begin{aligned} F(x, y) &= F(a, b) + (x - a)F_x(a, b) + (y - b)F_y(a, b) \\ &+ \frac{(x - a)^2}{2}F_{xx}(a, b) + (x - a)(y - b)F_{xy}(a, b) + \frac{(y - b)^2}{2}F_{yy}(a, b) + \dots \end{aligned} \quad (2.5)$$

e tomar apenas os termos lineares e/ou de primeira ordem

$$\begin{aligned} s' &= f(S^*, I^*) + f_S(S^*, I^*)s(t) + f_I(S^*, I^*)i(t) \\ i' &= g(S^*, I^*) + g_S(S^*, I^*)s(t) + g_I(S^*, I^*)i(t). \end{aligned} \quad (2.6)$$

Considerando que, por representarem pontos de equilíbrio,  $f(S^*, I^*)$  e  $g(S^*, I^*)$  o sistema 2.6 pode ser escrito matricialmente, em termos das variáveis originais do sistema, na forma

$$\begin{pmatrix} s' \\ i' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -(\beta I^* + \mu) & -\beta S^* \\ \beta I^* & (\beta S^* - \alpha - \mu) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} s \\ i \end{pmatrix} \quad (2.7)$$

A matriz  $J = \begin{pmatrix} -(\beta I^* + \mu) & -\beta S^* \\ \beta I^* & (\beta S^* - \alpha - \mu) \end{pmatrix}$  é a matriz jacobiana do sistema em estudo.

O sistema bidimensional 2.7 é linear, homogêneo, com coeficientes constantes, e suas soluções podem ser determinadas (STRANG, 1980; BOYCE; DIPRIMA, 2002).

Tal como para uma equação diferencial linear, busca-se soluções exponenciais,  $s(t) = s_0 e^{\lambda t}$  e  $i(t) = i_0 e^{\lambda t}$ , para o sistema 2.7. Substituindo estas equações, o sistema converte-se no sistema de equações lineares

$$\begin{pmatrix} -(\beta I^* + \mu) & -\beta S^* \\ \beta I^* & (\beta S^* - \alpha - \mu) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} s_0 \\ i_0 \end{pmatrix} = \lambda \begin{pmatrix} s_0 \\ i_0 \end{pmatrix}. \quad (2.8)$$

O sistema algébrico 2.8 precisa ter soluções não nulas para que se possa observar como o sistema se comporta ao ter seu estado de equilíbrio perturbado; isso ocorrerá se

$$\begin{vmatrix} -(\beta I^* + \mu) - \lambda & -\beta S^* \\ \beta I^* & (\beta S^* - \alpha - \mu) - \lambda \end{vmatrix} = 0. \quad (2.9)$$

Expandindo o determinante 2.9 obtemos a equação característica do sistema

$$\lambda^2 + p\lambda + q = 0, \quad (2.10)$$

onde  $p = (\beta I^* + u) - (\beta S^* - u - \alpha) = \beta(I^* - S^*) + 2u + \alpha$  é o traço da matriz  $J$  e  $q = -(\beta I^* u)(\beta S^* - u - \alpha) = \beta[I^*(u + \alpha) - S^*u] + u^2 + u + \alpha$  é o seu determinante.

As soluções de 2.10, os autovalores da matriz  $J$ , determinam o comportamento do sistema 2.7; pelo fato da equação 2.10 ser polinomial do segundo grau com soluções  $\frac{-p}{2} \pm \frac{\sqrt{p^2 - 4q}}{2}$ , existem 3 possibilidades:

- Os autovalores são reais e distintos: neste caso a solução do sistema será

$$\begin{pmatrix} s \\ i \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} C_1 \\ C_2 \end{pmatrix} e^{\lambda_1 t} + \begin{pmatrix} C_3 \\ C_4 \end{pmatrix} e^{\lambda_2 t}, \quad (2.11)$$

onde  $C_1, C_2, C_3$  e  $C_4$  são constantes arbitrárias. Para que esta solução tenda a zero, isto é, o para que o sistema original retorne ao equilíbrio, deve se ter  $\lambda_1 < 0$  e  $\lambda_2 < 0$ .

- Os autovalores são reais e iguais: neste caso a solução assumirá a forma

$$\begin{pmatrix} s \\ i \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} C_1 \\ C_2 \end{pmatrix} e^{\lambda t} + \begin{pmatrix} C_3 \\ C_4 \end{pmatrix} t e^{\lambda t}, \quad (2.12)$$

esta solução tenderá a zero se  $\lambda < 0$ .

- Os autovalores são complexos conjugados: tem-se solução na forma

$$\begin{pmatrix} s \\ i \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} B_1 \\ B_2 \end{pmatrix} e^{(\xi + i\eta)t} + \begin{pmatrix} B_3 \\ B_4 \end{pmatrix} e^{(\xi - i\eta)t} = \begin{pmatrix} C_1 \\ C_2 \end{pmatrix} e^{\xi t} \sin(\eta t) + \begin{pmatrix} C_3 \\ C_4 \end{pmatrix} e^{\xi t} \cos(\eta t), \quad (2.13)$$

que tenderá à zero apenas se a parte real dos autovalores,  $\xi$ , for menor do que zero.

Em qualquer um dos três casos, para que a solução do sistema linearizado tenda para zero, basta que a parte real dos autovalores da matriz jacobiana seja negativa. Em termos do sistema original, esta condição significa que o equilíbrio é localmente assintótico, isto é, soluções na vizinhança de um ponto de equilíbrio são por ele atraídos.

### 2.1.1.1 Análise do Equilíbrio Livre de Doença

O equilíbrio livre de doença ocorrerá quando, no sistema 2.2, tivermos  $S' = 0, I' = 0$  e  $I_* = 0$ ; com isso, o sistema se reduzirá à equação  $\Lambda - \mu S^* = 0$ , cuja solução é  $S^* = \frac{\Lambda}{\mu}$ .

A matriz jacobiana do sistema linearizado assume a seguinte forma na vizinhança do equilíbrio

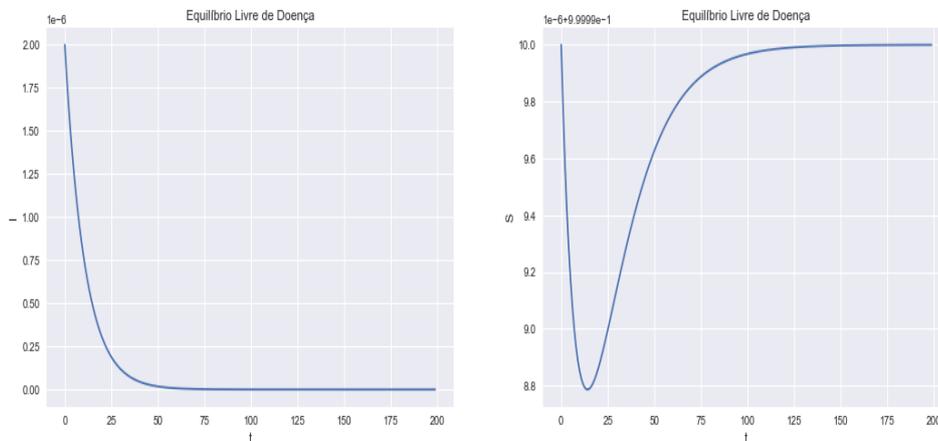
$$J = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta \frac{\Lambda}{\mu} \\ 0 & \frac{\beta \Lambda}{\mu} - \alpha - \mu \end{pmatrix}. \quad (2.14)$$

Sua equação característica é  $-(\mu + \lambda)(\frac{\beta\lambda}{\mu} - \alpha - \mu - \lambda) = 0$ , cujas soluções são  $\lambda_1 = -\mu$  e  $\lambda_2 = \frac{\beta\lambda}{\mu} - \alpha - \mu$ .

O primeiro autovalor é claramente menor do que zero; o segundo autovalor será menor do que zero se  $\frac{\beta\lambda}{\mu} < \alpha + \mu$ , isto é,  $\frac{\beta\lambda}{\mu(\mu+\alpha)} < 1$ . Satisfeita esta condição, o equilíbrio livre de doenças será localmente estável, isto é, caso o sistema sofre pequenas perturbações, sua solução será novamente atraída para esse equilíbrio e a doença tornará a desaparecer.

A dinâmica do sistema nas condições que conduzem ao equilíbrio livre de doença possui semelhanças e diferenças com a apresentada pelo modelo SIR básico para número de reprodução menor do que 1; isso pode ser visto a partir da comparação da figura 2 com a figura 8. As semelhanças são vistas nos comportamentos exponenciais decrescentes nas quantidades de indivíduos infectados; as quantidades de indivíduos suscetíveis variam de maneiras distintas: na Figura 2 há decrescimento exponencial e, na Figura 8, há decrescimento exponencial seguido de crescimento semelhante ao logístico.

Figura 8 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados e suscetíveis:  $N = 20 + 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$ ,  $\alpha = 0,08$ ,  $\beta = 0,32$ ,  $\Lambda = 0,1$  e  $\mu = 0,05$ . Valores de  $I$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

### 2.1.1.2 Análise do Equilíbrio Endêmico

No equilíbrio endêmico têm-se  $S' = 0$ ,  $I' = 0$ ,  $S^* \neq 0$  e  $I^* \neq 0$ . Sujeito a estas restrições, o sistema 2.2 se reduz ao sistema formado pelas equações  $\Lambda - \beta S^* I^* - \mu S^* = 0$  e  $\beta S^* I^* - \alpha I^* - \mu I^* = 0$ , cuja solução é

$$\begin{aligned} S^* &= \frac{\alpha + \mu}{\beta} \\ I^* &= -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\Lambda}{\alpha + \mu}. \end{aligned} \tag{2.15}$$

O Jacobiano do sistema linearizado na vizinhança deste equilíbrio é

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu} & -(\alpha + \mu) \\ -\mu + \frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu} & 0 \end{pmatrix}. \quad (2.16)$$

A equação característica de  $J$  é  $\lambda^2 + \frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}\lambda - \mu(\alpha + \mu) + \beta\Lambda = 0$ , que possui soluções da forma

$$\lambda = -\frac{\beta\Lambda}{\alpha + \mu} \pm \sqrt{\left(\frac{\beta\Lambda}{\alpha + \mu}\right)^2 - 4(\beta\Lambda - \mu(\alpha + \mu))}. \quad (2.17)$$

A análise do discriminante de 2.17,  $\Delta = \left(\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}\right)^2 - 4(\beta\Lambda - \mu(\alpha + \mu))$ , definem os possíveis comportamentos do sistema linearizado

- Se  $\Delta = 0$ ,  $\lambda = -\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu} < 0$  e a solução do sistema terá a forma da equação 2.12. Nesse caso, a solução do sistema tenderá a zero.
- Se  $\Delta > 0$ , devemos ter  $\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu} > \sqrt{\left(\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}\right)^2 - 4(\beta\Lambda - \mu(\alpha + \mu))}$  para que as soluções do sistema tendam a zero. Esta condição pode ser manipulada de modo a se tornar mais significativa. Elevando esta expressão ao quadrado obtemos  $\left(\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}\right)^2 > \left(\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}\right)^2 - 4(\beta\Lambda - \mu(\alpha + \mu))$ , que é equivalente a  $-4(\beta\Lambda - \mu(\alpha + \mu))$ , que por sua vez corresponde a  $\frac{\beta\Lambda}{\mu(\alpha+\mu)} > 1$ .
- $\Delta < 0$ , a solução sistema linearizado possui a forma 2.13, com  $\epsilon = -\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}$  e  $\eta = \sqrt{\left(\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}\right)^2 - 4(\beta\Lambda - \mu(\alpha + \mu))}$ ; essa solução tenderá a zero por meio de oscilações amortecidas. O período dessas oscilações pode ser facilmente calculado tomando  $2\pi f = \sqrt{\left(\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}\right)^2 - 4(\beta\Lambda - \mu(\alpha + \mu))}$ , o que equivale a  $T = \frac{2\pi}{\sqrt{\left(\frac{\beta\Lambda}{\alpha+\mu}\right)^2 - 4(\beta\Lambda - \mu(\alpha + \mu))}}$ .

