

JEEPEMA

Jornal eletrônico de Ensino e Pesquisa de matemática

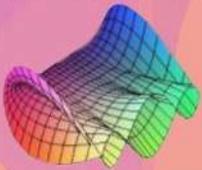
Cálculo

Diferencial

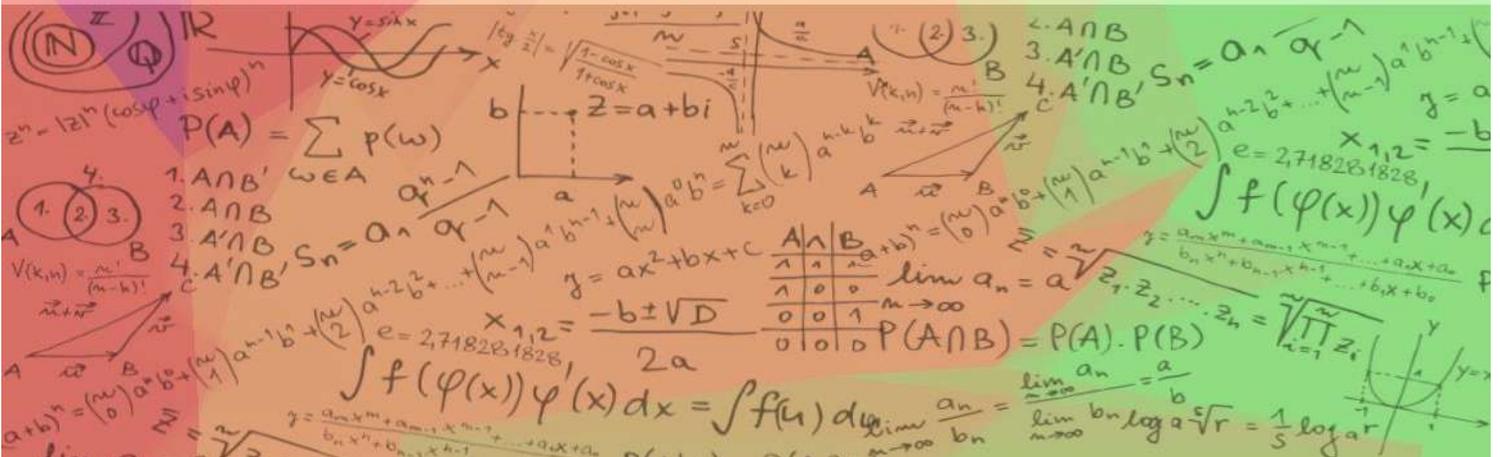
INTEGRAL:

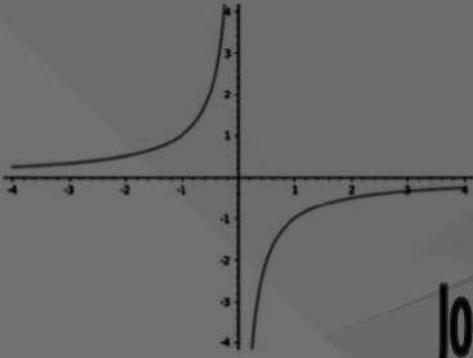


Exercícios • Apostilas • Resoluções • Vídeos Aulas •



um kit de sobrevivência!





JEEPEMA

Jornal eletrônico de Ensino e Pesquisa de matemática

Cálculo

Diferencial

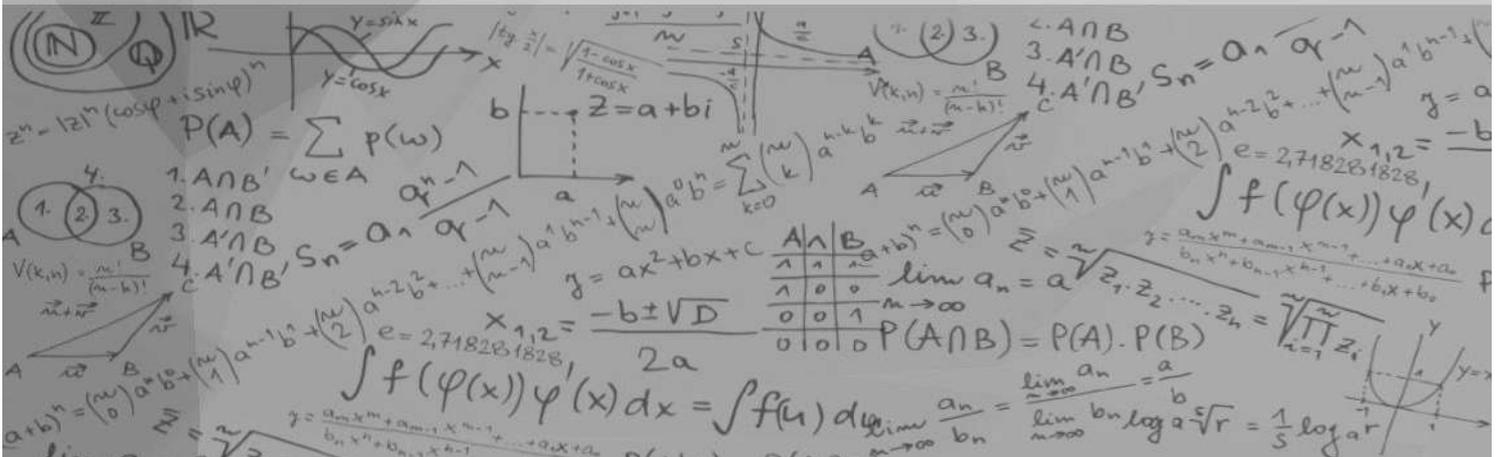
Integral:



Exercícios • Apostilas • Resoluções • Vídeos Aulas •



um kit de sobrevivência!



Aline E. de Medeiros	- editora assistente
Laerte Bemm	- editor assistente (DMA - UEM)
Doherty Andrade	- editor assistente
Rodrigo Martins	- editor chefe (DMA - UEM)
Rafaela Mayumi da S. Fuzioka	- identidade visual
Isadora Honório Guimarães	- identidade visual

Jornal Eletrônico de Ensino de Matemática - JEEPEMA
Universidade Estadual de Maringá, Maringá-PR - Brasil
ISSN: 2594-6323
DOI: 10.4025/jeepeema

Vol. 4 N° 1 / 53 páginas - Junho/2020

Palavras-chave: Suscetíveis, Infectados e Recuperados,
Epidemiologia Matemática, Formas Diferenciais, Teorema, Modelo
Epidemiológico.



Índice

Volume 4 - N° 1

1

A Matemática nos Morelos do tipo SIR: Evandro Estavão Marquesone (UTFPR).

2

Teorema de Stokes e Formas Diferenciais no R^3 : Doherty Andrade (FEITEP).

3

Modelagem Matemática da COVID-19 usando SIR: Marcelo Osnar Rodrigues de Abreu.



A Matemática nos modelos do tipo SIR

Evandro Estevão Marquesone – Email: marquesone@utfpr.edu.br

Universidade Tecnológica Federal do Paraná– UTFPR

Campus Cornélio Procópio-PR

RESUMO: O modelo matemático SIR, referente aos Suscetíveis, Infectados e Recuperados (ou Removidos), é aqui discutido em seus fundamentos. Falamos dos pilares da Epidemiologia Matemática: o princípio de ação das massas e a teoria do valor limiar. Discutimos também aspectos relacionados ao equilíbrio do modelo, e uma breve seção sobre o estudo qualitativo do modelo. Ao final, algumas considerações e críticas ao modelo SIR.

1. Introdução

A *Epidemiologia Matemática*, passou a ser um assunto de tanto interesse (público e acadêmico) após o surgimento das recentes epidemias e com a atual epidemia do covid-19 (coronavírus) passou a figurar entre os tópicos de grande interesse. Um grupo de epidemiologistas do Imperial College de Londres, talvez nem tenham sido os primeiros a fazer algum modelo matemático sobre o coronavírus, mas com certeza foi um dos modelos mais influentes na tomada de decisão por agentes públicos. Principalmente depois que o governo do Reino Unido mudou sua estratégia de enfrentamento do vírus, esse modelo foi ainda mais noticiado. Muitas pessoas queriam aplicar esses resultados em algum modelo matemático em sua região, outros queriam propor alternativas adicionais de enfrentamento da doença, ou ainda quem quisesse simplesmente entender como se dá a relação entre matemática e doença infecciosa.

A Epidemiologia Matemática é um ramo da Matemática que tem o propósito de estudar a dinâmica de uma doença infecciosa. Não há uma ferramenta matemática específica, mas a grande maioria dos modelos matemáticos nesta temática, utilizam de *equações diferenciais ordinárias*. Estes tipos de modelos estudam a dinâmica das populações. Se o interesse for estudar no modelo algum fator relacionado à dispersão espacial ou à idade, então costumeiramente esses modelos costumam utilizar as *equações diferenciais parciais*, para descrever algum desses comportamentos.

O primeiro estudo matemático feito de uma epidemia, é atribuído a Daniel Bernoulli. O trabalho foi publicado em 1760 e utilizava métodos matemáticos para estudar a efetividade das técnicas de “variolação” ou “inoculação”, no combate da varíola. Já a formulação de teorias específicas para modelos matemáticos que descrevem a dinâmica de doenças infecciosas, e as propriedades destes modelos, só começaram a

ser estudadas no início dos anos 1900 (Yang, 2001). Daí em diante o campo da Epidemiologia Matemática foi sendo construído de forma consolidada. Aqui neste texto vamos tratar de dois tópicos, que são considerados os pilares da Epidemiologia Matemática: o *princípio da ação das massas* e a *teoria do valor limiar*. É comum encontrar na literatura que a junção destes dois itens formam a “pedra fundamental da Epidemiologia Matemática moderna”, como em (Anderson and May, 1992; Yang, 2001; Massad et al., 2004).

2. Apresentando e estudando o modelo SIR

Em se tratando de doenças infecciosas, o modelo matemático que primeiramente é lembrado para descrever esse tipo de problema, é o modelo SIR, ou modelo de Kermack e McKendrick proposto em 1927 (Kermack and McKendrick, 1927). O modelo SIR “inaugura” uma categoria nos modelos matemáticos, conhecida como *modelos compartimentais*. Esse tipo de modelo divide a população em compartimentos. No caso do modelo de Kermack e McKendrick, temos os compartimentos dos *Suscetíveis*, *Infectados* e *Recuperados/Removidos*, como ilustrado no diagrama da figura 1. Das inici-

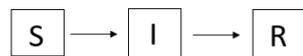


Figura 1: Diagrama do Modelo SIR.

ais de cada compartimento, temos a maneira como ficou popularmente conhecido esse modelo, SIR. Suscetíveis são os indivíduos que podem adquirir a respectiva doença, Infectados os indivíduos que estão com a doença e podem transmitir, e Recuperados são os indivíduos que passaram pelo estágio infeccioso. A ideia desse modelo, e de qualquer modelo compartimental, é estudar o comportamento da população de cada compartimento, a partir da variação de cada compartimento. Ou seja, a modelagem matemática é feita a partir do(s) fator(es) que influencia(m) o comportamento em cada compartimento. Cada fator que influencia em determinado compartimento, geralmente é convertido em um novo parâmetro. Estes fatores também podem ser convertidos em outra população, como no caso das doenças transmitidas por vetores. Nesses modelos tem-se um grupo de equações para descrever os indivíduos afetados pela doença, e outro grupo de equações que vai descrever a influência dos vetores.

Voltando a tratar do modelo SIR, aqui temos que os indivíduos Suscetíveis são infectados a uma taxa β . Essa taxa pode ser interpretada como o percentual dos encontros entre Suscetíveis e Infectados, que podem resultar em um novo indivíduo infectado, daí a justificativa do termo βSI que aparece no modelo em (1). O fato

de considerar que novos infectados serão proporcionais à taxa de encontros entre indivíduos Suscetíveis e Infectados, é uma consequência de se considerar que o modelo em questão tem sua transmissão modelada pelo *princípio de ação das massas*. No caso do compartimento dos Suscetíveis, essa é uma variação negativa, já que novos indivíduos infectados significam que deixaram de ser suscetíveis, e portanto o sinal negativo que aparece no modelo (1). Já no compartimento dos Infectados, esse mesmo termo βSI representa uma variação positiva na população deste compartimento. Já a variação negativa será a taxa de saída deste compartimento, ν , que em geral é obtida pelo inverso do período infeccioso. Vamos tentar justificar esse fato. Estamos estudando a variação dos Infectados com relação ao tempo, e em modelagem matemática encaramos isso como a derivada de I com relação ao tempo t . Isto é,

$$\frac{\text{variação de Infectados}}{\text{variação do tempo}} = \frac{\Delta I}{\Delta t},$$

que é uma aproximação de $\frac{dI}{dt}$, a taxa de variação instantânea de I com relação a t , isto, é a derivada de I com relação a t . Se sabemos que 1 indivíduo infectado permanece em média, nesse estado por um período de x dias, por exemplo, então temos que $\frac{\Delta I}{\Delta t} = \frac{1 \text{ indivíduo}}{x \text{ dias}} = \nu$. Por esse motivo é muito comum encontrar na literatura que o período infeccioso é de ν^{-1} , ou nesse caso de ν^{-1} dias. O modelo então é dado pelo seguinte sistema de equações diferenciais ordinárias:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta IS, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - \nu I, \\ \frac{dR}{dt} = \nu I. \end{cases} \quad (1)$$

Esse modelo descreve o comportamento em uma população de tamanho N indivíduos, e para evitar equívocos, quando os indivíduos em questão forem de algum compartimento, o termo utilizado será “subpopulação”, de modo que o termo “população” será utilizado somente para a população total. Consideramos então que $S(t)$, a subpopulação de indivíduos suscetíveis no instante t ; $I(t)$, a subpopulação de indivíduos infectados no instante t ; $R(t)$, a subpopulação de indivíduos recuperados no instante t ; de modo que $N = S(t) + I(t) + R(t)$, para todo $t \geq 0$. Ressalta-se que neste modelo supõe-se que indivíduos recuperados não podem ser novamente infectados.

Antes de qualquer estudo deste modelo, vamos discutir o primeiro dos dois pilares da Epidemiologia Matemática, citados anteriormente, o *princípio da ação das massas*.

3. Princípio da ação das massas

O princípio da ação das massas ou lei de ação das massas, é um princípio que foi herdado das reações químicas. Nesse tipo de problema, tal princípio diz que “a taxa de reação é proporcional ao produto das concentrações dos reagentes” (Murray, 1989). Em modelos matemáticos que tratam de populações, esse princípio determina que as interações ocorrem de forma proporcional aos encontros. Em Epidemiologia Matemática é possível encontrar duas principais formulações para este princípio. A lei de ação das massas (“verdadeira”) e a pseudo lei de ação das massas. E se tratando de modelos matemáticos que descrevem a dinâmica de uma doença, a forma de modelar esses encontros vai definir a forma com que vai se dá o contágio. Para apresentar de forma didática, vamos reescrever o modelo (1) de duas formas:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta IS, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - \nu I, \\ \frac{dR}{dt} = \nu I. \end{array} \right. \quad \text{ou} \quad \left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta' \frac{I}{N} S, \\ \frac{dI}{dt} = \beta' \frac{I}{N} S - \nu I, \\ \frac{dR}{dt} = \nu I. \end{array} \right. \quad (2)$$

A diferença nesses modelos se dá nos termo de infecção: no modelo da esquerda temos βIS enquanto que no modelo da direita temos $\beta' \frac{I}{N} S$. Para que estes modelos sejam equivalentes, com relação ao princípio de ação das massas, é preciso que $\beta = \frac{\beta'}{N}$. Isso fará com que no modelo da direita tenhamos uma taxa de infecção total, β' , enquanto que no modelo da esquerda tenhamos uma taxa per-capita de infecção, já que β é a razão entre a taxa total de infecção e a população total. E se tivéssemos $\beta' IS$? Nesse caso teríamos uma modelagem que leva em conta a densidade da população, o que é mais aplicável em plantas ou doenças animais (Keeling and Rohani, 2008).

Neste trabalho vamos nos manter nessas duas formulações da lei de ação das massas. Se você se interessou a respeito do que representa a escolha de cada formulação, nos resultados analíticos do modelo epidemiológico, um trabalho recomendado para estudo é (Yang et al., 2016). Aqui os autores discutem quatro formulações do princípio de ação das massas, em um mesmo modelo matemático.

4. Equilíbrio do modelo

Os pontos de equilíbrio de um modelo matemático representam para onde as trajetórias da solução de cada coordenada, cada equação, vai convergir com o passar do tempo, e a partir de algum momento o sistema estará em equilíbrio. Isto é, não haverá mais variação. Por esse motivo, para determinar estes pontos se iguala cada equação a zero. Vamos considerar o modelo da esquerda, dos dois modelos apresentados em

(2). Igualando cada equação a zero temos,

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta IS = 0, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - \nu I = 0, \\ \frac{dR}{dt} = \nu I = 0. \end{cases} \quad (3)$$

Nesse modelo e em boa parte dos modelos epidemiológicos, há dois pontos de equilíbrio de interesse: o ponto de equilíbrio trivial, que ocorre na ausência da doença; e o ponto de equilíbrio não trivial, ou equilíbrio endêmico, que é quando a doença está em equilíbrio. Pois bem, no caso do ponto de equilíbrio trivial, vejamos no modelo (3) que para $I = 0$ teremos,

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = 0, \\ \frac{dI}{dt} = 0, \\ \frac{dR}{dt} = 0. \end{cases} \quad (4)$$

Isso quer dizer que ao integrar qualquer equação do modelo (4), teremos a respectiva variável igual a uma constante. Consequentemente essa constante será determinada pela condição inicial. Vejamos que nesse modelo, de acordo com o diagrama representado na figura 1, a entrada no compartimento R se dá somente pela passagem do indivíduo de I para R . Logo se $I = 0$, teremos $R = 0$. Como a população resultante do modelo será sempre N , logo na ausência da doença teremos o ponto de equilíbrio $P_1 = (S_1, I_1, R_1) = (N, 0, 0)$.

Passamos agora para o caso em que $I \neq 0$, e consequentemente $R \geq 0$. Nesse modelo não conseguimos encontrar exatamente um ponto de equilíbrio, mas teremos uma equação, ou seja, uma solução analítica. Aliás, poucos modelos dão essa possibilidade, de ter uma solução analítica, uma equação que vá descrever no tempo, o comportamento de determinada subpopulação do modelo. Consideremos as condições iniciais $I(0) = I_0$, $R(0) = 0$ e $S(0) = S_0 = N - I_0$. Um estudo feito em (Murray, 1989; Bassanezi and Ferreira Jr, 1988) leva em conta que todas as equações do respectivo modelo dependem de S e de I . Logo faz sentido estudar o modelo com base nas duas primeiras equações, isto é,

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\beta IS - \nu I}{-\beta IS} = -1 + \frac{\nu}{\beta S}. \quad (5)$$

Integrando ambos os lados de (5) obtemos,

$$I(t) = -S + \frac{\nu}{\beta} \ln S + C, \quad (6)$$

onde C é uma constante. Utilizando as condições iniciais determinamos que,

$$C = N - \frac{\nu}{\beta} \ln S_0. \quad (7)$$

E substituindo (7) em (6) temos a seguinte equação,

$$I(t) = N - S(t) + \frac{\nu}{\beta} \ln \left(\frac{S(t)}{S_0} \right). \quad (8)$$

Da equação (8) vemos que a subpopulação I será descrita pela população total N ; pela subpopulação S no instante t , e a condição inicial S_0 ; e pelos parâmetros ν e β . Da equação (5) temos que $\frac{dI}{dS} > 0$ se $\frac{\nu}{\beta S} > 1$. Ou seja, I será uma função crescente se $S < \frac{\nu}{\beta}$. De forma análoga, I será uma função decrescente se $S > \frac{\nu}{\beta}$.

Para fins didáticos, vamos enunciar um modelo matemático que permite determinar o ponto de equilíbrio endêmico. Para isso, consideremos o modelo da esquerda em (2) e vamos acrescentar uma taxa de mortalidade natural μ , considerando que cada indivíduo viva em média o tempo de μ^{-1} . Adicionalmente vamos considerar que todo indivíduo nasce suscetível. Modelos com essas características (nascimentos e mortes) são conhecidos por considerar a demografia da população. Dessa forma, teremos o seguinte modelo,

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta IS - \mu S, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - (\nu + \mu)I, \\ \frac{dR}{dt} = \nu I - \mu R. \end{cases} \quad (9)$$

Igualando as equações a zero, determinamos dois pontos de equilíbrio: $P_1 = (N, 0, 0)$, que ocorre na ausência da doença, e o ponto de equilíbrio quando há doença, dado por,

$$P^* = (S^*, I^*, R^*) = \left(\frac{(\nu + \mu)}{\beta}, \frac{\mu}{\beta} \left(\frac{\beta N}{(\nu + \mu)} - 1 \right), \frac{\nu}{\beta} \left(\frac{\beta N}{(\nu + \mu)} - 1 \right) \right). \quad (10)$$

Essas coordenadas serão os pontos de convergência, para onde a solução do sistema irá convergir, de acordo com as condições iniciais e valores dos parâmetros. As soluções, em geral existem, mas não são conhecidas explicitamente, é preciso aplicar um método numérico no sistema (9) para obtermos aproximações numéricas para a solução exata. Então, o comportamento de cada equação, com o passar do tempo, será descrito pela solução numérica, obtida por algum método numérico (em geral, Runge-Kutta de ordem 4 para sistemas). Já para a versão anterior do modelo SIR, o modelo da esquerda em (2), obtivemos uma solução analítica, a equação (8), que nos dá de imediato, o comportamento da subpopulação de Infectados, em função dos parâmetros do modelo, da população total N , da condição inicial na subpopulação de

Suscetíveis, e desta subpopulação no instante t . Vejamos que o simples fato de se considerar nascimentos e mortes, no mesmo modelo, já implicou no fato de não termos mais uma solução analítica conhecida, e sim os pontos de equilíbrio deste modelo. E esse tipo de resultado é o que geralmente se espera obter em um modelo matemático epidemiológico.

5. O número básico de reprodutibilidade da doença - R_0

O número básico de reprodutibilidade da doença, R_0 , é por definição o número de indivíduos infectados secundários produzidos por um único infectado, introduzido em uma população totalmente suscetível (van den Driessche and Watmough, 2008; Diekmann and Heesterbeek, 2000; Anderson and May, 1992). É uma expressão analítica de extrema relevância em um modelo matemático epidemiológico. O R_0 é um limiar matemático e biológico. Ou seja, em determinado valor, o comportamento do modelo muda, e isso tem significados matemático e biológico. Biologicamente podemos interpretar o valor de R_0 como a média de novas transmissões, que um único infectado pode produzir, no início da infecção. Na tabela 1 podemos observar o valor de R_0 para algumas doenças.