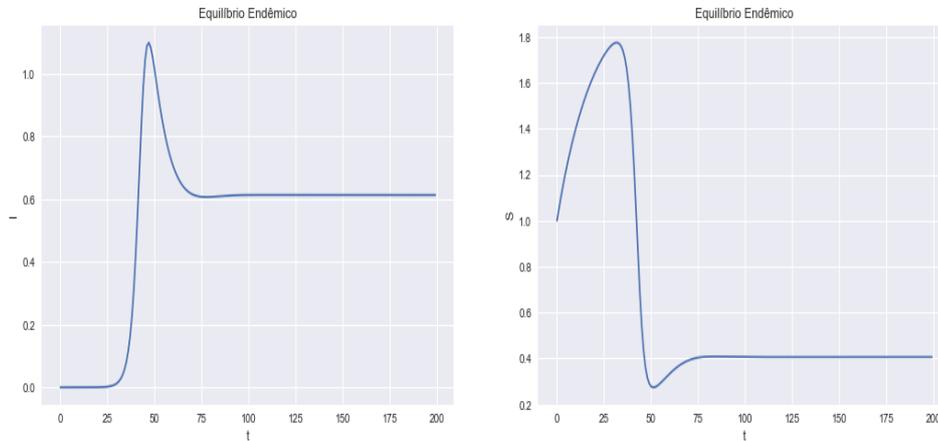
A Figura 9 mostra a dinâmica do sistema com parâmetros que caracterizam equilíbrio endêmico. Inicialmente, a quantidade de infectados, bem como a quantidade de novas infecções, é pequena e a quantidade de indivíduos suscetíveis cresce devido aos nascimentos; em seguida há um surto epidemiológico e a quantidade de indivíduos suscetíveis é reduzida bruscamente; após o surto, a quantidade de infectados começa a diminuir até atingir a estabilidade, simultaneamente a quantidade de suscetíveis decresce ao seu valor mínimo, volta a crescer devido aos nascimentos, e se estabiliza em seu valor limite. De acordo com a equação 2.15, os valores terminais das quantidades  $S$  e  $I$  são  $S^* = 0,40625$  e  $I^* = 0,61298$ ; estas informações também podem ser vistas na figura 9.

Além disso, o valor limite da população  $N = \frac{\Lambda}{\mu}$  é igual a 2. Isso pode ser confirmado somado os valores de  $S$ ,  $I$  e  $R$  na Figura 10.

### 2.1.1.3 O Número Básico de Reprodução da Doença

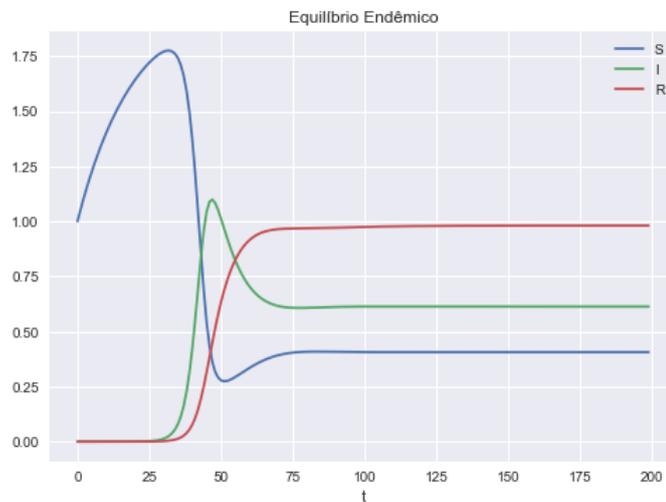
No estudo dos modelos básicos de Kermack-Mackendrick SIR (1.7) e SIS (1.19) foi determinada a existência da importante grandeza  $R_0$ , cujo valor é um caracteriza se a

Figura 9 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados e suscetíveis:  $N = 20 + 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$ ,  $\alpha = 0,08$ ,  $\beta = 0,32$ ,  $\Lambda = 0,1$  e  $\mu = 0,05$ . Valores de  $I$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

Figura 10 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados, suscetíveis e recuperados:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$ ,  $\alpha = 0,08$ ,  $\beta = 0,32$ ,  $\Lambda = 0,1$  e  $\mu = 0,05$ . Valores de  $S$ ,  $I$  e  $R$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

doença desaparecera,  $R_0 < 1$ , ou se disseminará entre os membros da população  $R_0 > 1$ . De modo análogo, existe um número básico de reprodução para o modelo que incorpora a efeitos demográficos; esta grandeza é representada por

$$R_0 = \frac{\beta\Lambda}{\mu(\alpha + \mu)}. \quad (2.18)$$

O significado epidemiológico do número básico de reprodução é semelhante ao visto para os modelos básicos. De modo análogo à taxa de recuperação no modelo básico,

$(\alpha + \mu)$  é a taxa com que os indivíduos deixam a classe dos infectivos, logo,  $\frac{1}{\alpha + \mu}$  é o tempo médio que um indivíduo permanece nessa classe.  $\frac{\Lambda}{\mu}$  é a quantidade limite de indivíduos na população e  $\beta IS$  é a quantidade de novos infectados por unidade de tempo. Para um único indivíduo infectado,  $I = 1$ , e todos os demais infectivos,  $S = \frac{\Lambda}{\mu}$ , a quantidade de novos indivíduos infectados por unidade de tempo será  $\frac{\beta\Lambda}{\mu}$ ; logo  $R_0 = \frac{\beta\Lambda}{\mu(\alpha + \mu)}$  representa a quantidade de infecções secundárias causadas por um indivíduo durante o período em que estiver infectivo.

Quanto ao comportamento da epidemia a médio/longo prazo, se  $R_0 < 1$ , a quantidade média de novas infecções reproduzidas por um indivíduo for menor do que 1, então a quantidade de infectados tenderá a diminuir e, eventualmente a doença se extinguirá; têm-se então o equilíbrio livre da doença. Se  $R_0 > 1$ , a quantidade de infecções secundárias será maior do que a quantidade de infectados em dado momento; logo a doença tenderá a persistir e, eventualmente, se estabilizará na população; têm-se, nesse caso, o equilíbrio endêmico.

### 2.1.2 Análise no Plano de Fase do Modelo SIR

Uma forte compreensão qualitativa sobre o sistema pode ser desenvolvida interpretando  $S(t)$  e  $I(t)$  como componentes de uma função vetorial  $F(t) = (S(t), I(t))$  com valores determinados pelo parâmetro  $t$ . Esta função pode ser considerada como a representação paramétrica de uma curva no plano  $(S, I)$ ; este plano é chamado de plano de fase. Uma curva no plano de fase pode ser interpretada como a trajetória percorrida por um ponto material com velocidade definida pelas equações do sistema 2.2; um conjunto representativo de trajetórias é chamado de retrato de fase.

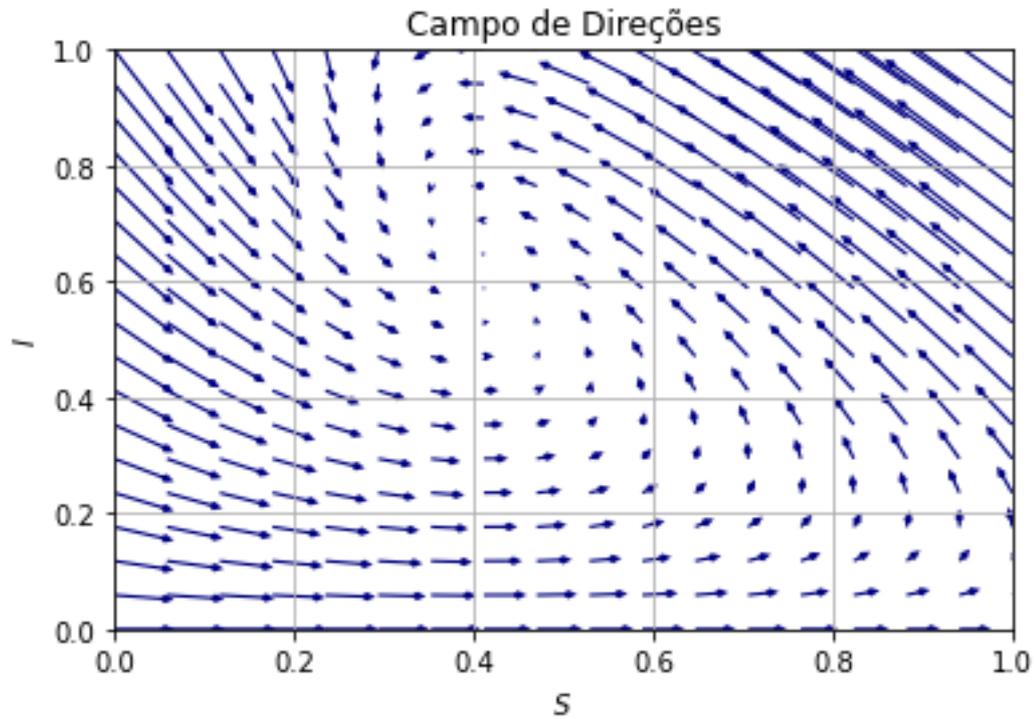
A confecção de retratos de fase é uma tarefa árdua e monótona, ainda que feita com auxílio de computadores; mesmo sem lançar mão deste recurso, muitas informações sobre o sistema podem ser extraídas do plano de fase ao se plotar vetores tangentes às trajetórias, o que permitirá visualizar as direções tomadas pelas trajetórias como o passar do tempo. Esta representação é chamada de campo de direções.

#### 2.1.2.1 O Campo de Direções

O plano de fase mostra a inclinação das trajetórias em um conjunto discreto de pontos do plano  $(S, I)$ ; estas inclinações podem ser determinadas a partir das equações do sistema 2.2. Dividindo estas equações, obtendo

$$\frac{dS}{dI} = \frac{f(S, I)}{g(S, I)}. \quad (2.19)$$

O quociente em 2.19 é definido em todos os pontos do plano de fase, exceto nos pontos de equilíbrio; os valores deste quociente fornecem a magnitude do vetor tangente à trajetória em um ponto específico. A direção do vetor pode ser determinada calculando  $\arctg\left(\frac{dS}{dI}\right)$ .

Figura 11 – Equilíbrio endêmico com  $\Lambda = 0,1$ ,  $\alpha = 0,08$ ,  $\beta = 0,32$ , e  $\mu = 0,05$ 

Fonte: Próprio autor.

A Figura 11 mostra o campo de direções para o sistema 2.2. Para os valores de parâmetros têm-se  $R_0 = 4,923076$ , o que caracteriza o equilíbrio endêmico. Nesse equilíbrio, as quantidades de indivíduos suscetíveis e infectados, dados pela equação 2.15, são  $S^* = 0,40625$  e  $I^* = 0,61298$ . A análise do campo de direções não permite identificar com exatidão o ponto de equilíbrio, mas deixa claro que as coordenadas deste ponto no plano de fase são próximas aos valores calculados.



## 3 Análise Numérica Dos Modelos

As variáveis nos modelos epidemiológicos analisados previamente relacionam-se de maneira não linear e, por conta disso, é inviável determiná-las analiticamente. Apesar desta limitação, os diversos artifícios disponíveis para a análise de equações diferenciais permitem obter uma compreensão profunda dos modelos, o que os tornam poderosas ferramentas à compreensão das epidemias e à tomada de decisão por parte das autoridades sanitárias no gerenciamento de surtos infecciosos.

Tais modelos têm por objetivo representar o mais fidedignamente possível o fenômeno epidemiológico; para que isso ocorra, devem ser incorporados diversos aspectos da realidade (sociais, econômicos, étnicos, geográficos, etários, comportamentais, etc) que influenciam a dinâmica epidemiológica. Apesar de extremamente desejável, o aumento da precisão com que um modelo descreve a realidade vem acompanhado com o crescimento de sua complexidade, conseqüentemente, as dificuldades inerentes à análise necessária para se obter uma compreensão relevante da realidade representada pelo modelo também aumenta, exigindo a utilização de instrumentos matemáticos mais sofisticados e que se despenda mais tempo e esforços no processo.

Uma alternativa para contornar os contratempos advindos do aumento da complexidade do modelo consiste em discretizá-lo e determinar os valores assumidos por suas variáveis de interesse numericamente. Devido à quantidade de operações aritméticas que precisam ser realizadas para a obtenção de aproximações numéricas dos valores das variáveis de interesse, esta abordagem também impõe a realização de grande esforço mas, devido à imensa capacidade de processamento dos computadores digitais atuais e à facilidade de se implementar algoritmos numéricos utilizando os recursos disponibilizados pelas diversas linguagens de programação disponíveis (Python, C, Matlab,...), grande parte do esforço necessário à análise numérica pode ser automatizado, bem como a apresentação dos resultados obtidos, seja por meio de tabelas de dados, gráficos, animações, etc.

A maneira pela qual se concretiza a abordagem acima consiste em tomar uma sequência de pontos sobre um intervalo de interesse da variável independente (nesse caso o tempo) e determinar, para cada valor da sequência, um valor aproximado para cada uma das variáveis dependentes do modelo.