Tabela 1: Valores de R_0 de algumas doenças, de acordo com (Keeling and Rohani, 2008), com exceção do covid-19. Este foi determinado pelo modelo matemático do Imperial College (Ferguson et al., 2020).

Doença	R_0
Covid-19	2,4
Tuberculose	2,6
Influenza	3 - 4
Varíola	3,5 - 6
Rubéola	6 - 7
Catapora	10 - 12
Sarampo	16 - 18

Se $R_0 < 1$, a doença não avança. Já se $R_0 > 1$, ou seja, cada indivíduo infectado transmite em média para mais de uma pessoa, então a doença avança. Aqui temos o limiar biológico. Estas mesmas condições de R_0 farão parte do limiar matemático. No caso do modelo SIR, teremos dois pontos de equilíbrio. Ou seja, pontos em que o sistema não vai ter variações, a partir de um certo tempo. Estes pontos são, o trivial (P_1 , livre da doença) e, o não trivial (P^* , coexistência entre suscetíveis, infectados e recuperados). Para esses pontos de equilíbrio R_0 será o limiar matemático, para determinar se serão estáveis ou instáveis. E essa estabilidade pode ser tanto local

quanto global, depende do estudo. Mas em ambos, o que deve acontecer é o seguinte: se $R_0 < 1$, temos P_1 estável e P^* instável; se $R_0 > 1$, temos P_1 instável e P^* estável. Essas situações podem ser então resumidas na tabela 2.

Tabela 2: Síntese das situações possíveis, de acordo com valores de R_0 .

	Biologicamente	Matematicamente
$R_0 < 1$	a doença não avança	P_1 estável e P^* instável
$R_0 > 1$	a doença avança	P_1 instável e P^* estável

Mas como encontrar a expressão analítica de R_0 ? Bem, para essa pergunta não existe apenas uma única resposta. Vamos fazer aqui duas maneiras de se encontrar este limiar. A primeira delas é indicada para modelos onde há somente um compartimento que transmite a doença. Nas duas versões de modelo SIR apresentadas, vamos considerar a da direita, dos modelos (2). Intuitivamente podemos pensar que se a variação dos Infectados com relação ao tempo for positiva, então teremos que cada pessoa, em média, irá transmitir para mais de 1 pessoa. No início da doença, temos $I(0) = 1$, $S(0) \approx N$ e $R(0) = 0$. Assim,

$$\frac{dI}{dt} > 0 \Rightarrow \beta \frac{I}{N} S - \nu I > 0 \Rightarrow \beta \frac{1}{N} N - \nu > 0 \Rightarrow \frac{\beta}{\nu} > 1.$$

Temos então que $R_0 = \frac{\beta}{\nu}$. Para o modelo SIR da esquerda em (2), dado inicialmente, temos $R_0 = \frac{\beta N}{\nu}$. Podemos então reescrever este limiar como,

$$R_0 = N \times \beta \times \frac{1}{\nu}. \quad (11)$$

Na equação (11) podemos interpretar R_0 como: *uma população totalmente suscetível N , sendo infectada a uma taxa β , durante o tempo $\frac{1}{\nu}$, que é a duração média do período infeccioso.*

Para estudar a segunda forma de se determinar R_0 , com o intuito de ser o mais didático possível, vamos fazer este estudo na última versão apresentada do modelo SIR, o modelo (9). Vejamos que é possível tranquilamente aplicar o método comentado anteriormente, para obter o R_0 do modelo (9), e deixamos isso a cargo do(a) leitor(a).

A segunda metodologia para determinar R_0 é conhecida como o *Método da Matriz Jacobiana*, e tem esse nome porque utiliza a matriz jacobiana do respectivo sistema, aplicada nos pontos de equilíbrio. Por simplicidade algébrica, vamos trabalhar inicialmente com $P_1 = (N, 0, 0)$. Precisamos agora iniciar o estudo de estabilidade local de P_1 , e para isso, determinar a matriz jacobiana do sistema (9) e em seguida aplicar em P_1 . Dessa forma, vamos definir cada equação do respectivo modelo, como uma

função em termos das variáveis S , I e R . Isto é,

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta IS - \mu S = f(S, I, R), \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - (\nu + \mu)I = g(S, I, R), \\ \frac{dR}{dt} = \nu I - \mu R = h(S, I, R). \end{cases} \quad (12)$$

A Matriz Jacobiana do modelo (12) é dada por,

$$J = \begin{bmatrix} \frac{df}{dS} & \frac{df}{dI} & \frac{df}{dR} \\ \frac{dg}{dS} & \frac{dg}{dI} & \frac{dg}{dR} \\ \frac{dh}{dS} & \frac{dh}{dI} & \frac{dh}{dR} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\mu - \beta I & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - (\nu + \mu) & 0 \\ 0 & \nu & -\mu \end{bmatrix}. \quad (13)$$

O polinômio característico da matriz jacobiana aplicada em P_1 , é obtido da equação $\det(J(P_1) - \lambda I) = 0$, onde I é a matriz identidade de ordem 3, e λ é a variável que terá como raízes do polinômio, os autovalores da respectiva matriz. Com isso obtemos,

$$\lambda^3 + \lambda^2 a_2 + \lambda a_1 + a_0 = 0, \quad (14)$$

com $a_0 = \mu^2[(\nu + \mu) - \beta N]$. Os demais coeficientes estão em termos dos parâmetros, mas neste momento não vamos precisar deles. A estabilidade local é estudada com as condições de Routh-Hurwitz, disponível em (Murray, 1989) ou (Edelstein-Keshet, 2005), por exemplo. Essas condições vão aumentando à medida que a ordem do polinômio vai aumentando, mas a primeira delas é a de que cada coeficiente seja positivo. Por esse motivo, escolhemos considerar o estudo de P_1 , e analisar o coeficiente a_0 , que é matematicamente, o mais simples. Pois bem, vamos então reescrever a_0 ,

$$\begin{aligned} a_0 = \mu^2[(\nu + \mu) - \beta N] &= \mu^2(\nu + \mu) \left[1 - \frac{\beta N}{(\nu + \mu)} \right] \\ &= \mu^2(\nu + \mu) [1 - R_0]. \end{aligned}$$

Assim, encontramos que $R_0 = \frac{\beta N}{(\nu + \mu)}$. Vejamos que para $R_0 < 1$ temos $a_0 > 0$, e com isso temos satisfeita a primeira das condições de Routh-Hurwitz. Além do mais, para certos modelos só esse fato já garante a estabilidade global e assintótica de P_1 (Leite et al., 2000). Para alguns modelos essa condição é suficiente para a estabilidade local e assintótica do ponto de equilíbrio não trivial (equilíbrio endêmico)(Soares, 2018).

Agora que já temos R_0 para o modelo (9), vamos reescrever o ponto de equilíbrio endêmico (10) em função de R_0 . Depois de algumas manipulações algébricas, obtemos o seguinte,

$$P^* = (S^*, I^*, R^*) = \left(\frac{N}{R_0}, \frac{\mu}{\beta} (R_0 - 1), \frac{\nu}{\beta} (R_0 - 1) \right). \quad (15)$$

De maneira análoga, ao fazer o estudo no ponto de equilíbrio não trivial, ou seja, aplicando o ponto de equilíbrio (15) na matriz jacobiana (13), espera-se que apareça um termo da forma $(R_0 - 1)$. Assim, para a doença existir precisamos que $R_0 > 1$, e isso consequentemente fará com que $(R_0 - 1)$ seja positivo, e portanto contribuindo para o estudo da estabilidade deste ponto de equilíbrio. Vejamos que o contrário disso, $R_0 < 1$, faz com que as coordenadas I^* e R^* sejam negativas. Além de não fazer sentido biológico, isso fará com que o ponto de equilíbrio P^* seja instável.

Ainda com relação ao estudo da estabilidade de P^* , se no ponto de equilíbrio não trivial não aparecer exatamente o mesmo R_0 , isso quer dizer que provavelmente uma das seguintes alternativas é verdadeira:

- (1) você errou em alguma conta, alguma manipulação algébrica, ao aplicar o processo em P_1 , e ao refazer as contas encontra o R_0 que aparece agora em P^* ;
- (2) existe um outro limiar, que aparece no ponto de equilíbrio não trivial. Isso é comum de acontecer em modelos com determinados fluxos, mas é importante garantir que suas contas estão impecáveis, antes de assumir que tem um limiar “geral”, que é a soma de outros limiares.

Com relação ao método anterior, vejamos que o método da matriz jacobiana tem uma certa formalidade matemática. No entanto, à medida que mais parâmetros e/ou variáveis (e portanto mais equações) vão sendo acrescentadas no modelo, a dificuldade passa a ser a manipulação algébrica. Por mais que se use um software que auxilie nas contas e determinar os coeficientes do polinômio característico, a etapa de reescrever o termo independente do polinômio de modo que o R_0 apareça como condição para que esse coeficiente seja positivo, se torna cada vez mais árdua e desafiadora. Para esses tipos de modelo matemático, uma opção passa a ser o *Método da Matriz da Próxima Geração* (van den Driessche and Watmough, 2002). Nesse método, com os compartimentos que infectam ou servem de passagem para um compartimento infectante, se obtém uma matriz, a chamada “matriz da próxima geração”. O raio espectral dessa matriz, ou seja, o maior autovalor em módulo, é definido como o R_0 . No entanto aqui a dificuldade é em determinar o raio espectral, à medida que aumentam as variáveis, e portanto aumenta a ordem do polinômio. Uma saída para essa situação é utilizar a metodologia que foi provada em (Yang and Greenhalgh, 2015), que consiste em simplesmente obter o R_0 como a soma dos coeficientes do polinômio característico, da matriz da próxima geração. Obviamente que o limiar obtido nesta metodologia nem sempre é o raio espectral da respectiva matriz. Mas para o estudo da estabilidade, são limiares equivalentes e isso está garantido na prova deste trabalho. Essa metodologia, intrigante e eficiente ao mesmo tempo, foi utilizada em um trabalho da autora principal, do método da matriz da próxima geração, em (van den Driessche, 2017).

6. Estudo qualitativo do modelo

Um dos fatores mais interessantes no processo de estudo em um modelo matemático, é entender a influência de alguns fatores no problema, sem termos qualquer mensuração numérica sobre algum parâmetro. E obviamente quanto maior o modelo, menor é a quantidade de estudos que se pode fazer nesse sentido. Então se há a pretensão de se considerar mais variáveis, por exemplo, para algum modelo, é importante ter em mente que as dificuldades matemáticas (de manipulação algébrica, determinação de R_0 , determinação dos pontos de equilíbrio, por exemplo) irão aumentar. Por outro lado, e não ignorando a ousadia e audácia de quem propõe o modelo, ao aumentar a quantidade de variáveis e/ou parâmetros, os resultados deste terão mais fatores acerca do problema. Adicionalmente, inserindo mais informações no modelo, é inevitável que se insira mais incerteza na solução. Isso porque raramente se tem alguma informação com exatidão, sobre o parâmetro em questão. E é por esta razão que especialistas recomendam fortemente que o primeiro modelo sobre qualquer tipo de problema a ser estudado, seja o mais simples possível. Sobre essa incerteza, uma maneira de “quantificá-la” é fazer um estudo de *análise de sensibilidade*. Uma metodologia para modelos epidemiológicos, é proposta matematica e computacionalmente em (Marino et al., 2008).

Vamos tentar fazer uma estimativa de R_0 no início de uma epidemia. Para isso, consideremos no modelo da esquerda em (2), que no início da doença $S \approx N$, e assim na equação dI/dt teremos,

$$\frac{dI}{dt} = (\beta N - \nu)I. \quad (16)$$

Resolvendo (16) por separação de variáveis, e considerando $I(0) = I_0 > 0$ obtemos,

$$I(t) = I_0 e^{(\beta N - \nu)t}. \quad (17)$$

Seja t_d o tempo necessário para que o número de infectados dobre, isto é, que em (17) tenhamos $I(t_d) = 2I_0$. Após algumas manipulações algébricas obtemos,

$$t_d = \frac{\ln 2}{\beta N - \nu}. \quad (18)$$

Considerando a equação (11), ou seja, $R_0 = \frac{\beta N}{\nu}$, obtemos em (18),

$$t_d = \frac{\ln 2}{\beta N - \nu} \Rightarrow \beta N - \nu = \frac{\ln 2}{t_d} \Rightarrow \frac{\beta N}{\nu} - 1 = \frac{\ln 2}{\nu t_d} \Rightarrow R_0 = 1 + \frac{\ln 2}{\nu t_d}. \quad (19)$$

Então a pergunta que pode surgir nesse momento é: ao comparar as equações (11) e (19), que vantagem obtemos com essa última? A vantagem é a de que R_0 agora não depende de β , o parâmetro que representa a taxa de transmissão. Este parâmetro

em qualquer modelo epidemiológico é o que vai determinar a dinâmica da doença, e conseqüentemente o mais difícil de se obter informações e/ou estimativas. Já na equação (19) R_0 pode ser estimado a partir de dados epidemiológicos. Vejamos que ν^{-1} é o tempo em que cada indivíduo permanece transmitindo a doença, o que na maioria das vezes costuma coincidir com o período infeccioso, e é isto o que é considerado no modelo SIR. Além do mais, t_d pode ser obtido com base nas quantidades de infectados em um determinado período, e extraindo esse tempo dos dados epidemiológicos. É importante observar, que ν é um parâmetro biológico, e apesar de variar de indivíduo para indivíduo, geralmente há pouquíssimas alternativas para que o período infeccioso diminua em cada indivíduo. Na equação (19) observamos que R_0 é inversamente proporcional a t_d . Conseqüentemente, quanto maior t_d , menor R_0 . Ademais, há inúmeros fatores (sociais, culturais, socioeconômicos, políticos, entre outros) que influenciam para que t_d aumente ou não. Neste momento se faz imprescindível observar as características da doença e da população, ou seja, nos fatores que influenciam na alteração de t_d , para que sejam sugeridas e implementadas políticas de saúde pública, com o intuito de aumentar t_d , o que implica em reduzir R_0 . Ou seja, implementar políticas que vão implicar na redução da média de casos secundários, que cada infectado pode gerar.

Um outro estudo que podemos fazer do modelo é com relação à *fração de suscetíveis* do modelo, no equilíbrio. Tanto para o modelo que estudamos, da esquerda em (2), quanto para o modelo (9), a coordenada S no equilíbrio endêmico é $S^* = \frac{N}{R_0}$. Apesar de R_0 ser uma expressão diferente para ambos os modelos, a coordenada S no equilíbrio é dada na mesma forma. Com isso,

$$\text{Fração de Suscetíveis} = \frac{S^*}{N} = \frac{N}{R_0} \frac{1}{N} = \frac{1}{R_0}. \quad (20)$$

Com isso, ao comparar com as demais frações do modelo e usando a equação (20) devemos ter,

$$\frac{S^*}{N} + \frac{I^*}{N} + \frac{R^*}{N} = 1 \Rightarrow \frac{I^*}{N} + \frac{R^*}{N} = 1 - \frac{1}{R_0}. \quad (21)$$

Da equação (21) podemos observar que a fração dos infectados e dos recuperados/removidos, foram obtidas em função da fração de suscetíveis. Ou seja, no equilíbrio endêmico do modelo, teremos que a fração dos indivíduos que passaram pela infecção somada à fração dos que estão infectados, é obtida em termos da fração de suscetíveis. Para entender melhor isso, vamos observar a figura 2. Nessa figura podemos observar a respeito do que alguns estudiosos afirmam sobre o Covid-19, a *imunidade de rebanho*. Esses estudiosos afirmam que quando cerca de 70% da população já tiver adquirido a doença, não haverá mais risco de haver epidemia, e por isso a população em geral estará protegida. Pois bem, isso era o que pensava o governo do Reino Unido, antes de

ser convencido pelo estudo do Imperial College ([Ferguson et al., 2020](#)). Neste estudo a estimativa para o R_0 do coronavírus é de aproximadamente 2,4. Para que tenhamos então no mínimo de 70% da população que já passou ou está passando pela doença, é preciso que durante o período infeccioso, cada indivíduo transmita em média, para cerca de 3,3 pessoas.

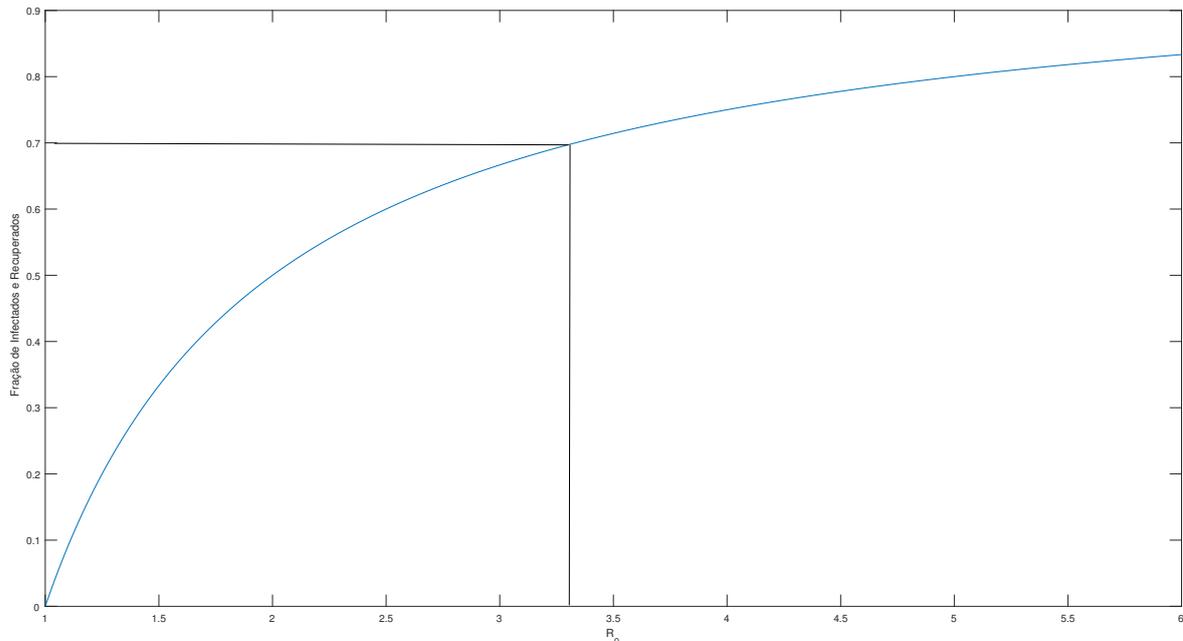


Figura 2: Fração de Infectados e Recuperados no Equilíbrio do Modelo. Gráfico obtido da equação (21), referente ao modelo da esquerda em (2) e também ao modelo (9).

Ou seja, para que a população toda esteja protegida, é preciso que sejam infectadas mais pessoas do que o referido estudo identificou. Inegavelmente, isso iria gerar um caos no sistema hospitalar de qualquer cidade no mundo. Conseqüentemente, a busca por esse limiar para a imunidade de rebanho, equivale a sacrificar muitas vidas.

7. Discussões

É importante observar que o R_0 de um modelo, obtido da expressão analítica a partir dos valores dos parâmetros, só é válido no início da doença. Isso porque em sua definição consta o termo *população totalmente suscetível*. No decorrer da doença é usado então o *número de reprodução efetivo*, que considera a fração suscetível da população, em um determinado momento. Para mais detalhes sobre esse assunto, sugerimos algumas referências ([Allen et al., 2008](#); [Yang et al., 2016](#)).

Qualquer uma das versões do modelo SIR apresentadas em (2) é eficiente em uma

escala pequena de tempo (sem nascimentos e mortes). Vejamos por exemplo o coronavírus. Em se tratando do ciclo da doença, dificilmente ultrapassa os 60 dias. Ao mesmo tempo, uma pessoa hoje no Brasil tem a expectativa de vida de aproximadamente 75 anos. Ou seja, a duração da doença é de aproximadamente 0,2% da expectativa de vida. Logo para estudos de curta duração, a ausência de mortes e nascimentos no modelo, não deve ser um problema. No entanto, caso estudos que levem em consideração um tempo razoavelmente bem maior que o ciclo da doença, recomenda-se considerar a demografia.

Nos modelos apresentados em (2), novos infectados/soropositivos já começam a transmitir assim que se tornam infectados, ou seja, assim que deixam o compartimento dos Suscetíveis. Para resolver isso, uma sugestão é criar o compartimento dos *Expostos*. Esse compartimento será de passagem, entre o compartimento *Suscetível* e *Infectado*. Ou seja, quem está nesse compartimento já foi infectado pela doença, mas ainda não está transmitindo. Esse é o período de incubação, e para a maioria das doenças, nesse estágio ainda não é possível detectar via exame, que tal indivíduo foi infectado.

Pela simplicidade matemática, as versões do modelo SIR em (2) possibilitam inúmeras “análises” matemáticas, e inclusive solução analítica para os infectados, como a encontrada na equação (8). Do modelo SIR é possível se extrair outros resultados matemáticos, de complexidade matemática considerável. Dessa forma, o(a) leitor(a) interessado(a) em outros resultados analíticos do modelo SIR, bem como nas etapas de obtenção, pode consultar alguma das seguintes referências bibliográficas (Murray, 1989; Bailey, 1975; Frauenthal, 1980; Bassanezi and Ferreira Jr, 1988; Allen et al., 2008).