Deve-se observar que parte das informações contidas no modelo será perdida durante o processo; grande parte destas perdas está relacionada ao fato de as funções serem ignoradas na maior parte de seu domínio, por se saltar de um ponto do domínio para outro desprezando o que ocorre entre estes dois pontos; outra parte se deve ao fato dos valores calculados para as funções na sequência de pontos escolhidos serem aproximações,

ainda que precisas, mais não seus valores exatos. O erro oriundo da primeira fonte citada pode ser mitigado tomando mais amostras no domínio da função, tornado as lacunas que os separam menores; considerando que se estas lacunas forem reduzidas a zero teremos o valor exato da função, espera-se que reduções à valores pequenos, não nulos, tornem as informações próximas das informações fornecidas pela função. O erro fruto da aproximação numérica pode ser abrandado ao se utilizar algoritmos numéricos mais sofisticados em conjunto com técnicas de extrapolação (JR, 1992).

### 3.1 O Método de Euler

A aplicação do procedimento supracitado aos sistemas de equações diferenciais que modelam dinâmicas epidemiológicas necessita da representação das derivadas em termos dos valores das variáveis do sistema a serem calculados em cada ponto da sequência de valores tomados no domínio e da distância entre valores sucessivos. Uma maneira de se obter esta representação é por meio da aproximação pelo método de Euler (FILHO, 2007).

A dedução do método de Euler para aproximação de derivadas de primeira ordem de uma função  $f(t)$  pode ser feita de diversas maneiras; uma delas consiste em tomar a série de Taylor da função

$$f(t) = f(t_0) + f'(t_0)(t - t_0) + \frac{f''(t_0)}{2!}(t - t_0)^2 + \frac{f'''(t_0)}{3!}(t - t_0)^3 + \dots,$$

e truncá-la a partir do segundo termo; com isso se obtém  $f(t) = f(t_0) + f'(t_0)(t - t_0)$ . Essa expressão permite aproximar a derivada a partir da variação dos valores do domínio da função e da variação correspondente em seu contradomínio,

$$f'(t_0) = \frac{f(t) - f(t_0)}{t - t_0}. \quad (3.1)$$

Em termos da sequência de pontos, a expressão 3.1 pode ser interpretada como: A derivada em um ponto específico  $t_0$ , é aproximada pela diferença entre o valor da função calculada no ponto posterior e o valor da função calculada no ponto em questão ( $f(t) - f(t_0)$ ) dividida pela distância entre estes dois pontos. Utilizando índices para identificar os pontos de interesse do domínio e  $h$  para representar a distância entre pontos consecutivos ( $h = t - t_0$ ), a expressão 3.1 pode ser reescrita na forma

$$f'_i = \frac{f_{i+1} - f_i}{h}. \quad (3.2)$$

### 3.2 SIR Discretizado

Durante a recente epidemia de Covid-19 que vivenciamos, a quantidade de indivíduos infectados era contabilizada a cada período de um dia e, em geral, os estudos e práticas de

gerenciamento de epidemias são desenvolvidos considerando análises e ações periódicas, de modo que a discretização dos modelos matemáticos não só é necessária para sua implementação computacional como incorpora as perspectivas dos infectologistas e gestores da saúde pública em suas abordagens dos fenômenos epidemiológicos. Na discretização do modelo SIR, sistema de equações 1.7, consideraremos amostras igualmente espaçadas no domínio, dispostas em intervalos unitários, refletindo as análises periódicas (diárias, semanais, etc.) realizadas pelos epidemiologistas durante momentos mais críticos da epidemia de Covid-19; será utilizada a notação  $S_i$ ,  $I_i$ , e  $R_i$  para representar as quantidades de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, respectivamente, no  $i$ 'ésimo dia após a chegada de um indivíduo infectado em uma população suscetível.

Tomando a primeira equação do sistema 1.7,  $S' = -\beta SI$  e, utilizando a notação acima e a aproximação por diferenças finitas para a derivada teremos

$$\frac{S_{i+1} - S_i}{1} = -\beta S_i I_i \Rightarrow S_{i+1} = S_i - \beta S_i I_i.$$

De maneira análoga, as versões discretas das outras duas equações são  $I_{i+1} = I_i + \beta S_i I_i - \alpha I_i$  e  $R_{i+1} = R_i + \alpha I_i$ . Agrupando estas 3 equações temos o sistema discreto

$$\begin{aligned} S_{i+1} &= S_i - \beta S_i I_i \\ I_{i+1} &= I_i + \beta S_i I_i - \alpha I_i, \\ R_{i+1} &= R_i + \alpha I_i. \end{aligned} \tag{3.3}$$

com condições iniciais  $S_0 = S(0)$ ,  $I_0 = I(0)$  e  $R_0 = R(0)$ .

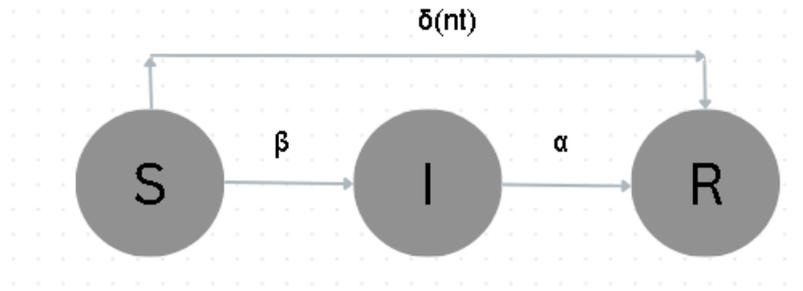
O apêndice B.1 traz um código em Python que implementa o sistema 3.3. Este código foi utilizado para investigar o efeito do número básico de reprodução dado pela equação 1.22, que determina os comportamentos da dinâmica epidemiológica modelada pelo modelo SIR básico.

### 3.2.1 SIR Com Vacinação em Pulso

Estratégias de vacinação são amplamente planejadas e implementadas com propósito de controlar ou erradicar doenças infecciosas. No Brasil, bem como em diversos países do mundo, campanhas de vacinação para combater doenças específicas são realizadas periodicamente, como a campanha de vacinação contra a gripe realizada anualmente, por volta do mês de maio. Quando esta estratégia de vacinação consiste em vacinar certo percentual da população em um curto intervalo de tempo, idealmente em um único instante, têm-se a vacinação em pulso (ZHIEN; LI, 2009).

Da perspectiva do modelo matemático, quando esta estratégia é posta em prática parte dos indivíduos suscetíveis é instantaneamente transportados do compartimento dos suscetíveis para o compartimento dos recuperados/imunes. O diagrama de fluxo do modelo SIR que incorpora esta estratégia de vacinação é mostrada na Figura 12.

Figura 12 – Diagrama de fluxo do modelo SIR com vacinação em pulso



Fonte: Próprio autor.

e sua representação matemática é dada pelo sistema 3.4

$$\begin{aligned}
 S' &= -\beta SI - \delta(t_0 + nT)\epsilon S \\
 I' &= \beta SI - \alpha I; \\
 R' &= \alpha I + \delta(t_0 + nT)\epsilon S
 \end{aligned}
 \tag{3.4}$$

onde  $\delta$  representa a função delta de Dirac,  $t_0$  é o momento em que ocorre a primeira vacinação,  $T$  é o período do ciclo de imunização,  $\epsilon$  representa a porcentagem dos indivíduos suscetíveis vacinados em cada ciclo de vacinação e  $n$  um número natural.

Por exigir a utilização de artifícios matemáticos mais sofisticados, a introdução da função delta de Dirac torna a análise do modelo mais complexa; entretanto, do ponto de vista da implementação computacional o bloco que contém o  $\delta$  pode ser representado por meio de uma estrutura condicional (`if – else`) que atribui um valor maior do que zero ao parâmetro  $\epsilon$  nos instantes de interesse,  $nT$ , e mantém este parâmetro nulo nos demais momentos.

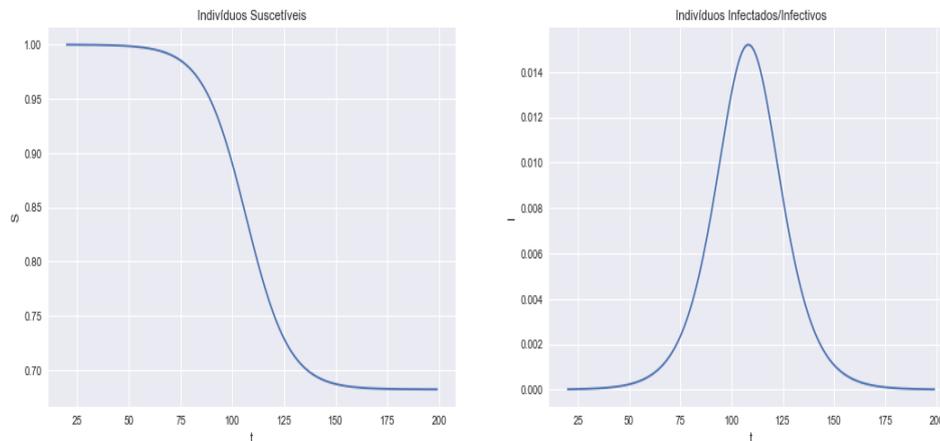
### 3.2.1.1 Efeito da Vacinação em Pulso

O efeito da vacinação em pulso pode ser investigado comparando os resultados da simulação do sistema 1.7, com os resultados obtidos a partir do sistema 3.4. A Figura 13 mostra a dinâmica modelada pelo modelo SIR básico; a Figura 14 mostra a dinâmica do modelo SIR básico com vacinação de 5% dos indivíduos suscetíveis a cada 40 unidades de tempo.

A análise dos tempos de transcurso da epidemia, isto é, o tempo necessário para que a infecção desapareça da população, mostra que a vacinação em pulso não afeta significativamente este período.

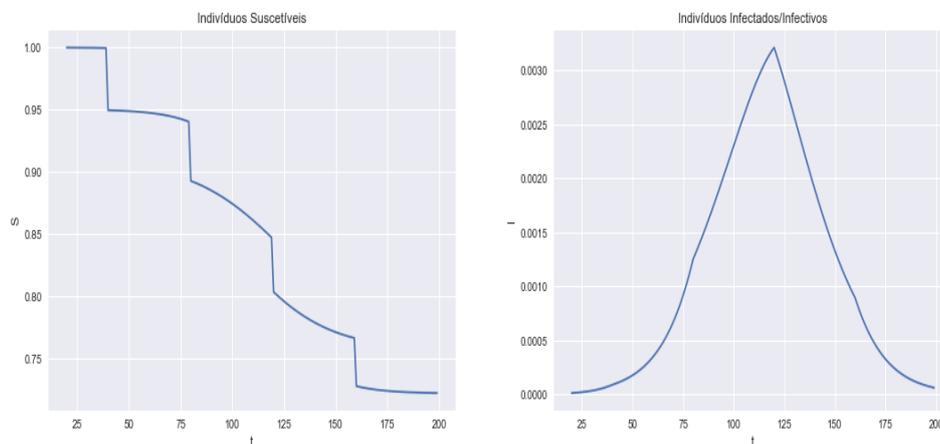
Em relação aos indivíduos infectados, a vacinação em pulso reduziu sua quantidade em todo transcurso da epidemia e, além disso, atrasou o instante em que esta quantidade atinge seu valor máximo.

Figura 13 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados para as condições:  $N = 20 + 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$ ,  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,2$ , e  $\delta = 0$ . Valores de  $S$  e  $I$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

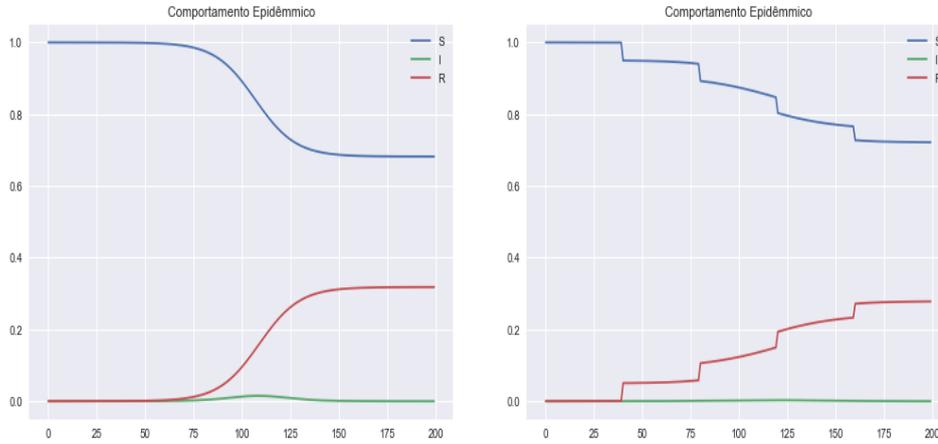
Figura 14 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados para as condições:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$ ,  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,2$ , e  $\delta = 0,05$ . Valores de  $S$  e  $I$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

A quantidade de indivíduos suscetíveis foi afetada tendo seu valor reduzido instantaneamente nos instantes múltiplos de 40; além disso a quantidade final de indivíduos suscetíveis aumentou sutilmente. Este aumento pode ser visualizado com mais facilidade a partir da Figura 15, onde as evoluções de  $S$ ,  $I$  e  $R$  estão sobrepostas no mesmo plano cartesiano.