Referências

- Allen, L. J., Brauer, F., van den Driessche, P., and Wu, J., editors (2008). *Mathematical Epidemiology*, volume 1945 of *Lecture Notes in Mathematics*. Springer, Berlin. 13, 14
- Anderson, R. M. and May, R. M. (1992). *Infectious diseases of humans: dynamics and control*. Oxford University Press, Nova Iorque. 2, 7
- Bailey, N. T. (1975). *The mathematical theory of infectious diseases and its applications*. Charles Griffin & Company Ltd, Londres, 2 edition. 14
- Bassanezi, R. C. and Ferreira Jr, W. C. (1988). *Equações Diferenciais com Aplicações*. Editora Harbra, São Paulo. 5, 14
- Diekmann, O. and Heesterbeek, J. (2000). *Mathematical epidemiology of infectious disea-*

- ses: model building, analysis and interpretation*, volume 5. John Wiley & Sons, Chichester; Nova Iorque; Weinheim; Brisbane; Singapore; Toronto. [7](#)
- Edelstein-Keshet, L. (2005). *Mathematical Models in Biology*. Society for Industrial and Applied Mathematics, Filadélfia. [9](#)
- Ferguson, N., Laydon, D., Nedjati Gilani, G., Imai, N., Ainslie, K., Baguelin, M., Bhatia, S., Boonyasiri, A., Cucunuba Perez, Z., Cuomo-Dannenburg, G., et al. (2020). Report 9: Impact of non-pharmaceutical interventions (npis) to reduce covid19 mortality and healthcare demand. [7](#), [13](#)
- Frauenthal, J. C. (1980). *Mathematical modeling in epidemiology*. Springer Science & Business Media, Berlin. [14](#)
- Keeling, M. J. and Rohani, P. (2008). *Modeling infectious diseases in humans and animals*. Princeton University Press, Princeton. [4](#), [7](#)
- Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 115(772):700–721. [2](#)
- Leite, M. B. F., Bassanezi, R. C., and Yang, H. M. (2000). The basic reproduction ratio for a model of directly transmitted infections considering the virus charge and the immunological response. *Mathematical Medicine and Biology: a Journal of the IMA*, 17(1):15–31. [9](#)
- Marino, S., Hogue, I. B., Ray, C. J., and Kirschner, D. E. (2008). A methodology for performing global uncertainty and sensitivity analysis in systems biology. *Journal of theoretical biology*, 254(1):178–196. [11](#)
- Massad, E., Ortega, N. R. S., and Silveira, P. S. P. (2004). *Métodos quantitativos em medicina*. Editora Manole Ltda. [2](#)
- Murray, J. D. (1989). *Mathematical biology*, volume 19 of *Biomathematics*. Springer-Verlag, Berlin. [4](#), [5](#), [9](#), [14](#)
- Soares, A. L. O. (2018). *Estabilidade de sistemas epidemiológicos gerais*. PhD thesis, Universidade Estadual de Campinas, Campinas-SP. [9](#)
- van den Driessche, P. (2017). Reproduction numbers of infectious disease models. *Infectious Disease Modelling*, 2(3):288–303. [10](#)
- van den Driessche, P. and Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical biosciences*, 180(1):29–48. [10](#)

- van den Driessche, P. and Watmough, J. (2008). Further notes on the basic reproduction number. In Allen, L. J., Brauer, F., van den Driessche, P., and Wu, J., editors, *Mathematical Epidemiology*, volume 1945 of *Lecture Notes in Mathematics*, chapter 6, pages 159–178. Springer, Berlin. [7](#)
- Yang, H. M. (2001). *Epidemiologia matemática: estudos dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta*. Unicamp, Campinas. [2](#)
- Yang, H. M., Boldrini, J. L., Fassoni, A. C., Freitas, L. F. S., Gomez, M. C., de Lima, K. K. B., Andrade, V. R., and Freitas, A. R. R. (2016). Fitting the incidence data from the city of campinas, brazil, based on dengue transmission modellings considering time-dependent entomological parameters. *PloS one*, 11(3):1–41. [4](#), [13](#)
- Yang, H. M. and Greenhalgh, D. (2015). Proof of conjecture in: The basic reproduction number obtained from jacobian and next generation matrices—a case study of dengue transmission modelling. *Applied Mathematics and Computation*, 265:103–107. [10](#)



Teorema de Stokes e Formas diferenciais no \mathbb{R}^3

Doherty Andrade – Email: doherty200@hotmail.com

RESUMO: Neste trabalho faremos uma introdução às formas diferenciais no \mathbb{R}^3 e apresentamos os teoremas fundamentais do Cálculo, Teorema de Green, Teorema de Stokes e o Teorema de Gauss, neste enfoque.

1. Introdução

O Teorema Fundamental do Cálculo é o resultado mais importante e mais conhecido do cálculo de uma variável. Mas existe uma dificuldade em reconhecer que este teorema é a versão mais simples do mesmo resultado existente no cálculo vetorial. Neste texto, baseado em [1–3], esperamos tornar claro a relação entre os teoremas de Green, Gauss e Stokes com o Teorema Fundamental do Cálculo.

Inicialmente recordemos da definição de integral de linha. Consideremos um campo vetorial $F(x, y, z) = (F_1, F_2, F_3)$ definido sobre a região $D \subseteq \mathbb{R}^3$ e um caminho $\gamma : [a, b] \rightarrow D \subseteq \mathbb{R}^3$ dado por $\gamma(t) = (x(t), y(t), z(t))$ com componentes de classe C^1 . A integral de linha do campo vetorial $F(x, y, z) = (F_1, F_2, F_3)$ ao longo do caminho γ é dada por

$$\int_a^b F \cdot d\gamma = \int_a^b F(\gamma(t)) \cdot \gamma'(t) dt = \int_a^b [F_1(\gamma(t))x'(t) + F_2(\gamma(t))y'(t) + F_3(\gamma(t))z'(t)] dt. \quad (1)$$

É comum abreviarmos a expressão acima (1), que define a integral de linha, por

$$\int_a^b F \cdot d\gamma = \int_{\gamma} F_1 dx + F_2 dy + F_3 dz. \quad (2)$$

Desta forma o integrando $F_1 dx + F_2 dy + F_3 dz$ fica mais destacado e podemos dar uma interpretação com base no conceito de forma diferencial. Este modo de considerar a integral de linha abre a possibilidade de estender o Teorema Fundamental do Cálculo para outras dimensões.

Antes de fazermos isso, o que faremos com apenas duas e três variáveis, precisamos de alguns conceitos.

2. Iniciando com 1-Formas Diferenciais

Tomemos o espaço \mathbb{R}^n e o vetor $a = (a_1, a_2, \dots, a_n) \in \mathbb{R}^n$. Definimos para cada $1 \leq k \leq n$, a função projeção dx_k que associa a cada vetor $a \in \mathbb{R}^n$ a sua k -ésima coordenada. Isto é:

$$dx_k(a_1, a_2, \dots, a_n) = a_k.$$

Geometricamente, dx_k é uma função que projeta um vetor $a \in \mathbb{R}^n$ sobre o eixo x_k .

Como é usual na matemática, podemos fazer combinações lineares dessas funções dx_k utilizando coeficientes constantes ou coeficientes funcionais. O resultado dessas combinações são novas funções. Por exemplo, considere que F_1, F_2, \dots, F_n são funções reais definidas em uma região $D \subset \mathbb{R}^n$, podemos definir para cada $x \in D$ a combinação linear

$$\omega_x = F_1(x)dx_1 + F_2(x)dx_2 + \dots + F_n(x)dx_n. \quad (3)$$

Assim, temos que ω_x atua em vetores $a \in \mathbb{R}^n$ do seguinte modo:

$$\omega_x(a) = F_1(x)dx_1(a) + F_2(x)dx_2(a) + \dots + F_n(x)dx_n(a) \quad (4)$$

Uma função ω_x como definida em (4) é chamada de 1-forma diferencial ou apenas 1-forma.

Por simplicidade, vamos nos concentrar apenas nas formas diferenciais do \mathbb{R}^3 . Note que em \mathbb{R}^3 existem apenas as 1-formas básicas dx_1, dx_2 e dx_3 . Assim, todas as 1-formas do \mathbb{R}^3 são combinações lineares destas, o que resulta em formas do tipo:

$$\omega_x = F_1(x)dx_1 + F_2(x)dx_2 + F_3(x)dx_3. \quad (5)$$

Exemplo 2.1

O nosso primeiro exemplo já é conhecido por todo estudante de Cálculo: a diferencial de uma função $f : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}$ é uma 1-forma. É o que este exemplo ilustra.

Seja $f : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}$ função diferenciável em uma região $D \subset \mathbb{R}^3$. A diferencial de f em $x \in D$, representada por $d_x f$, é uma 1-forma em D . De fato, como $d_x f$ atua em cada $a = (a_1, a_2, a_3) \in \mathbb{R}^3$ podemos escrevê-la como:

$$\begin{aligned} d_x f(a) &= \frac{\partial f}{\partial x_1}(x)a_1 + \frac{\partial f}{\partial x_2}(x)a_2 + \frac{\partial f}{\partial x_3}(x)a_3 \\ d_x f(a) &= \frac{\partial f}{\partial x_1}(x)dx_1(a) + \frac{\partial f}{\partial x_2}(x)dx_2(a) + \frac{\partial f}{\partial x_3}(x)dx_3(a). \end{aligned}$$

Por simples comparação com (5) obtemos que as funções coeficientes são $F_k = \frac{\partial f}{\partial x_k}, k = 1, 2, 3$.

É importante lembrar que nem toda 1-forma ω com coeficientes resultando em campo F é diferencial de alguma f . Esta é uma situação especial e ocorre quando $\nabla f = F$.

Exemplo 2.2

Este exemplo procura ilustrar como a integral de linha de um campo F sobre um caminho γ é obtida por meio do conceito de 1-forma. Seja $\omega_x = F_1(x)dx_1 + F_2(x)dx_2 + F_3(x)dx_3$ 1-forma diferencial definida em uma região $D \subset \mathbb{R}^3$. Se $\gamma(t) = (g_1(t), g_2(t), g_3(t)), t \in [a, b]$, é uma curva diferenciável com valores em D , em cada ponto $x = \gamma(t) \in D$ podemos aplicar a função $\omega_{\gamma(t)}$ aos vetores tangentes $\gamma'(t)$. O resultado é um número real que pode ser expresso como:

$$\begin{aligned} \omega_{\gamma(t)}(\gamma'(t)) &= F_1(\gamma(t))dx_1(\gamma'(t)) + F_2(\gamma(t))dx_2(\gamma'(t)) + F_3(\gamma(t))dx_3(\gamma'(t)) \\ &= F_1(\gamma(t))g'_1(t) + F_2(\gamma(t))g'_2(t) + F_3(\gamma(t))g'_3(t) \\ &= F(\gamma(t)) \cdot \gamma'(t), \end{aligned}$$

que é precisamente o produto interno entre os vetores $F(\gamma(t))$ e $\gamma'(t)$ que aparece na definição dada em (1).

Assim,

$$\int_a^b F(\gamma(t)) \cdot \gamma'(t) dt = \int_a^b \omega_{\gamma(t)}(\gamma'(t)) dt,$$

que podemos usar para definir a integral de 1-forma ω_x ao longo de uma curva γ :

$$\int_{\gamma} \omega_x = \int_a^b F(\gamma(t)) \cdot \gamma'(t) dt.$$

Assim, obtemos integral de linha empregando o conceito de 1-formas diferenciais.

3. Produto exterior

Agora definimos um tipo de operação, denominada de produto exterior, entre duas 1-formas dx_i e dx_j , $1 \leq i, j \leq 3$. Observe que este produto é diferente da multiplicação ponto a ponto de funções.

Sejam $a = (a_1, a_2, a_3)$ e $b = (b_1, b_2, b_3)$ vetores do \mathbb{R}^3 . Definimos o produto exterior entre dx_i e dx_j por

$$(dx_i \wedge dx_j)(a, b) = \det \begin{bmatrix} dx_i(a) & dx_i(b) \\ dx_j(a) & dx_j(b) \end{bmatrix}. \quad (6)$$

Geometricamente, $(dx_i \wedge dx_j)(a, b)$ é a área, com sinal, do paralelogramo formado pelas projeções de a e de b sobre o plano $x_i x_j$.

Segue das propriedades de determinantes que:

$$dx_i \wedge dx_i = 0 \quad (7)$$

$$dx_i \wedge dx_j = -dx_j \wedge dx_i. \quad (8)$$

Das três formas básicas dx_1, dx_2 e dx_3 e usando o produto exterior obtemos apenas as 2-formas básicas

$$dx_2 \wedge dx_3, dx_3 \wedge dx_1 \text{ e } dx_1 \wedge dx_2.$$

Qualquer outra 2-forma no \mathbb{R}^3 é combinação linear destas.

Assim, combinações lineares com as diferentes 2-formas diferenciais $dx_2 \wedge dx_3, dx_3 \wedge dx_1$ e $dx_1 \wedge dx_2$ resultam em

$$\omega_x = F_1(x)(dx_2 \wedge dx_3) + F_2(x)(dx_3 \wedge dx_1) + F_3(x)(dx_1 \wedge dx_2). \quad (9)$$

Se $F = (F_1, F_2, F_3)$ é um campo vetorial definido sobre uma região $D \subset \mathbb{R}^3$, podemos definir para cada $x \in D$ a função

$$\omega_x = F_1(x)(dx_2 \wedge dx_3) + F_2(x)(dx_3 \wedge dx_1) + F_3(x)(dx_1 \wedge dx_2) \quad (10)$$

que a cada par de vetores a e b do \mathbb{R}^3 associa o número real

$$\omega_x(a, b) = F_1(x)(dx_2 \wedge dx_3)(a, b) + F_2(x)(dx_3 \wedge dx_1)(a, b) + F_3(x)(dx_1 \wedge dx_2)(a, b). \quad (11)$$

Uma função ω_x como definida acima em (11) é denominada de 2-forma diferencial ou apenas 2-forma.

Exemplo 3.1

Seja $\omega_x = -2(dx_2 \wedge dx_3) + 1(dx_3 \wedge dx_1) + 3(dx_1 \wedge dx_2)$ 2-forma diferencial definida em \mathbb{R}^3 . Esta 2-forma associa a cada $x \in \mathbb{R}^3$ o mesmo valor real pois seus coeficientes são constantes. Assim, podemos escrever $\omega = \omega_x$ e para $a = (1, 2, 3)$ e $b = (0, 1, 1)$ temos

$$\begin{aligned}\omega(a, b) &= -2 \det \begin{bmatrix} 2 & 1 \\ 3 & 1 \end{bmatrix} + 1 \det \begin{bmatrix} 3 & 1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix} + 3 \det \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 2 & 1 \end{bmatrix} \\ &= -2(-1) + 1(-1) + 3(1) \\ &= (-2, 1, 3) \cdot (a \times b),\end{aligned}$$

pois os determinantes parciais são exatamente as coordenadas do vetor obtido do produto vetorial $a \times b$. Assim, $\omega(a, b)$ é a coordenada do vetor $v = (-2, 1, 3)$ na direção perpendicular ao paralelogramo P , multiplicada pela área de P .

Agora passamos a definir o produto exterior de duas 1-forma quaisquer como sendo a 2-forma obtida multiplicando as 1-formas como se fossem polinômios nas variáveis dx_1, dx_2 e dx_3 e depois simplificando com o uso das propriedades (7) e (8). Veja o exemplo a seguir.

Exemplo 3.2

Consideremos o produto exterior das duas 1-formas $(xdx + y^2dy)$ e $(ydx + xdy)$:

$$\begin{aligned}(xdx + y^2dy) \wedge (ydx + xdy) &= xydx \wedge dx + x^2dx \wedge dy + y^3dy \wedge dx + xy^2dy \wedge dy \\ &= x^2dx \wedge dy - y^3dx \wedge dy \\ &= (x^2 - y^3)dx \wedge dy.\end{aligned}$$

4. 3-formas diferenciais no \mathbb{R}^3

As 3-formas diferenciais são resultado do produto exterior de uma 2-forma por uma 1-forma. No \mathbb{R}^3 existe apenas a 3-forma básica $dx_1 \wedge dx_2 \wedge dx_3$ e múltiplos desta.

Se $a = (a_1, a_2, a_3)$, $b = (b_1, b_2, b_3)$ e $c = (c_1, c_2, c_3)$ então definimos

$$(dx_1 \wedge dx_2 \wedge dx_3)(a, b, c) = \det \begin{bmatrix} a_1 & b_1 & c_1 \\ a_2 & b_2 & c_2 \\ a_3 & b_3 & c_3 \end{bmatrix}.$$

Para definir a integral de uma p -forma ω^p sobre o \mathbb{R}^n , tomemos $g : \mathbb{R}^p \rightarrow \mathbb{R}^n$ continuamente diferenciável sobre $R \subset \mathbb{R}^p$. Seja $S = g(R)$. Podemos aplicar ω^p em um ponto $g(u)$ aos vetores $\left(\frac{\partial g}{\partial u_k}\right)$, $k = 1, 2, \dots, p$. O resultado é:

$$\omega_{g(u)}^p \left(\frac{\partial g(u)}{\partial u_1}, \frac{\partial g(u)}{\partial u_2}, \dots, \frac{\partial g(u)}{\partial u_p} \right). \quad (12)$$

Definimos a integral de w^p sobre S por

$$\int_S w^p = \int_R \omega_{g(u)}^p \left(\frac{\partial g(u)}{\partial u_1}, \frac{\partial g(u)}{\partial u_2}, \dots, \frac{\partial g(u)}{\partial u_p} \right) dV.$$

Exemplo 4.1

Sejam $\omega_x^2 = F_1(x)dx_2 \wedge dx_3 + F_2(x)dx_3 \wedge dx_1 + F_3(x)dx_1 \wedge dx_2$ e $g : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^3$ diferenciável em $R \subset \mathbb{R}^2$ com funções componentes g_1, g_2 e g_3 . Note que ω_x^2 tem coeficientes contínuos em \mathbb{R}^3 . Então,

$$\omega_{g(u)}^2 \left(\frac{\partial g(u)}{\partial u_1}, \frac{\partial g(u)}{\partial u_2} \right) = (F_1 \circ g) \frac{\partial(g_2, g_3)}{\partial(u_1, u_2)} + (F_2 \circ g) \frac{\partial(g_3, g_1)}{\partial(u_1, u_2)} + (F_3 \circ g) \frac{\partial(g_1, g_2)}{\partial(u_1, u_2)}.$$

De onde segue que

$$\begin{aligned} \int_S \omega^p &= \int_S F_1 dx_2 \wedge dx_3 + F_2 dx_3 \wedge dx_1 + F_3 dx_1 \wedge dx_2 \\ &= \int_R \left[(F_1 \circ g) \frac{\partial(g_2, g_3)}{\partial(u_1, u_2)} + (F_2 \circ g) \frac{\partial(g_3, g_1)}{\partial(u_1, u_2)} + (F_3 \circ g) \frac{\partial(g_1, g_2)}{\partial(u_1, u_2)} \right] du_1 du_2 \end{aligned}$$

que é a integral de superfície do campo vetorial $F = (F_1, F_2, F_3)$.

5. Derivada Exterior

O Teorema Fundamental do Cálculo estabelece que se $\left(\frac{d}{dx}\right) f$ é integrável em $[a, b]$, então

$$\int_a^b \frac{df}{dx} dx = f(b) - f(a).$$

As fórmulas de Stokes e de Gauss

$$\begin{aligned} \int_S \text{rot} F \cdot d\mathbf{S} &= \int_{\partial S} F \cdot \mathbf{t} ds \\ \int_R (\text{div} F) dV &= \int_{\partial R} F \cdot \mathbf{n} d\sigma \end{aligned}$$

são análogas no sentido de que elas exprimem a integral de uma função em termos da própria função em um subconjunto do domínio de integração de dimensão inferior.

Usando as formas diferenciais, definiremos a derivada exterior, que unifica as formulações acima.

A operação derivada exterior, é definida indutivamente, nas formas diferenciais como se segue:

$$df = \frac{\partial f}{\partial x_1}(x) dx_1 + \frac{\partial f}{\partial x_2}(x) dx_2 + \cdots + \frac{\partial f}{\partial x_n}(x) dx_n.$$

Assim, a derivada exterior de uma função f coincide com a diferencial de f .

Continuando, se $\omega^1 = f_1 dx_1 + f_2 dx_2 + \cdots + f_n dx_n$ é 1-forma com coeficientes diferenciáveis, definimos

$$d\omega^1 = (df_1) \wedge dx_1 + (df_2) \wedge dx_2 + \cdots + (df_n) \wedge dx_n.$$

Portanto, $d\omega^1$ é uma 2-forma diferencial.

Em geral, se ω^p é uma p -forma, então a sua derivada exterior $d\omega^p$ é uma $(p+1)$ -forma obtida substituindo cada função coeficiente de ω^p pela 1-forma que é a sua derivada exterior.

Para manter a terminologia consistente podemos nos referir a uma função real $f : D \subseteq \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}$ como sendo uma 0-forma sobre o aberto D .

Exemplo 5.1

Se $f(x, y) = x^3 + y^3$, então $df = 3x^2dx + 3y^2dy$.

No caso da 1-forma dada por $\omega^1(x, y) = xydx + (x^2 + y^2)dy$, então sua derivada exterior é

$$\begin{aligned} d\omega^1_{(x,y)} &= d(xydx + (x^2 + y^2)dy) \\ &= (ydx + xdy) \wedge dx + (2xdx + 2ydy) \wedge dy \\ &= xdy \wedge dx + 2xdx \wedge dy = xdx \wedge dy. \end{aligned}$$

No caso da 2-forma sobre o \mathbb{R}^3 dada por $\omega^2(x, y, z) = xyz(dx \wedge dy)$, sua derivada exterior é

$$\begin{aligned} d\omega^2_{(x,y,z)} &= d(xyz(dx \wedge dy)) \\ &= (yzdx) \wedge (dx \wedge dy) + (xzdxy) \wedge (dx \wedge dy) + (xydz) \wedge (dx \wedge dy) \\ &= xy(dx \wedge dy \wedge dz). \end{aligned}$$

A operação d tem as seguintes propriedades:

Propriedades 5.2 1. Se $f : D \subseteq \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}$ é uma 0-forma, então

$$df = \frac{\partial f}{\partial x_1}(x)dx_1 + \frac{\partial f}{\partial x_2}(x)dx_2 + \frac{\partial f}{\partial x_3}(x)dx_3.$$

2. (linear) Se w_1 e w_2 são duas k formas, então

$$d(w_1 + w_2) = dw_1 + dw_2.$$

3. Se w_1 é uma k -forma e w_2 é uma l forma, então

$$d(w_1 \wedge w_2) = (dw_1 \wedge w_2) + (-1)^k(w_1 \wedge dw_2).$$

4. $d(dw) = 0$ e $d(dx) = 0, d(dy) = 0, d(dz) = 0$, ou simplesmente, $d^2 = 0$.

6. Regras de operações

Agora vamos discutir mais detalhadamente as regras de operações entre formas.

Primeiramente, a operação adição de formas é apenas definida para formas de mesmo tipo. Não podemos definir a adição entre k -forma e l -forma quando $k \neq l$.