Figura 15 – Evolução da quantidade de indivíduos infectados, suscetíveis e recuperados:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 20$ ,  $\frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1, 2$ , e  $\delta = 0,05$ . Valores de  $S$ ,  $I$  e  $R$  normalizados por  $S(0)$ .



Fonte: Próprio autor.

### 3.2.1.2 Pontos de Equilíbrio

Como visto anteriormente, o sistema está em equilíbrio quando os fluxos cessam, isto é, quando tivermos  $\frac{dS}{dt} = 0$ ,  $\frac{dI}{dt} = 0$  e  $\frac{dR}{dt} = 0$ . Numericamente este fenômeno é caracterizado por interações de ponto fixo, isto é, iterações em que o próximo termo gerado na “sequência” de pontos representativos da função é igual ao termo anterior  $f_{i+1} = f_i$ .

## 4 Transposição Para a sala de Aula

A recente pandemia de Covid-19 trouxe luz sobre as limitações dos sistemas de saúde de diversos países, o que impediu o gerenciamento de uma crise sanitária com as proporções vistas. Aqui no Brasil, e em outros países, além dessas limitações, ficou evidente que os conceitos relacionados a epidemias, como ela se dissemina, como essa disseminação pode ser freada, eram desconhecidos por grande parte da população. Este desconhecimento dificultou a gestão do surto por parte das autoridades sanitárias, pois as recomendações por essas feitas soavam confusas aos ouvidos da população; além disso, este ambiente mostrou-se propício à disseminação de medidas profiláticas e terapêuticas pseudocientíficas que causaram grande confusão. Somado a isso, foram disseminadas intencionalmente uma série de informações, tidas como falsas, que contribuiu para o recrudescimento do surto epidemiológico.

Diante deste quadro social e do efeito das mudanças climáticas e destruição dos biomas nativos que abrem a perspectiva do aumento da frequência do surgimento de epidemias e da intensidade dos seus efeitos, a disseminação de noções básicas de epidemiologia para a massa da população é imperativa para que os próximos surtos não sejam tão devastadores como o vivido recentemente.

Com o propósito de contribuir para a construção desta cultura de gerenciamento de doenças infecciosas entre os jovens em idade escolar, são propostas abaixo duas maneiras de intervenção em sala de aula. A primeira dela possui caráter pontual e consiste em apresentar modelos matemáticos de dinâmicas epidemiológicas para os alunos como exemplos de sequências recursivas contextualizadas. A segunda possui uma maior duração e consiste em um projeto de aprendizagem de programação cuja ênfase é posta na construção e implementação de modelos epidemiológicos e na discussão de parâmetros de controle para manter os surtos epidemiológicos em patamares aceitáveis, idealmente extinguindo a doença.

Estas propostas são orientadas pelas tendências na educação, especialmente na educação matemática, apontadas por agências governamentais e não governamentais em seus normativos e recomendações.

### 4.1 Fundamentos Teóricos e Normativos das Propostas de Intervenção

A proposta pedagógica a seguir tem por objetivos gerais contribuir a promoção da educação digital dos jovens e promover a integração das disciplinas estudadas no ensino

básico.

O primeiro objetivo é um imperativo imposto pelo surgimento e, principalmente, expansão do mundo cibernético existente em paralelo ao mundo físico em que vivemos; esta realidade e as tecnologias que lhes dão suporte têm expandido as possibilidades existentes e gerado uma série de novos desafios e, para o bom aproveitamento destas oportunidades e o enfrentamento destes desafios, ter uma formação sólida em tecnologias digitais é fundamental (UNESCO, 2015).

O segundo objetivo durante muito tempo foi apontado como a panaceia para os sistemas educacionais; apesar de isso não ser verdade, muitos problemas da educação podem ser mitigados com a integração das disciplinas (FAZENDA, 1992). Apontamentos para a efetivação da interdisciplinaridade, bem como para a integração de tecnologias digitais na educação, são encontrados em diversos normativos governamentais, entre eles a Base Nacional Comum Curricular, a Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional e o O currículo Em Movimento do Novo Ensino Médio da Secretaria de Estado de Educação do Distrito Federal.

#### 4.1.1 Base Nacional Comum Curricular

A Base Nacional Comum Curricular propõe uma série de competências específicas a serem desenvolvidas durante a educação básica. Em sua seção 5.2.1 (MATEMÁTICA E SUAS TECNOLOGIAS NO ENSINO MÉDIO: COMPETÊNCIAS ESPECÍFICAS E HABILIDADES) duas competências merecem destaque (BRASIL, 2017). O desenvolvimento da competência 2

Propor ou participar de ações para investigar desafios do mundo contemporâneo e tomar decisões éticas e socialmente responsáveis, com base na análise de problemas sociais, como os voltados a situações de saúde, sustentabilidade, das implicações da tecnologia no mundo do trabalho, entre outros, mobilizando e articulando conceitos, procedimentos e linguagens próprios da Matemática (BRASIL, 2017, 531).

está diretamente relacionada aos objetivos específicos da proposta pedagógica apresentada; o desenvolvimento da competência 3

Utilizar estratégias, conceitos, definições e procedimentos matemáticos para interpretar, construir modelos e resolver problemas em diversos contextos, analisando a plausibilidade dos resultados e a adequação das soluções propostas, de modo a construir argumentação consistente (BRASIL, 2017, 531).

apregoa explicitamente que se explore o caráter interdisciplinar da matemática e fundamentou a metodologia utilizada para a implementação das propostas pedagógicas em sala de aula.

### 4.1.2 Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional

A Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional (BRASIL, 1996) aponta objetivos em relação específicos a serem atingidos pelos educandos ao fim do ensino médio:

Art 36. O currículo do ensino médio observará o disposto na Seção I deste capítulo e as seguintes diretrizes:

(...)

§1º. Os conteúdos, as metodologias e as formas de avaliação serão organizados de tal forma que ao final do ensino médio o educando demonstre:

1- domínio dos princípios científicos e tecnológicos que presidem a produção moderna (BRASIL, 1996, 18);

estes objetivos vão ao encontro dos objetivos do projeto, tendo em vista a revolução que as tecnologias digitais estão provocando nos sistemas de produção bem como a aplicação simultânea de conhecimentos diversos nos processos produtivos.

### 4.1.3 O currículo Em Movimento do Novo Ensino Médio

O currículo em movimento do novo ensino médio aplicado no Distrito federal (GDF, 2020) reforça a instrução feita pela Lei de diretrizes e bases da educação nacional em relação à educação tecnológica. A este assunto o currículo aponta:

A educação, pela dinamicidade de sua natureza, transforma-se e aprimora-se, visando acompanhar essas mudanças e atender aos imperativos determinados pela vida moderna, na qual a tecnologia é usada diariamente. Sendo assim, a tecnologia vinculada ao processo de ensino e aprendizagem torna-se poderosa ferramenta para a construção de conhecimentos no âmbito da Matemática.

(...)

Desde os Anos Iniciais do Ensino Fundamental, já é proposto aos estudantes o uso de tecnologias, como calculadoras e planilhas eletrônicas, para a resolução de situações-problema. Tal valorização possibilita que ao chegarem aos Anos Finais, eles possam ser estimulados a desenvolver o pensamento computacional, por meio da interpretação e da elaboração de algoritmos, incluindo aqueles que podem ser representados por fluxogramas (GDF, 2020, 78).

## 4.2 Extensão do Conteúdo de Sequências

Nesta primeira proposta de apresentação dos modelos matemáticos em sala de aula, os modelos SIS e SIR são apresentados aos alunos como conjuntos de sequências em que, um termo arbitrário de uma sequência qualquer, exceto o primeiro termo, depende tanto do termo anterior na própria sequência quanto dos termos que ocupam posições correspondentes à do termo anterior nas outras sequências. Como etapa introdutória será apresentada a equação logística (TSOULARIS; WALLACE, 2002)

$$\frac{dN}{dt} = r \left(1 - \frac{N}{K}\right) N, \quad (4.1)$$

como um modelo para o crescimento populacional limitado pela capacidade do ambiente.

É importante que os modelos sejam vistos logo após o estudo das sequências, tradicionalmente centrado em progressões aritméticas e geométricas, de forma que os alunos enxerguem os modelos como uma extensão do que foi visto. Uma prévia revisão/introdução sobre sequências recursivas deve ser realizada com o propósito de tornar suave a transição do estudo das progressões aritméticas e geométricas para a análise do modelo epidemiológico; esta revisão pode ser feita partindo da questão da reprodução de coelhos associadas à sequência de Fibonacci, tendo por propósito determinar em quanto tempo a população de coelhos atingirá o limite suportado pelo ambiente/fazenda de coelhos que habitam.

Esta abordagem possui como objetivo principal reforçar o aprendizado de sequências por meio do trabalho ativo com sequências mutuamente dependentes e por meio da exploração dos aspectos recursivos do modelo discretizado, aspectos estes vagamente discutidos na sétima série do ensino fundamental (OLIVEIRA; FUGITA, 2022) e ignorado no ensino médio. O objetivo secundário consiste em aproveitar o caráter interdisciplinar da epidemiologia para estabelecer uma ligação entre a matemática e as disciplinas relacionadas às ciências naturais (física, química e biologia) e com a geografia, tornando possível abordar, mesmo que sem muita profundidade, temas relacionados as células, vírus, dinâmica de invasão viral dos mecanismos celulares, mecanismos de ação de vacinas, dinâmica de populações e outros temas pertinentes.

As atividades referentes à esta proposta serão desenvolvidas em três aulas dupla de 90 minutos, que devem ser distribuídas durante a semana letiva. As atividades serão complementadas por tarefas extraclasse realizadas pelos alunos utilizando planilha eletrônica LibreOffice calc, ou similar.

#### 4.2.1 A equação logística

No primeiro dia, os 90 minutos serão dedicados à equação logística e sua aplicação à ecologia das populações.

Os primeiros 15 minutos da apresentação devem ser dedicados a uma introdução à demografia e aos fatores que determinam o crescimento populacional, taxa de natalidade e mortalidade, e como as características ambientais influenciam estes fatores. Para que o assunto se torne mais claro, deve-se citar a atual crise ambiental que vivemos, que é um forte indicador de que o ambiente atingiu a capacidade de suportar as atividades humanas e que isso pode ser um fator limitante ao crescimento da população no futuro próximo. Neste primeiro momento dois conceitos devem ser enfatizados:

- (i) A população cresce a uma taxa específica,
- (ii) Existe um limite que a população pode atingir.

Os próximos 20 minutos devem ser dedicados à apresentação da equação logística discretizada

$$N_{i+1} = N_i + rN_i \left(1 - \frac{N_i}{K}\right). \quad (4.2)$$

Por representar os dois conceitos destacados nos 15 minutos anteriores, deve-se realçar os significados dos dois parâmetros fundamentais da equação:

- (i)  $r$  = Taxa de crescimento intrínseco,
- (ii)  $K$  = Capacidade de suporte do sistema, isto é, quantidade de indivíduos que o ambiente é capaz de sustentar.

Para que os alunos adquiram maior familiaridade com a equação logística discretizada, os 15 minutos seguintes devem ser dedicados ao cálculo dos primeiros termos da sequência recursiva definida pela equação discretizada 4.2.

Nos 30 minutos restantes se destinarão a fazer alguns testes da equação logística utilizando a planilha eletrônica. Os testes devem ser feitos variando a população inicial  $P(0)$  e os parâmetros  $r$  e  $K$ . Cada parâmetro deve ser variado individualmente para que seus efeitos particulares sobre a dinâmica populacional sejam compreendidos e, nesse primeiro momento, deve ser escolhido  $P(0) < K$ .

Ao se realizar os testes, é importante que os alunos acompanhem o passo a passo do preenchimento da planilha e que todo o procedimento seja explicado em detalhes para que possa ser reproduzido por eles durante as atividades extraclasse. A Figura 16 exemplifica como este preenchimento deve ser realizado; a célula que contém o rótulo  $t$  está localizada

Figura 16 – Dados da simulação da equação logística para:  $P(0) = 100$ ,  $r = 1, 2$  e  $K = 350$ .