Sejam dadas as 1-formas $w_1 = F_1dx + F_2dy + F_3dz$ e $w_2 = G_1dx + G_2dy + G_3dz$, então

$$(w_1 + w_2) = (F_1 + G_1)dx + (F_2 + G_2)dy + (F_3 + G_3)dz.$$

Agora no caso da adição de 2- formas, considere as 2-formas $w_1 = F_1(dx \wedge dy) + F_2(dy \wedge dz) + F_3(dz \wedge dx)$ e $w_2 = G_1(dx \wedge dy) + G_2(dy \wedge dz) + G_3(dz \wedge dx)$, então

$$(w_1 + w_2) = (F_1 + G_1)(dx \wedge dy) + (F_2 + G_2)(dy \wedge dz) + (F_3 + G_3)(dz \wedge dx).$$

Do mesmo modo efetuamos a adição de 3-formas. Considere as 3-formas $w_1 = F(dx \wedge dy \wedge dz)$ e $w_2 = G(dx \wedge dy \wedge dz)$, então

$$(w_1 + w_2) = (F + G)(dx \wedge dy \wedge dz).$$

O produto exterior satisfaz as seguintes regras:

1. Para cada k -forma w existe uma 0-forma, representada por 0, tal que $w + 0 = 0 + w = w$, $0 \leq k \leq 3$.

2. Para todas as k -formas tem-se $0 \wedge w = 0$, $0 \leq k \leq 3$.

3. (linear) Se f é uma 0-forma, então

$$(fw_1 + w_2) \wedge w_3 = (fw_1 \wedge w_3) + (w_2 \wedge w_3).$$

4. Se w é uma k -forma e η é uma l -forma, então

$$w \wedge \eta = (-1)^{kl}(\eta \wedge w).$$

5. (associatividade) Se w_1, w_2, w_3 são k_1, k_2 e k_3 -formas, respectivamente, então

$$w_1 \wedge (w_2 \wedge w_3) = (w_1 \wedge w_2) \wedge w_3.$$

6. Se f é uma 0-forma, então

$$w \wedge (f\eta) = (fw) \wedge \eta = f(w \wedge \eta).$$

7. As seguintes regras de multiplicação valem:

(a) $dx \wedge dy = dx dy$.

(b) $dy \wedge dx = -dx dy = (-1)(dx \wedge dy)$.

(c) $dy \wedge dz = dy dz = (-1)(dz \wedge dy)$.

(d) $dz \wedge dx = dz dx = (-1)(dx \wedge dz)$.

(e) $dx \wedge dx = 0, (dy \wedge dy) = 0, (dz \wedge dz) = 0$.

(f) $dx \wedge (dy \wedge dz) = (dx \wedge dy) \wedge dz = dx dy dz$.

(g) Se f é uma 0-forma e w é uma k -forma, então $(f \wedge w) = fw$.

7. Casos Particulares Importantes

Usando a derivada exterior podemos enunciar a fórmula geral de Stokes na forma

$$\int_B d\omega^p = \int_{\partial B} \omega^p, \quad (13)$$

em que B é $(p + 1)$ -dimensional e ∂B é a sua fronteira p -dimensional.

Vejamos como ficam alguns casos particulares importantes.

1. Teorema de Green:

Se $\omega^1 = F_1(x_1, x_2)dx_1 + F_2(x_1, x_2)dx_2$ com componentes P e Q diferenciáveis e de classe C^1 , então usando as propriedades da derivada exterior e do produto exterior

$$\begin{aligned} d\omega^1 &= \left(\frac{\partial F_1}{\partial x_1} dx_1 + \frac{\partial F_1}{\partial x_2} dx_2 \right) \wedge dx_1 + \left(\frac{\partial F_2}{\partial x_1} dx_1 + \frac{\partial F_2}{\partial x_2} dx_2 \right) \wedge dx_2 \\ &= \left(\frac{\partial F_2}{\partial x_1} - \frac{\partial F_1}{\partial x_2} \right) dx_1 \wedge dx_2. \end{aligned}$$

Usando (13), temos

$$\int_B \left(\frac{\partial F_2}{\partial x_1} - \frac{\partial F_1}{\partial x_2} \right) dx_1 \wedge dx_2 = \int_{\partial B} F_1 dx_1 + F_2 dx_2$$

que é a fórmula de Green. Note que como B é bidimensional, então ∂B é uma curva plana fechada orientada positivamente.

2. Teorema de Stokes:

Considere a 1-forma ω_1 dada por

$$\omega^1 = F_1(x_1, x_2, x_3)dx_1 + F_2(x_1, x_2, x_3)dx_2 + F_3(x_1, x_2, x_3)dx_3,$$

em que F_1, F_2 e F_3 são diferenciáveis e de classe C^1 . Então, usando as propriedades, obtemos que

$$d\omega^1 = \left(\frac{\partial F_3}{\partial x_2} - \frac{\partial F_2}{\partial x_3} \right) dx_2 \wedge dx_3 + \left(\frac{\partial F_1}{\partial x_3} - \frac{\partial F_3}{\partial x_1} \right) dx_3 \wedge dx_1 + \left(\frac{\partial F_2}{\partial x_1} - \frac{\partial F_1}{\partial x_3} \right) dx_1 \wedge dx_2$$

Observe que os fatores dos parênteses presentes em $d\omega^1$ compõem exatamente o rotacional do campo vetorial $F = (F_1, F_2, F_3)$.

3. Teorema de Gauss:

A fórmula de Gauss surge ao considerar a 2-forma

$$\omega^2 = F_1(dx_2 \wedge dx_3) + F_2(dx_3 \wedge dx_1) + F_3(dx_1 \wedge dx_2),$$

em que F_1, F_2 e F_3 são diferenciáveis e de classe C^1 . Utilizando as propriedades e fazendo um cálculo simples mostra-se que

$$d\omega^2 = \left(\frac{\partial F_1}{\partial x_1} + \frac{\partial F_2}{\partial x_2} + \frac{\partial F_3}{\partial x_3} \right) dx_1 \wedge dx_2 \wedge dx_3.$$

Observe que o coeficiente desta 3-forma é exatamente o divergente do campo $F = (F_1, F_2, F_3)$.

Assim, existe uma correspondência entre um campo vetorial $F = (F_1, F_2, F_3)$ no \mathbb{R}^3 e uma forma diferencial com funções coeficientes F_1, F_2 e F_3 . Podemos resumir como:

$$\begin{aligned} \text{se } \omega^2 \text{ está associada ao campo } F, \text{ então } d\omega^2 &\rightarrow \operatorname{div} F, \\ \text{se } \omega^1 \text{ está associada ao campo } F, \text{ então } d\omega^1 &\rightarrow \operatorname{rot} F, \\ \text{se } \omega^0 \text{ está associada ao campo escalar } f, \text{ então } d\omega^0 &\rightarrow \operatorname{grad} f, \end{aligned}$$

onde f é uma função real de três variáveis.

8. Conclusão

Já temos todos os elementos para enunciar os teoremas de Green, de Stokes e de Gauss no contexto de formas.

Teorema 8.1 (Green) *Seja D uma região elementar no plano xy com fronteira ∂D orientada no sentido anti-horário. Seja $\omega = P(x,y)dx + Q(x,y)dy$ 1-forma sobre algum aberto contendo D e com componentes P e Q diferenciáveis de classe C^1 . Então*

$$\int_{\partial D} Pdx + Qdy = \int_D \left(\frac{\partial Q}{\partial x} - \frac{\partial P}{\partial y} \right) dxdy.$$

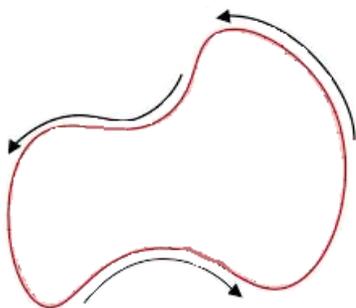


Figura 1: Região D e sua fronteira ∂D

Teorema 8.2 (Stokes) *Seja S uma superfície orientada do espaço \mathbb{R}^3 com fronteira ∂S consistindo de uma curva simples fechada orientada como fronteira de S . Se ω é 1-forma sobre algum aberto contendo S , então*

$$\int_{\partial S} \omega = \int_S d\omega.$$

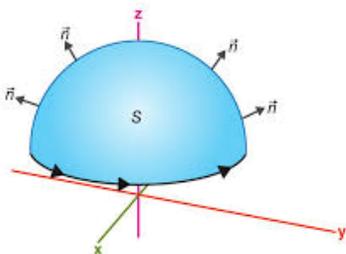


Figura 2: Superfície S e sua fronteira ∂S

Teorema 8.3 (Gauss) *Seja $\Omega \subset \mathbb{R}^3$ uma região elementar com fronteira $\partial\Omega$ com orientação positiva (vetor normal apontando para o exterior da superfície). Seja η a 2-forma sobre algum aberto contendo Ω com componentes diferenciáveis de classe C^1 . Então,*

$$\int_{\partial\Omega} \eta = \int_{\Omega} d\eta.$$

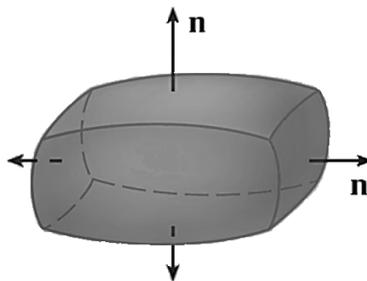


Figura 3: Região Ω e sua fronteira $\partial\Omega$

Referências

1. ANDRADE, D. e Ferreira, J. *Cálculo III*. 2. ed. Florianópolis: UFSC, 2010. [17](#)
2. Williamson, Richar E., Crowell, Richard H., Trotter, Hale F., *Cálculo de Funções Vetoriais*. LTC, 1980. [17](#)
3. Marsden, Jerrold E., Tromba, Anthony J. *Vector Calculus*. W. H. Freeman and Company, 1980.



Modelagem matemática da Covid-19 usando SIR

Marcelo Osnar Rodrigues de Abreu – Email: osnar@outlook.com

Resumo: Exploramos o modelo epidemiológico SIR (Suscetíveis-Infetados-Recuperados) a fim de compreender o comportamento da pandemia de Covid-19 e discutimos quais medidas podem e porque podem auxiliar no seu enfrentamento. São apresentados também os algoritmos na linguagem R para a implementação do Modelo SIR em situações reais. Além disso, ao longo do texto são mencionados os métodos matemáticos que estão por trás destes algoritmos.

Palavras-chave: taxa de propagação, taxa de recuperação, mínimos quadrados, Runge-Kutta, EpiDynamics.

1. Introdução

O modelo SIR foi proposto por [Kermack e McKendrick \(1927\)](#), onde os autores apresentam como o término de uma epidemia pode resultar de uma relação particular entre a densidade populacional e as taxas de transmissão da doença, de recuperação e de mortalidade.

Dentre as muitas variáveis que influenciam na propagação de uma epidemia, quando estamos considerando uma mesma população (ou populações comparáveis conforme citação abaixo), a taxa de infecção (ou taxa de propagação) se torna a principal variável a se determinar e as ações de enfrentamento à epidemia que visem reduzir esta taxa se torna uma das principais, senão a principal, medida para reduzir o número de infectados

[...] se considerarmos duas populações idênticas em relação às suas densidades, suas taxas de recuperação e mortalidade, mas diferentes em relação às suas taxas de infectividade, parecerá que as epidemias na população com a maior taxa de infectividade podem ser maiores em comparação com as da população com menor taxa de infectividade [...] ([KERMAK; MCKENDRICK, 1927](#)).

No decorrer deste trabalho vamos explicar o modelo SIR e explorar os parâmetros necessários para aplicar o modelo. Veremos como o sistema de equações que governam a modelagem SIR podem nos trazer informações sobre o comportamento da propagação da epidemia.

Implementações computacionais deste modelo podem servir de material didático a ser utilizados em disciplinas como introdução às equações diferenciais ordinárias e cálculo numérico.

No entanto, este modelo possui algumas limitações e é necessário um conhecimento mais profundo da situação problema na qual se pretende utilizá-lo. Uma destas limitações é o fato do modelo trabalhar com parâmetros constantes tornando-o pouco eficaz para o estudo de longo prazo de situações dinâmicas.