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
3														
4	t	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
5	P	100	185.7143	290.3207	349.7246	350.0548	349.989	350.0022	349.9996	350.0001	350	350	350	350

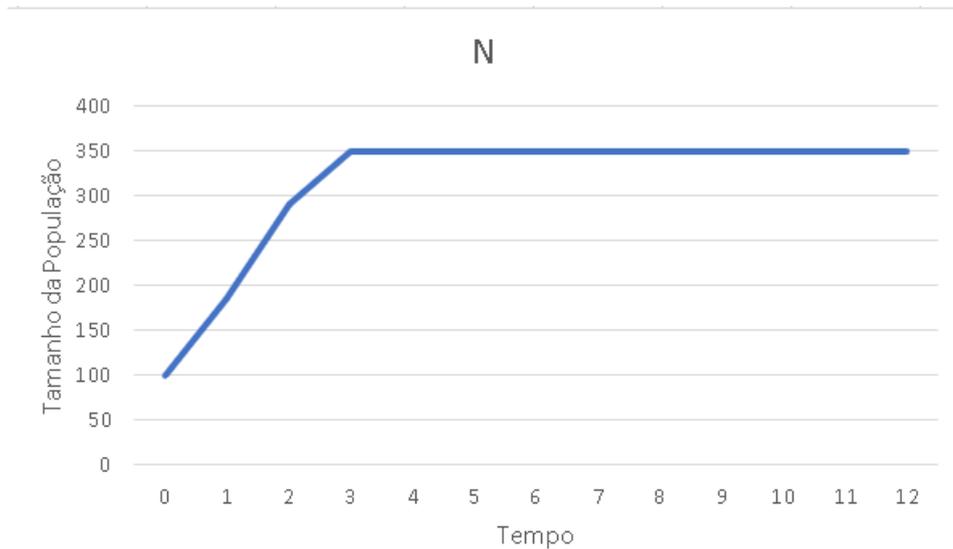
Fonte: Próprio autor.

no “endereço” A4, a célula que contém o rótulo P está localizada no endereço A5 e o cálculo do conteúdo da célula C5 foi feito utilizando a expressão  $= B5 + 1.2 * B5 * (1 - B5/350)$ ; a aplicação desta expressão para o intervalo de células “D5-N5” é feito selecionando a célula C5, posicionando o “mouse” em sua extremidade inferior direita e o arrastando até a célula N5 com o botão de seleção pressionado. Nesse primeiro momento os parâmetros devem ser escolhidos de modo que  $P(0) < K$  e  $r > 1$ .

Após a realização de cada teste, os resultados obtidos devem ser analisados e comparados para que fique claro qual o efeito da variação de cada parâmetro. Os resultados

serão melhor compreendidos e as comparações realizadas com maior facilidade se auxiliados por recursos gráficos; A Figura 17 mostra o gráfico gerado a partir dos dados na figura 17.

Figura 17 – Gráfico da simulação da equação logística para:  $P(0) = 100$ ,  $r = 1,2$  e  $K = 350$ .



Fonte: Próprio autor.

Nos 10 minutos restantes as tarefas extra classe devem ser explicadas. Estas tarefas consistirão em reproduzir os cálculos feitos utilizando a planilha eletrônica e na realização de alguns testes para valores variados de  $P(0)$ ,  $r$  e  $K$ ; os valores a serem testados devem considerar ambos os casos  $P(0) < K$  e  $P(0) > K$ , para que os alunos cheguem a conclusão de que o ambiente atua limitando o crescimento da população e induzindo seu declínio quando excedida a população limite; também devem ser consideradas as possibilidades  $r < 1$  e  $r > 1$ , para que o dramático resultado de extinção de uma espécie solidifique o significado da taxa de crescimento intrínseco. Os gráficos com os testes devem ser conferidos na aula seguinte.

#### 4.2.2 O Modelo SIS

O segundo dia deve ser iniciado com uma discussão dos resultados obtidos durante as tarefas extraclasse. A ênfase deve ser dada aos resultados obtidos ao se testar valores de  $r$  maiores ou menores do que 1, e os resultados de  $P(0)$  maiores ou menores do que  $K$ . Esta discussão deve tomar não mais do que 10 minutos.

Os 25 minutos seguintes devem ser dedicados à explicação da dinâmica de uma doença bacteriana se espalhando em uma população. A ênfase aqui deve ser dada ao contágio realizado por contato entre indivíduos infectivos e suscetíveis e ao fato de após a

Figura 18 – Dados da simulação do modelo SIS para:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 1$  e  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ .

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M
1	t	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2	S	1	0.999999973	1	1	1	1	1	1	0.999999	0.999999	0.999999	0.999999
3	I	0.0000001	1.26667E-07	1.6E-07	2.03E-07	2.57E-07	3.26E-07	4.13E-07	5.23E-07	6.63E-07	8.39E-07	1.06E-06	1.35E-06

Fonte: Próprio autor.

recuperação os indivíduos não adquirirem imunidade à doença. O diagrama de fluxo do modelo SIS na Figura 4 deve ser utilizado como recurso visual auxiliar.

Os próximos 25 minutos se destinarão à apresentação do sistema de equações discretas 4.3.

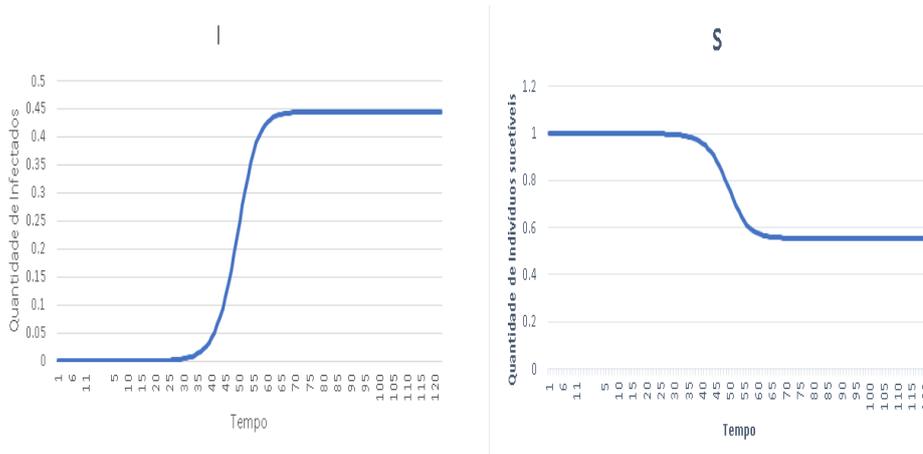
$$\begin{aligned} S_{i+1} &= S_i - \beta S_i I_i + \alpha I_i \\ I_{i+1} &= I_i + \beta S_i I_i - \alpha I_i, \end{aligned} \quad (4.3)$$

que é composto pelas equações do sistema 1.19 discretizadas. Ao apresentar estas equações, o digrama de fluxo na figura 4 deve estar visível e deve ser feita uma conexão entre as setas do diagrama e as partes que compõem as equações, de modo a ficar claro que as equações descrevem a dinâmica representada no diagrama. Além disso, parte deste tempo deve ser destinado ao cálculo manual dos primeiros termos das sequências do modelo, para que os alunos se familiarizem com o acoplamento entre as sequências; iniciando-se os cálculos com os parâmetros  $\alpha$  e  $\beta$  e com as condições iniciais do teste mostrado nas figuras abaixo, pouco ou nenhuma diferença será vista entre termos consecutivos, e isso apontará a necessidade de serem calculados muitos termos da sequência (médio/longo prazo) para que se possa enxergar a dinâmica epidemiológica.

Nos 25 minutos subsequentes testes devem ser feitos para dois pares de valores de  $\alpha$  e  $\beta$ . As quantidades iniciais de indivíduos infectivos e suscetíveis devem ser mantidas fixas e estas devem ser normalizadas pela quantidade de indivíduos na população, que é aproximadamente a mesma quantidade de indivíduos suscetíveis. Os valores iniciais do sistema normalizado devem ser  $S_0 = 1$  e  $I_0 = 10^{-7}$ , o que correspondem a 1 indivíduo infectivo em uma população de 10 milhões de pessoas; os pares de parâmetros a serem testados podem ser  $(\alpha = 1/3, \beta = 0,6)$  e  $(\alpha = 1/3, \beta = 0,3)$ , que correspondem a números básicos de reprodução 1,8 e 0,9, respectivamente. A Figura 18 mostra as primeiras 12 colunas do teste feito para o primeiro par de parâmetros; a célula que contém o rótulo  $t$  está localizada no endereço A1, a célula que contém o rótulo S está localizada no endereço A2, a célula que contém o rótulo I está localizada no endereço A3, o cálculo do conteúdo da célula C2 foi feito utilizando a expressão  $= B2 - (0.6 * B2 * B3) + (1/3) * B3$  e o cálculo do conteúdo da célula C3 foi calculado utilizando a expressão  $= B3 + (0.6 * B2 * B3) - (1/3) * B3$ ; a extensão destas expressões para as células nas respectivas linhas é feita da mesma maneira vista para a equação logística.

A Figura 19 mostra graficamente os dados obtidos com o teste descrito acima. Os

Figura 19 – Gráficos da simulação do modelo SIS para:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 1$  e  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$



Fonte: Próprio autor.

resultados dos testes para os dois pares de parâmetros devem ser comparados evidenciando suas diferenças. Por ser problemática do ponto de vista sanitário, a situação em que a doença se mantém endêmica deve ser enfatizada.

Os últimos 5 minutos devem ser destinados a indicar os testes a serem feitos em casa. Os valores dos parâmetros a serem testados devem ser tais que o número básico de reprodução estejam próximos de 1, acima e abaixo, para que as distinções entre os dois comportamentos da dinâmica epidemiológica sejam reforçadas.

### 4.2.3 O Modelo SIR

O terceiro e último dia deve ser iniciado com a discussão dos resultados obtidos durante a tarefa extra classe; neste momento deve ser apresentado o número básico de reprodução e comentado sobre o seu significado; o valor do número de reprodução deve ser calculado para cada par de parâmetros testado e relacionado com o comportamento da dinâmica epidemiológica obtido. Esta discussão deve tomar não mais do que 10 minutos.

O restante da apresentação deve ser feito de modo semelhante ao feito no dia anterior, mas levando-se em conta as particularidades do modelo SIR:

- (i) O modelo descreve a dinâmica de uma doença viral,
- (ii) Indivíduos recuperados adquirem imunidade à doença,
- (iii) Ocorrência de surto epidêmico e não de manutenção endêmica da doença na população.

O diagrama de fluxo a ser utilizado durante as explicações deve ser o encontrado na figura 1 e as sequências acopladas devem ser as vistas no sistema 4.4

$$\begin{aligned} S_{i+1} &= S_i - \beta S_i I_i \\ I_{i+1} &= I_i + \beta S_i I_i - \alpha I_i \\ R_{i+1} &= R_i + \alpha I_i \end{aligned} \quad (4.4)$$

Os testes também podem ser feitos com os mesmos parâmetros utilizados para o modelo SIS. A Figura 20 mostra as primeiras colunas do teste feito com o primeiro par de parâmetros e a Figura 21 mostra os gráficos gerados com os resultados obtidos neste teste; esta figura

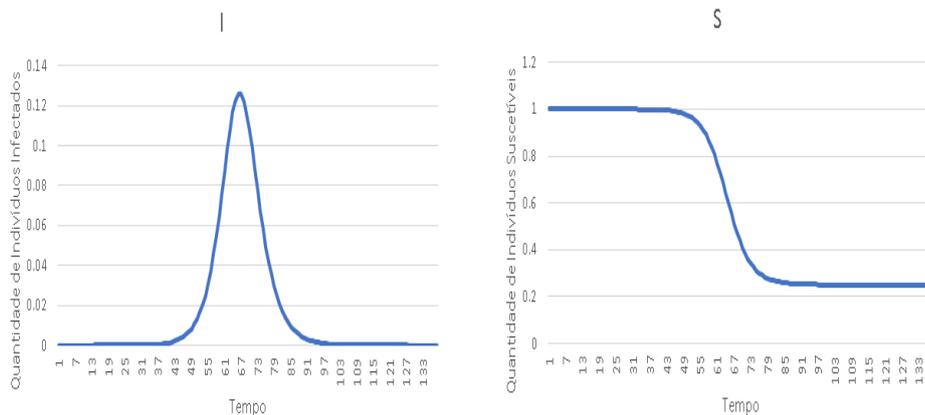
Figura 20 – Dados da simulação do modelo SIR para:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 1$  e  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ .

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M
1	t	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2	s	1	0.99999994	1	1	1	0.999999	0.999999	0.999999	0.999999	0.999998	0.999998	0.999997
3	I	1E-07	1.26667E-07	1.6E-07	2.03E-07	2.57E-07	3.26E-07	4.13E-07	5.23E-07	6.63E-07	8.39E-07	1.06E-06	1.35E-06
4	R	0	3.33333E-08	7.56E-08	1.29E-07	1.97E-07	2.83E-07	3.91E-07	5.29E-07	7.03E-07	9.24E-07	1.2E-06	1.56E-06

Fonte: Próprio autor.

mostra claramente o comportamento epidêmico da dinâmica da doença quando o número básico de reprodução é maior do que 1.

Figura 21 – Gráficos da simulação do modelo SIR para:  $N = 10^7$ ,  $S(0) = 10^7$ ,  $I(0) = 1$  e  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{\alpha} = 1,8$ .



Fonte: Próprio autor.

Uma discussão adicional sobre o número básico de reprodução deve ser feita simultaneamente à comparação dos resultados obtidos para esse modelo, de modo que a importância do número de reprodução seja ainda mais realçada; convém aqui se resgatar as notícias sobre a recente epidemia de Covid-19, em que a “taxa de contágio” acima ou

abaixo de 1 era apontada como um critério adotado pelas autoridades sanitárias para inibir a circulação de pessoas ou afrouxar esta e outras restrições que visassem o controle da disseminação da epidemia.

### 4.3 Projeto Extraclasse

Nesta abordagem, o estudo dos modelos epidemiológicos é realizado como parte de um projeto multidisciplinar no qual é dada ênfase à aprendizagem e aplicação dos recursos de uma linguagem de programação. Idealmente o projeto deve ser desenvolvido no contra turno das aulas, ou como uma trilha de aprendizagem do novo ensino médio; essa escolha proporcionaria maior disponibilidade de tempo (um encontro semanal de 120 minutos, durante 8 semanas), o que permitiria não só o estudo dos modelos epidemiológicos como também a retomada de tópicos extremamente importantes da matemática básica, como razões, probabilidade, sequências, funções e geometria analítica. Simultaneamente a essa revisita aos temas citados, serão desenvolvidas expertises em desenvolvimento de algoritmos e na utilização de uma linguagem de programação para implementá-los; o desenvolvimento *pari passu* destas duas atividades permitirá um reforço simbiótico de ambos, visto que todos os alunos possui uma noção mínima dos tópicos matemáticos estudados, a compreensão e o desenvolvimento de algoritmos que os implemente não será uma tarefa tão árdua mais amena do que seria a tentativa de implementar computacionalmente algo totalmente novo e, por sua vez, a implementação computacional de algoritmos relacionados aos tópicos matemáticos permitirá uma compreensão mais profunda destes tópicos.

A priori qualquer linguagem de programação pode ser utilizada para o desenvolvimento do projeto, mas, por ser bastante popular, ser de fácil aprendizagem, possuir diversas bibliotecas gratuitas que facilitam o trabalho do programador e ser amplamente utilizada nas empresas e universidades, Python é uma boa escolha para as implementações a serem realizadas. Além disso, a aprendizagem de Python porá os alunos em contato com o seu ecossistema de softwares, que são instrumentos para atividades computacionais que vão desde o processamento de imagens a ciências de dados. A escolha desta linguagem também torna o trabalho do professor um pouco mais ameno, sobretudo dos professores pouco familiarizados com programação pois, tendo em vista que as implementações dos modelos vistos nos capítulos precedentes podem ser realizadas sem a utilização de recursos sofisticados da linguagem, o professor pode aprender tudo o que será necessário para o projeto em poucos dias sem que o acúmulo desta nova atividade o sobrecarregue.

O projeto foi concebido para ser desenvolvido em duas etapas. A etapa inicial consistirá na retomada de temas matemáticos relevantes do ensino fundamental e médio em paralelo com o desenvolvimento de expertises em elaboração de algoritmos e programação de computadores; esta etapa será realizada em 5 encontros de 2 horas cada.

A segunda etapa será dedicada à construção de um modelo matemático que represente as dinâmicas epidemiológicas, sua implementação e análise dos resultados gerados. Esta etapa será realizada em 3 encontros de 2 horas cada.

Ao fim do projeto espera-se que os alunos tenham desenvolvido habilidades intermediárias de programação e utilização das funcionalidades de linguagem Python. Estes resultados podem ser mensurados a partir dos programas produzidos pelos alunos e pelos algoritmos concebidos para converter os problemas propostos nesses programas.

É esperado, também, que os alunos desenvolvam consciência da interação entre as disciplinas científicas, de seus conceitos diretrizes e suas metodologias; em suma, desenvolvam consciência da interdisciplinaridade das disciplinas estudadas em sala de aula (FAZENDA, 1992). Dada a subjetividade do processo de concretização, mensurar este objetivo não é tarefa fácil, sobretudo devido ao relativo curto período de tempo destinado à realização do projeto.

#### 4.3.1 Desenvolvimento de Habilidades de Programação

Como visto anteriormente, a primeira etapa do projeto consistirá em retomar diversos conteúdos já vistos durante o ensino fundamental e médio, e explorar seus diversos aspectos com o auxílio de uma linguagem de programação.

Os tópicos matemáticos diretamente ligados ao modelo que será posteriormente construído são probabilidade, proporções, sequências, funções, geometria analítica e sistemas de equações. Cada tópico deve ser desenvolvido enfatizando os aspectos/funcionalidades da linguagem de programação que codifique sua essência ou seja diretamente relacionado a sua implementação computacional.

- (i) O primeiro encontro desta etapa será dedicado a apresentar o projeto de maneira panorâmica aos alunos, a esclarecer o que é uma linguagem de programação, quais suas potencialidades, a apresentar e instalar o Python nos computadores e à conhecer seus recursos básicos.

A apresentação do projeto deve ser feita em 30 minutos e deve cobrir o contexto da disseminação de doenças infecciosas em populações, os tópicos matemáticos que serão revistos e o modelo matemático que será construído; A discussão sobre o que é uma linguagem de programação, suas funcionalidades e a escolha do Python como linguagem para o projeto deve feita em 25 minutos, e deve enfatizar a possibilidade de vivenciar experiências computacionais muito mais profundas que as de meros usuários, bem como a popularidade do Python e seu potencial de utilização nos mais diversos contextos.

Os próximos 45 minutos devem ser dedicados à instalação do Python e ao estabelecimento do primeiro contato dos alunos com a linguagem; deve-se instalar um Ambiente de Desenvolvimento Integrado que permita digitar os códigos, depurar os erros e visualizar as imagens; A escolha para este projeto foi o Spyder, mas qualquer outro pode ser utilizado. Uma opção que possibilita burlar essa etapa de instalação é a utilização do Google Colaboratory (<https://colab.research.google.com>) onde se é possível realizar todo o projeto remotamente e sem a necessidade da instalação local do python, sendo necessários apenas uma conexão com a internet e uma conta no Google. Essa opção ainda permite que os alunos trabalhem em casa ou no celular.

Nesse primeiro contato deve-se mostrar como escrever um programa básico, tradicionalmente usa-se o “Hello World” como ponto de partida, como compilá-lo e como observar os resultados; em seguida deve-se rever proporções e probabilidades e utilizar o Python como uma calculadora sofisticada que auxiliará os alunos na resolução de problemas; isso fará com que os alunos se familiarizem com a linguagem e os tornará mais confiantes quanto a sua utilização. Os tópicos da linguagem a serem introduzidos neste primeiro momento são os operadores aritméticos, variáveis e atribuição de valores às variáveis.

Nos 20 minutos restantes os alunos devem brincar livremente com o Spyder para ganharem maior familiaridade com seus recursos.

- (ii) O segundo encontro deve ser dedicado à revisão de sequências numéricas. Para tanto, nos primeiros 30 minutos deve ser feita uma revisão sobre sequências recursivas; isso pode ser feito utilizando a sequência de Fibonacci, cujo cálculo dos termos oferece o contexto ideal para a introdução do laço de repetição “while” ou do laço “for” associado com estruturas condicionais “if – else” para estabelecer um critério de parada; os 20 minutos seguintes devem ser dedicados a calcular termos de sequências recursivas diversas utilizando Python. Os próximos 30 minutos devem ser dedicados a rever as sequências não recursivas; neste tópico devem ser introduzidos o uso de vetores e os recursos de visualização gráfica utilizando a biblioteca “matplotlib”. O restante do tempo deve ser destinado à resolução de problemas do contexto das sequências e à representação de seus pontos em planos cartesianos.
- (iii) No terceiro encontro funções e geometria analítica podem ser vistas em conjunto e, ao abordar este tópico, deve ficar claro que a impossibilidade do computador lidar com funções contínuas e que, para contornar este problema as funções são aproximadas por muitos pontos de uma sequência não recursiva. Forte ênfase deve ser dada à análise de gráficos das funções, ressaltando seus pontos críticos, regiões de crescimento/decrescimento limites etc. Os primeiros 40 minutos do encontro devem ser dedicados à revisão de algumas funções (polinomiais, exponenciais, logarítmicas),

como implementá-las utilizando vetores e à análise das características destas funções a partir dos seus gráficos; os próximos 40 minutos devem ser dedicados a como criar funções em Python, neste caso função se refere a um conjunto de instruções que podem ser chamadas em outra parte do código sem a necessidade de ser reescrito. O trecho de código abaixo mostra o protótipo de uma função em Python.

```
1 " Protótipo para uma função"
2 def minhafuncao(argumentos de entrada)
3     código 1
4     ...
5     código n
6
7 " chamando a função"
8 minhafuncao(arg1, arg2, ..., argn)
```

Listing 4.1 – Protótipo de uma função em Python

O tempo restante deve ser dedicado a resolução de problemas diversos relacionados às funções; entre estes problemas devem estar a determinação das coordenadas de máximos e mínimos locais, a localização da intersecção de duas funções e o cálculo da inclinação da função utilizando aproximações.

- (iv) O quarto encontro deve ser dedicado aos sistemas de equações lineares. Dado do seu teor instrutivo do ponto de vista da elaboração de algoritmos (STRANG, 1980), a eliminação de Gauss deve ser a técnica enfatizada aqui. Os primeiros 30 minutos devem ser dedicados à revisão de sistemas de equações à aplicação do algoritmo de Gauss para a determinação de suas soluções; os próximos 30 minutos devem ser dedicados à representação do sistema em Python e a implementação do algoritmo de Gauss computacionalmente; o restante do tempo deve ser destinado a resolução de sistemas lineares diversos. Após a resolução do primeiro sistema de equações, deve ser enfatizada o reuso do algoritmo implementado para a resolução de outros sistemas, dado que o algoritmo é o mesmo, apenas algumas modificações devem se feitas para a sua aplicação à resolução de outros sistemas.
- (v) Ao início do quinto encontro, os alunos devem ter domínio razoável sobre os recursos da linguagem, o que permitirá analisar problema mais sofisticados.

Nos primeiros 40 minutos deste encontro, deve ser dedicado à determinação da velocidade de um objeto em movimento não uniforme, em queda livre, por exemplo, considerando a resistência do ar, conhecida a função que indica sua posição. A solução computacional deste problema consiste em determinar a variação média da posição do objeto em diversos intervalos do seu movimento e, esta ideia será utilizada para representar as derivadas na construção do modelo epidemiológico em um momento futuro.

Os próximos 40 minutos devem ser dedicados ao problema inverso: conhecida a “velocidade” do objeto, determinar sua posição. Este problema inverso é na verdade uma equação diferencial e deve ser abordada a partir lei do resfriamento de Newton, (ANTON, 2000); este problema pode ser motivado citando o contexto forense da determinação da hora do óbito de um indivíduo a partir da medida da temperatura do seu fígado.

Os últimos 40 minutos devem ser dedicados ao estudo do crescimento de uma população de bactérias restringido pelos fatores ambientais; aqui a equação logística deve ser apresentada e o significado de seus parâmetros  $r$  e  $K$  devem ser explicados; a questão deve ser abordada pela perspectiva da determinação do tempo necessário para que a população atinja o limite suportado pelo ambiente.

### 4.3.2 A Construção do Modelo

Após a consolidação das habilidades básicas de programação e modelagem de fenômenos do mundo físico, inicia-se a etapa de construção do modelo matemático.

- (i) O primeiro encontro desta etapa deve ser dedicado à construção de um modelo epidemiológico.

Inicialmente a questão de instalação de uma doença infecciosa em uma população deve ser apresentada. Uma maneira simples e clara de isso ser feito, encontrada em (KERMACK; MCKENDRICK, 1927), e citada explicitamente na introdução é:

Uma (ou mais) pessoa infectada é introduzida numa comunidade de indivíduos, mais ou menos suscetíveis à doença em questão. A doença se espalhou dos afetados para os não afetados pela infecção de contato. Cada pessoa infectada percorre o curso da sua doença e, finalmente, é retirada do número dos doentes, por recuperação ou por morte. (KERMACK; MCKENDRICK, 1927, tradução nossa).

Em seguida, os problemas fundamentais da epidemiologia devem ser postos: Existindo alguns indivíduos infectados em uma população, mesmo havendo novos contágios, os infectados se recuperarão e a doença desaparecerá ou a doença se disseminará em meio à população, podendo se tornar uma epidemia? quais fatores são responsáveis por determinam o curso que a doença seguirá? Essas questões são de extrema importância por apontarem os possíveis comportamentos da disseminação da doença e por indiretamente fazerem referência ao número básico de reprodução. Esta apresentação inicial deve ser feita nos primeiros 20 minutos do sexto encontro.

Por seu caráter instrutivo, o modelo SIR é o candidato ideal para uma primeira abordagem e, antes de se iniciar a construção do modelo a dinâmica epidemiológica deve ser explicada a partir do seu diagrama de fluxo 1. Neste estágio, deve ser esclarecido que o interesse está em determinar a quantidade de indivíduos que ocupa

cada compartimento em cada instante e que estes instantes estarão igualmente espaçados no tempo; considerando estas observações, as quantidades de indivíduos poderão ser vistas como uma sequência de valores no tempo. Esta apresentação deve ser feita nos próximos 20 minutos.

- Representação das Derivadas: As derivadas do modelo, fluxo de indivíduos entre dois compartimentos por unidade de tempo, deve ser vista como a variação média de indivíduos e, de modo análogo à velocidade média vista anteriormente, pode ser definida como  $\frac{f_{t+h}-f_t}{h}$ . Nos programas mostrados no apêndice o período de tempo entre dois termos da sequência é unitário, de modo que a derivada  $\frac{dS}{dt}$ , por exemplo, é representada como  $S_{t+1} - S_t$ . Dada a familiaridade dos alunos com a representação de derivadas como variações médias, este tópico pode ser abordado em 15 minutos.

- Representação dos Componentes dos Fluxos:

A Incidência é a quantidade de novos infectados por unidade de tempo ( $\beta SI$ ) e sua formulação pode ser feita do modo análogo a feita no capítulo: Seja  $p$  a quantidade de contatos capazes de transmitir a doença feitos por um indivíduo infectivo em uma população  $N$ ; seja  $\beta$  a razão entre a quantidade de contatos realizados e o tamanho da população ( $\beta = \frac{p}{N}$ ), de modo que  $p = \beta N$ ; Considerando que a probabilidade de o contato realizado com um indivíduo suscetível é dada por  $\frac{S_t}{N}$ , a quantidade de novos infectados gerados por um indivíduo infectivo por unidade de tempo é  $\beta N \times \frac{S_t}{N} = \beta S_t$ ; como existem  $I_t$  indivíduos infectivos no instante  $t$ , a quantidade de novas infecções no instante  $t + 1$  será

$$\beta S_t I_t. \quad (4.5)$$

Neste estágio do desenvolvimento do projeto, os tópicos matemáticos aqui utilizados, revistos e implementados computacionalmente, já devem ter sido dominados por todos, de modo que 20 minutos será o tempo necessário para esta exposição.

A taxa de recuperação  $\alpha$  pode ser apresentada da mesma maneira feita para os modelos básicos, como a fração de indivíduos infectados que se recuperam por unidade de tempo, de modo que

$$\alpha I_t \quad (4.6)$$

represente a quantidade de indivíduos recuperados em cada período.

A simplicidade da exposição acima permite que ela seja feita em 5 minutos; outros 10 minutos devem ser dedicados a tecer alguns comentários sobre o inverso do coeficiente  $\alpha$  representar o período médio em que um indivíduo infectado se mantém infectivo; para que esta informação adquira um caráter

concreto, pode-se fazer uma relação com as características da Covid-19, em que o período em que um indivíduo se mantém infectivo é de 14 dias, o que implica em  $\alpha = \frac{1}{14}$ , caso o dia seja assumido como unidade de tempo do modelo matemático.

- A Consolidação do Modelo: Os próximos 15 minutos devem ser dedicados à construção das equações de  $S_{i+1} = S_i - \beta S_i I_i$ ,  $I_{i+1} = I_i + \beta S_i I_i - \alpha I_i$  e  $R_{i+1} = R_i + \alpha I_i$ , que compõem o sistema de equações de recorrências

$$\begin{aligned} S_{i+1} &= S_i - \beta S_i I_i \\ I_{i+1} &= I_i + \beta S_i I_i - \alpha I_i, \\ R_{i+1} &= R_i + \alpha I_i \end{aligned} \tag{4.7}$$

o mesmo sistema visto em 3.3 e cujo uma possível implementação é mostrada no apêndice.

Os 15 minutos restantes devem ser dedicados ao início da implementação do sistema 4.7 computacionalmente.

- (ii) O segundo encontro será dedicado à investigação epidemiológica.

Compreendida as características do modelo SIR e tendo este sido implementado, não é difícil agregar a ele outros aspectos da realidade, tornando mais sofisticado, ou modificá-lo, ou transformando em um modelo diferente. Assim sendo, o grupo de alunos do projeto pode ser dividido em subgrupos para que cada um desses trabalhe com um modelo específico e ao final apresente à comunidade escolar o modelo analisado e as características da dinâmica de contágio por ele modelada.

Este encontro será dedicado exclusivamente à implementação dos modelos e da realização de testes para valores específicos de parâmetros. A turma deve ser dividida em três grupos e um entre os modelos SIS, SIR e SIR com efeitos demográficos devem ser escolhidos por um membro de cada grupo para a implementação; o diagrama de fluxo de cada modelo deve ser apresentado e as modificações a serem feitas no modelo SIR para que se converta nos outros dois devem ser indicadas aos alunos. 60 minutos devem ser destinada a esta primeira etapa.

Após a implementação dos modelos a investigação epidemiológica propriamente dita deve ser feita analisando os resultados gerados pelo modelo para diferentes valores dos seus parâmetros; inicialmente a escolha dos parâmetros deve ser feita livremente pelos alunos, para que eles percebam, a partir dos gráficos gerados, o efeito de cada parâmetro sobre a dinâmica epidemiológica; isto deve ser feito em 15. em um segundo momento, valores específicos de parâmetros devem ser testados com o intuito de trazer à tona os distintos comportamentos da disseminação da doença; O tempo destinado a esta etapa deve ser de 15 minutos. Nesta etapa é importante que

membros diferentes dos grupos façam testes com valores de parâmetros diferentes e discutam as semelhanças e diferenças dos resultados obtidos.

Estando claro que diferentes valores de parâmetros fazem com que os modelos apresentem dinâmicas dissimilares, o número básico de reprodução deve ser apresentado e seu significado como quantidade de infecções secundárias geradas por um indivíduo infectivo deve ser discutida. A importância desta grandeza deve ser evidenciada relacionando-a às estratégias de contenção de propagação de epidemias que, invariavelmente, visam manter  $R_0 < 1$ . Um caráter mais concreto pode ser dado ao número de reprodução recordando as notícias veiculadas durante o pico da epidemia de Covid-19, onde a chamada “taxa de contágio”, era apresentada com esse mesmo significado e era monitorada por ser um indicativo da possível evolução da dinâmica de contágio. O tempo destinado a esta exposição deve ser de 15 minutos.

Os 15 minutos restantes devem ser destinados à discussão de como os seus resultados serão apresentados para a turma no dia seguinte.

- (iii) No terceiro encontro desta etapa, e último do projeto, os modelos de cada grupo será apresentado, bem como os resultados das simulações realizadas e as conclusões a que chegaram analisando os resultados. Cada grupo terá disponível 30 minutos para sua apresentação e os últimos 30 minutos devem ser dedicados à uma cerimônia simbólica de conclusão de curso, certificados serão entregues aos alunos. Caso seja de pleno acordo dos participantes do projeto, as apresentações devem ser feitas para toda a escola e, para dar um caráter solene à cerimônia de encerramento, o diretor deve ser convidado a entregar os certificados aos alunos.



# Considerações Finais

Apesar de não representarem de modo fidedigno todos os aspectos de epidemias reais, os modelos simplificados de Kermack e Mackendrick captam as características mais relevantes das dinâmicas epidemiológicas representada, o que os torna ótimos pontos de partida para o estudo da modelagem matemática de epidemias. Além disso, sua relativa simplicidade permite sua introdução na educação básica, o que favorece a consolidação dos tópicos aprendidos pelos alunos e o fortalecimento da interdisciplinaridade em sala de aula. Partindo desta perspectiva, neste trabalho buscou-se disseminar os modelos epidemiológicos básicos realçando a possibilidade de incorporação de elementos que caracterizam diversos aspectos da sociedade, tornando estes modelos mais sofisticados e expandindo sua capacidade de representar com maior fidedignidade surtos epidemiológicos reais; também foi dado destaque à existência de números de reprodução das doenças, limiares que determinam comportamentos dramaticamente diversos para a disseminação da doença.

Conceitualmente o trabalho se divide em duas partes, uma dedicada ao público em geral e outra dedicada aos professores de matemática da educação básica. A parte destinada ao público em geral consiste na apresentação dos modelos compartimentais propriamente ditos, o estudo de suas características e a interpretação dos resultados por eles gerados; esta primeira parte teve como propósito a disseminação dessas noções introdutórias de epidemiologia com a expectativa de que isso contribua da alguma maneira para o enfrentamento de surtos epidemiológicos futuros. A parte dedicada aos professores de matemática consiste em uma tentativa de propor maneiras de inserir o tema epidemiologia matemática nas escolas da educação básica; duas abordagens foram sugeridas: a apresentação pontual de modelos epidemiológicos discretizados como exemplo de sequências recursivas acopladas e o desenvolvimento de um projeto interdisciplinar com foco em programação de computadores e na construção e implementação de modelos matemáticos que descrevem dinâmicas epidemiológicas;

Mais do que uma proposta de intervenção em sala de aula, a parte final desse trabalho é um convite a todos os professores de matemática a proporem e implementarem novas abordagens para o ensino de matemática, focadas nas questões e problemas da atualidade e com um olhar nos cenários futuros apontados por estas problemáticas.

## Perspectivas Futuras

Apesar de introdutório, este trabalho pode ser visto como ponto de partida para diversos estudos e trabalhos futuros.

Um estudo mais aprofundado dos sistemas dinâmicos se faz necessário para a compreensão das características mais sutis dos modelos estudados, bem como para o estudo de modelos mais sofisticados e, eventualmente, a elaboração de novos modelos. A determinação dos parâmetros dos modelos também merece atenção; tendo em vista o enorme volume de dados atualmente armazenados sobre os recentes surtos epidemiológicos e o acelerado desenvolvimento das ferramentas computacionais para análise estatística de dados, este se mostra um campo que deve caminhar em paralelo ao estudo dos sistemas dinâmicos aplicados à epidemiologia.

Em sala de aula o desenvolvimento do projeto exposto acima é o caminho natural a se seguir. Outra possibilidade promissora é o monitoramento das variáveis ambientais (temperatura, umidade, volume de chuva...) utilizando sensores de baixo custo e microcontroladores (Arduíno) com o propósito de estabelecer uma relação entre as características climáticas e os períodos de gripe e dengue na nossa região.

# Referências

- ANTON, H. *Cálculo, Um novo horizonte*. [S.l.]: Bookman, 2000. v. 2. 26-27 p. Citado 2 vezes nas páginas 30 e 62.
- ATKINS, P.; PAULA, J.; KEELER, J. *Physical Chemistry*. [S.l.]: Oxford University Press Scientific, 2006. 220 p. Citado na página 24.
- BERNOULLI, D. An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it. *Reviews in Medical Virology*, v. 14, n. 843, p. 275–288, 1766. Citado na página 20.
- BOYCE, W. E.; DIPRIMA, R. C. *Equações Diferenciais Elementares e Problemas de Valores de Contorno*. [S.l.]: LTC, 2002. 224 p. Citado 2 vezes nas páginas 34 e 35.
- BRASIL. Lei nº 9.394, de 20 de dezembro de 1996. estabelece as diretrizes e bases da educação nacional. *Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil*, Brasília, DF, 1996. ISSN 27833. Disponível em: <[https://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/Leis/L9394.htm](https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/Leis/L9394.htm)>. Citado na página 51.
- BRASIL. *Base nacional Comum Curricular Educação É A Base*. [S.l.]: Ministério da Educação, 2017. 534-535 p. Citado na página 50.
- BRAUER, F.; CASTILLO-CHAVEZ, C.; FENG, Z. *Mathematical Models in Epidemiology*. [S.l.]: Springer, 2019. 35 p. Citado 2 vezes nas páginas 23 e 33.
- BRAUER, F.; DRIESSCHE., P.; WU, J. *Mathematical Epidemiology*. [S.l.]: Springer, 2008. 46 p. Citado na página 33.
- BRITANNICA. *Great Plague of London epidemic, London, England, United Kingdom [1665–1666]*. 2023. Disponível em: <<https://www.britannica.com/event/Great-Plague-of-London>>. Citado na página 19.
- BUTANTAN. *Como surgiu o novo coronavírus? Conheça as teorias mais aceitas sobre sua origem*. 2023. Disponível em: <<https://butantan.gov.br/covid/butantan-tira-duvida/tira-duvida-noticias/como-surgiu-o-novo-coronavirus-conheca-as-teorias-mais-aceitas-sobre-sua-origem>>. Citado na página 19.
- FAZENDA, I. C. A. *Integração e Interdisciplinaridade no Ensino Brasileiro: Efetividade ou Ideologia*. [S.l.]: Editora Loyola, 1992. Citado 2 vezes nas páginas 50 e 59.
- FILHO, F. F. C. *Algoritmos Numéricos*. [S.l.]: LTC, 2007. 325 p. Citado na página 44.
- GDF. *Currículo em Movimento do Novo Ensino Médio*. [S.l.]: Secretaria de Estado de Educação do Distrito Federal, 2020. 78 p. Citado na página 51.
- GUARDIAN, T. *Pandemics result from destruction of nature, say UN and WHO*. 2020. Disponível em: <<https://www.theguardian.com/world/2020/jun/17/pandemics-destruction-nature-un-who-legislation-trade-green-recovery>>. Citado na página 20.

HOMES, M. F. *The Influenza Pandemic and The War*. 2023. Disponível em: <<https://www.kumc.edu/school-of-medicine/academics/departments/history-and-philosophy-of-medicine/archives/wwi/essays/medicine/influenza.html>>. Citado na página 19.

JMVH. *The History of Plague – Part 1. The Three Great Pandemics*. 2023. Disponível em: <<https://web.archive.org/web/20191002022050/https://jmvh.org/article/the-history-of-plague-part-1-the-three-great-pandemics/>>. Citado na página 19.

JR, R. C. B. *Computational Methods for Eletromagnetics and Microwaves*. [S.l.]: Wiley Interscience, 1992. Citado na página 44.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. Contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, v. 115, n. 772, p. 700–721, 1927. Citado 3 vezes nas páginas 20, 23 e 62.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. Contribution to the mathematical theory of epidemics.ii.the problem of endemicity. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, v. 138, n. 834, p. 55–83, 1932. Citado 3 vezes nas páginas 23, 29 e 33.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. Contribution to the mathematical theory of epidemics.iii. further studies of the problem of endemicity. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, v. 141, n. 843, p. 94–122, 1933. Citado na página 23.

LITTMAN, R. J.; LITTMAN, M. L. Galen and the antonine plague. *The American Journal of Philology*, v. 94, n. 3, p. 243–255, 1973). Citado na página 19.

MA, Z.; LI, J. *Dynamical Modeling and Analysis of Epidemics*. [S.l.]: World Scientific Publishing Co, 2009. 11 p. Citado 2 vezes nas páginas 24 e 29.

MARTCHEVA, M. *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. [S.l.]: Springer, 2015. 21 p. Citado 3 vezes nas páginas 24, 25 e 32.

MEYER, P. L. *Probabilidade, Aplicações a Estatística*. [S.l.]: LTC, 1983. 139-142 p. Citado na página 25.

OLIVEIRA, C. N. C.; FUGITA, F. *Geração Alpha Matemática: 7 ano*. [S.l.]: SM Educacao, 2022. 147 p. Citado na página 52.

ROSS, R. *The Prevention of Malaria*. [S.l.]: John Murray, 1911. Citado na página 20.

STRANG, G. *Linear Algebra and Its Applications*. [S.l.]: ACADEMIC PRESS, 1980. 183 p. Citado 2 vezes nas páginas 35 e 61.

TSOULARIS, A.; WALLACE, J. Analysis of logistic growth model. *Mathematical Biosciences*, n. 179, p. 21–55, 2002. Citado na página 51.

UNESCO. *Rethinking Education Towards a global common good?* [S.l.]: Unesco Publishing, 2015. 26 p. Citado na página 50.

YORKDAILYRECORD. *Spanish flu of 1918 no three-day fever. Try 365-day worldwide plague*. 2023. Disponível em: <<https://www.ydr.com/story/news/history/blogs/york-town-square/2009/05/01/currentflu/31647929/>>. Citado na página 19.

ZHIEN, M.; LI, J. *Dynamical Modeling and Analysis of Epidemics*. [S.l.]: World Scientific, 2009. 282 p. Citado na página 45.



# Apêndices



# APÊNDICE A – Código Para o Modelo SIS Básico

Abaixo é apresentado o código que implementa o modelo SIS. O trecho do código que segue o comentário “Criação dos gráficos” deve ser copiado abaixo do comentário idêntico dos outros códigos, sempre que esse não vier seguido de um bloco que gera as figuras correspondentes.

```

1  """
2  @Objective: Investigar os efeitos do número básico de reprodução
3              Sobre o sistema SIS básico
4
5              S' = -Bet *S*I + Alph*I
6              I' =  Bet*S*I - Alph*I
7
8  Parâmetros:
9              Alpha = Taxa de recuperação
10             Beta  = Taxa de contágio
11             N     = Tamanho da população
12             r     = Número básico de reprodução
13  """
14  import numpy as np
15  import matplotlib.pyplot as plt
16
17  def SIS(Alpha,Beta,N):
18      """ Número básico de reprodução """
19      r = N*Beta/Alpha
20      print(r)
21      """
22          Vetores:
23              S = suscetíveis
24              I = Infectados/infectivos
25              t = Tempo
26      """
27      S = np.zeros(150)
28      I = np.zeros(150)
29      t = np.zeros(150)
30      """Condições iniciais normalizadas pelo tamanho da população"""
31      S[0]=1
32      I[0]=2*10**-6
33
34      """Cálculo dos valores de S, I e R"""
35      k = 1

```

```

36 while k < 150:
37     S[k] = S[k-1] - Beta*S[k-1]*I[k-1] + I[k-1]*Alpha
38     I[k] = I[k-1] +Beta*I[k-1]*S[k-1] - I[k-1]*Alpha
39     t[k] = k
40     k = k+1
41
42 """Criação dos gráficos"""
43 plt.figure()
44 plt.style.use("seaborn")
45 plt.figure(figsize = ((7, 7)))
46
47 plt.figure()
48 plt.xlabel("t")
49 plt.ylabel("I")
50 plt.plot(t[:150], I[:150])
51 if r > 1:
52     plt.title("Permanência Perene da Doença")
53 else:
54     plt.title("Extinção da Doença")
55 plt.show()
56
57 plt.figure()
58 plt.xlabel("t")
59 plt.ylabel("S")
60 plt.plot(t[:150], S[:150])
61 if r > 1:
62     plt.title("Permanência perene da Doença")
63 else:
64     plt.title("Extinção da Doença")
65 plt.show()
66 """Teste do modelo para alguns valores dos parâmetros"""
67 SIS(1/3, .6, 1)
68 SIS(1/3, .3, 1)

```

Listing A.1 – Código para resolução numérica do sistema SIS básico utilizando *Python* 3.

# APÊNDICE B – Códigos Para as Versões do Modelo SIR

As diversas versões da implementação foram postas abaixo para que se perceba com pequenas modificações no código do modelo básico são suficientes para gerar as outras versões.

## B.1 SIR Básico

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 def SIR(Alpha,Beta,N):
5     "Parâmetros"
6     r = N*Beta/Alpha
7     print("R=",r)
8
9     "Definindo vetores a serem utilizados"
10    S = np.zeros(150)
11    I = np.zeros(150)
12    R = np.zeros(150)
13    t = np.zeros(150)
14    "Condições iniciais"
15    S[0]=1
16    I[0]=2*10**-6
17
18    "Loop"
19    k = 1
20    while k < 150:
21        S[k] = S[k-1]- Beta*S[k-1]*I[k-1]
22        I[k] = I[k-1] +Beta*S[k-1]*I[k-1]- I[k-1]*Alpha
23        R[k] = R[k-1]+I[k-1]*Alpha
24        t[k] = k
25        k = k+1
26
27    """Criação dos gráficos"""
28
29    """Teste do modelo para alguns valores dos parâmetros"""
30    SIR(1/3,.6,1)
31    SIR(1/3,.3,1)

```

Listing B.1 – Código para resolução numérica do sistema SIR básico utilizando *Python 3*.

## B.2 SIR Com Vacinação em Pulso

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 def SIRV(Alpha,Beta,N,Delta):
5     "coeficiente de vacinação"
6     mu = 0
7     "Parâmetros"
8     r = N*Beta/Alpha
9     print("R=",r)
10
11     "Definindo vetores a serem utilizados"
12     S = np.zeros(200)
13     I = np.zeros(200)
14     R = np.zeros(200)
15     t = np.linspace(0,199,200)
16     "Condições iniciais"
17     S[0]=1
18     I[0]=2*10**-6
19
20     "Loop"
21     k = 1
22     while k < 200:
23         if (k%40) == 0:
24             delta = Delta
25         else:
26             delta = 0
27         S[k] = S[k-1] - Beta*S[k-1]*I[k-1] - delta*S[k-1]
28         I[k] = I[k-1] + I[k-1]*Beta*S[k-1] - I[k-1]*Alpha
29         R[k] = R[k-1] + I[k-1]*Alpha
30         k = k+1
31
32     """Criação dos gráficos"""
33
34     """Teste do modelo para alguns valores dos parâmetros"""
35 SIRV(.5,0.6,1,0)
36 SIRV(.5,0.6,1,0.05)

```

Listing B.2 – Código para resolução numérica do sistema SIR que incorpora vacinação em pulso utilizando *Python 3*.

## B.3 SIR Com Efeitos Demográficos

### B.3.1 Variações em Cada Compartimento

```

1 import numpy as np

```

```

2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 def SIRP(Alpha,Beta,Lambda,mu):
5     "Parâmetros"
6     r = Lambda*Beta/(mu*(Alpha+mu))
7     print("R=",r)
8
9     "Definindo vetores a serem utilizados"
10    S = np.zeros(200)
11    I = np.zeros(200)
12    R = np.zeros(200)
13    t = np.zeros(200)
14    "Condições iniciais"
15    S[0]=1
16    I[0]=2*10**-6
17
18    "Loop"
19    k = 1
20    while k < 200:
21        S[k] = Lambda+ S[k-1]- Beta*S[k-1]*I[k-1] - mu*S[k-1]
22        I[k] = I[k-1] +Beta*S[k-1]*I[k-1]- I[k-1]*Alpha -mu*I[k-1]
23        R[k] = R[k-1]+I[k-1]*Alpha - mu*R[k-1]
24        t[k] = k
25        k = k+1
26
27    """"Criação dos gráficos""""
28
29    """"Teste do modelo para alguns valores dos parâmetros""""
30    SIRP(.08,.32,.1,.05)
31    SIRP(.15,.11,.05,.05)

```

Listing B.3 – Código para resolução numérica do sistema SIR que incorpora efeitos demográficos utilizando *Python 3*.

### B.3.2 Campo de Direções

```

1
2 import numpy as np
3 import matplotlib.pyplot as plt
4
5 def SIRCD(alpha, beta,Delt,mu):
6     def f(Y, t):
7         s, i = Y
8         return [Delt -beta*(s)*(i)-mu*s, beta*(s)*(i)-(alpha+mu)*i]
9
10    s = np.linspace(0,1,18)
11    i = np.linspace(0,1,18)

```

```
12 S, I = np.meshgrid(s,i)
13 t = 0
14 u, v = np.zeros(S.shape), np.zeros(I.shape)
15 NI, NJ = S.shape
16 for n in range(NI):
17     for j in range(NJ):
18         x = S[n, j]
19         y = I[n, j]
20         yprime = f([x, y], t)
21         u[n,j] = yprime[0]
22         v[n,j] = yprime[1]
23
24 """Criação dos gráficos"""
25 plt.quiver(S, I, u, v, color='navy', headwidth=3, scale =1.5,
26 headlength=3)
27 plt.grid()
28 plt.grid(which='minor', alpha=.8)
29 plt.xlabel('$$S$$')
30 plt.ylabel('$$I$$')
31 plt.xlim([0,1])
32 plt.ylim([0,1])
33 plt.title("Campo de Direções")
34 """Teste do modelo para alguns valores dos parâmetros"""
35 SIRCD(.08,.32,.1,.05)
36 SIRCD(.15,.11,.05,.05)
```

Listing B.4 – Código para a confecção de campo de direções do sistema SIR que incorpora efeitos demográficos utilizando *Python 3*.