Os algoritmos são implementados na linguagem de programação R. R é uma linguagem multi-paradigma voltada principalmente para análise e visualização de dados.

2. Modelo SIR

Vamos descrever o modelo SIR na sua versão mais simples, sem considerar a taxa de nascimento e a taxa de mortalidade¹, e com taxas de infecção β e de recuperação γ constantes. De acordo com [Kermack e McKendrick \(1927\)](#), muita informação pode ser obtida sobre o processo pelo qual epidemias seguem seus cursos ao se considerar β e γ constantes.

2.1. Definição

O modelo divide a população em três grupos, são eles:

Figura 1 – Os três grupos populacionais do modelo SIR



Fonte: elaborada pelo autor.

- **Suscetíveis:** São todas as pessoas que podem, em algum momento, ser infectadas.
- **Infectados:** Este grupo é formado pelas pessoas que estão infectadas (também chamados de infecciosos) e, portanto, podem ser capazes de transmitir a infecção.
- **Recuperados:** Aqui temos que tomar um cuidado com a nomenclatura. Ao se usar a palavra recuperados dá-se a entender que as pessoas deste grupo se recuperaram da infecção. No entanto, o modelo, na versão apresentada aqui, visa estudar o comportamento da infecção e neste sentido toda pessoa que não é mais capaz de transmitir

¹Desconsideramos a taxa de mortalidade, mas o número de mortes faz parte do modelo como veremos a seguir.

a infecção entra neste grupo, ou seja, o grupo dos recuperados é formado pelas pessoas que se recuperaram da infecção e também por pessoas que venham a falecer em decorrência dela.

- Todas as pessoas da população onde é realizado o estudo pertence a um dos três grupos acima e nenhuma pessoa pode pertencer, ao mesmo tempo, a dois ou mais grupos.

Uma epidemia pode se iniciar quando uma (ou mais) pessoa infectada é introduzida em uma comunidade de indivíduos suscetíveis à doença em questão. A doença se espalha do infectado para o suscetível por contato. Cada pessoa infectada passa pelo curso de sua doença e, finalmente, é removida do número de pessoas doentes, por recuperação ou por morte (KERMACK; MCKENDRICK, 1927).

Para simplificar a modelagem são feitas algumas considerações:

- O tamanho da população é constante. Não será considerado taxa de nascimento nem de mortalidade. Considerando uma população grande, em geral, nascimentos e mortes em um curto período não modificarão significativamente o tamanho da população. Então, caso não se tenha acesso a valores precisos para estas taxas o mais prudente é não as utilizar na modelagem.
- A interação entre as populações dos compartimentos se dá de forma homogênea.
- Após se recuperar o indivíduo se torna imune e não é capaz de infectar outras pessoas.
- O contágio se dá através do contato efetivo entre suscetíveis e infectados.

Novas infecções ocorrem como resultado do contato entre infectados e suscetíveis. Neste modelo a taxa na qual novas infecções ocorrem, taxa de transmissão (β), é uma constante positiva². Quando uma nova infecção ocorre, o indivíduo infectado passa do grupo das pessoas suscetíveis para o grupo dos infectados. Estamos supondo que não há outra maneira dos indivíduos entrarem ou saírem do grupo dos suscetíveis; portanto, temos a nossa primeira equação diferencial:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot S \cdot I, \quad (1)$$

na qual

- $\frac{dS}{dt}$: denota a taxa de variação S^3 (quantidade de pessoas suscetíveis) em função do tempo t .

²No decorrer deste trabalho vamos explorar em mais detalhes esta taxa.

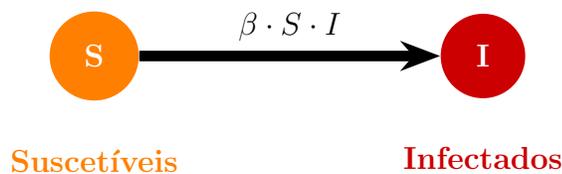
³ S denota uma função da variável t = tempo. Como estamos interessados no comportamento da infecção ao longo do tempo e, em caso de epidemia, a quantidade S de pessoas suscetíveis varia em função de t , é apropriado considerar S como uma função de t .

- β : é a taxa de propagação da infecção. Esta constante é obtida pelo produto da taxa de contato entre pessoas pela probabilidade de uma pessoa suscetível ser contaminada ao ter contato com uma pessoa do grupo dos infectados.
- S : quantidade de pessoas suscetíveis.
- I : quantidade de pessoas do grupo infectados.

Vamos entender por que o produto $-\beta \cdot S \cdot I$ representa a taxa de variação da população S . Primeiramente o que seria taxa de variação de S ? Esta taxa mede quão rápido a população do grupo S aumenta ou diminui. Como estamos simulando um processo de propagação de uma infecção, esta taxa deve ser negativa; uma vez que uma pessoa passa de suscetíveis para infectados a população em S diminui, isto justifica o sinal negativo no membro à direita da equação (1). Suponha inicialmente que $I = 1$, ou seja, há apenas uma pessoa infectada. Então, a variação na população de suscetíveis é dada pela probabilidade das pessoas suscetíveis se infectarem; tal probabilidade é dada pelo produto de β (taxa de propagação) por S (quantidade de pessoas suscetíveis). No caso geral, isto é, para um número arbitrário de I , a taxa de variação de S é $-\beta \cdot S \cdot I$.

A equação (1) descreve matematicamente a seguinte dinâmica populacional: pessoas passam do grupo suscetíveis para o grupo infectados.

Figura 2 – Pessoas suscetíveis passam para o grupo dos infectados de acordo com a taxa $\frac{dS}{dt}$



Fonte: elaborada pelo autor.

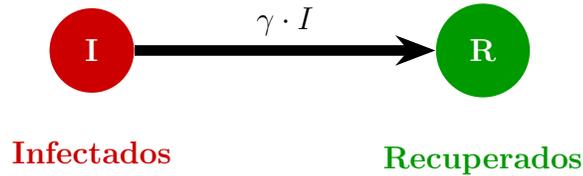
Uma outra dinâmica populacional é esperada: indivíduos infectados passam para o grupo dos recuperados. Supondo que isso aconteça com uma taxa de recuperação (γ) podemos descrever esta dinâmica por meio da equação diferencial:

$$\frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I. \quad (2)$$

A taxa de recuperação γ está relacionada com o tempo médio de recuperação de uma pessoa infectada. Mais precisamente, $\gamma = \frac{1}{t_r}$, onde t_r denota o tempo médio de recuperação de uma pessoa infectada.

Agora, a taxa de variação da população dos recuperados é dada pelo produto de γ (taxa de recuperação) por I (quantidade de infectados).

Figura 3 – Pessoas infectadas passam para o grupo dos recuperados de acordo com a taxa $\frac{dR}{dt}$

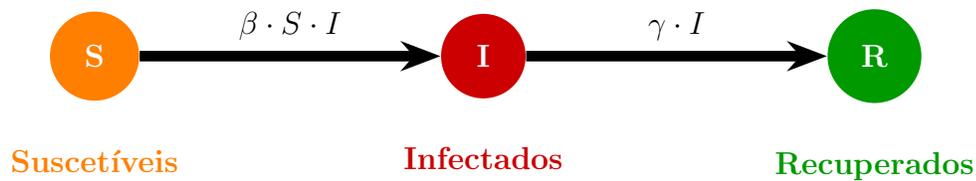


Fonte: elaborada pelo autor.

Por fim, precisamos descrever a taxa de variação de I (infectados): a variação dos infectados depende de quantas pessoas entram neste grupo (pessoas suscetíveis que passam para infectados), este número deve ser positivo, menos a quantidade de pessoas que saem do grupo infectados (pessoas do grupo infectados que passam para recuperados). Assim,

$$\frac{dI}{dt} = \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I. \quad (3)$$

Figura 4 – Pessoas suscetíveis passam para o grupo dos infectados de acordo com a taxa $\frac{dS}{dt}$



Fonte: elaborada pelo autor.

Considerando um estágio de tempo inicial $t = t_0$ e as populações iniciais de cada grupo dadas por $S(t_0) = S_0$, $I(t_0) = I_0$ e $R(t_0) = R_0$ obtemos o sistema de equações diferenciais

$$\text{Modelo SIR} = \begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \cdot S \cdot I \\ \frac{dI}{dt} = \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I \\ S(t_0) = S_0, I(t_0) = I_0, R(t_0) = R_0. \end{cases} \quad (4)$$

Uma solução do sistema de equações diferenciais dado em (4) em um intervalo $I \ni t_0$ é constituída por funções $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ que são diferenciáveis em I e que satisfazem simultaneamente todas as equações para todo $t \in I$. Estudos sobre soluções exatas do sistema 4 podem ser encontradas em (SHABBIR; KHAN; SADIQ, 2010) e em (BOHNER; STREIPERT; TORRES, 2019).

2.2. Informações iniciais sobre a propagação da infecção

A partir das equações diferenciais (1), (2) e (3) que descrevem a dinâmica populacional é possível extrair algumas informações sobre o possível comportamento da propagação da epidemia, e até mesmo saber se haverá ou não uma epidemia.

Primeiramente note que se $I = 0$, ou seja, não houver pessoas no grupo infectados, então as equações (1), (2) e (3) são nulas, isto é, nenhuma pessoa muda de grupo. Da mesma forma, se $S = 0$, ou seja, não há pessoas suscetíveis, então não haverá aumento dos infectados.

Para tornar as coisas interessantes, no sentido matemático, precisamos começar com $S > 0$ e $I > 0$.

Observe que estamos supondo que $S + I + R$ contempla a população total. Como

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = -\beta \cdot S \cdot I + (\beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I) + \gamma \cdot I = 0, \quad (5)$$

então $S + I + R = 0$, ou seja, a população total é constante. Por conveniência consideramos a população total igual a 1, isto é, $S + I + R = 1$.

No estágio inicial é aceitável assumir que $S \approx 1$. Vamos usar este fato para ampliar nosso estudo.

De (3), assumindo $S = 1$, obtemos

$$\frac{dI}{dt} = \beta \cdot I - \gamma \cdot I = (\beta - \gamma) \cdot I. \quad (6)$$

A equação (6) é uma equação diferencial ordinária linear homogênea de ordem 1 cuja solução é dada por (KEELING; ROHANI, 2011, p. 50)

$$I(t) \approx I_0 e^{(\beta - \gamma)t}. \quad (7)$$

A equação (7) nos diz que o comportamento inicial da função que descreve o número de infectados ao longo do tempo é uma função exponencial. Sendo $I_0 > 0$, podemos concluir, pelo comportamento da função exponencial, que o grupo dos infectados irá aumentar se, e somente se, $\beta > \gamma$, ou seja, se a taxa de infecção (β) for maior do que a taxa de recuperação (γ), então a infecção se espalhará e quanto maior for a diferença $\beta - \gamma$ mais rápido isto ocorrerá.

Em outras palavras, se queremos mitigar a infecção ou até mesmo suprimi-la é necessário buscar meios para que a diferença $\beta - \gamma$ seja a menor possível, preferencialmente negativa.

A taxa de recuperação da infecção tende a ser mais previsível e difícil de modificar (em um curto espaço de tempo). Neste sentido, em geral, os esforços tendem a ser no sentido de diminuir a taxa de infecção (β).

Lembremos que β é proporcional à taxa de contato entre pessoas e à probabilidade de uma pessoa suscetível ser contaminada ao ter contato com uma pessoa do grupo dos infectados. Desta forma, a quarentena pode ser uma boa aliada:

- Isolar pessoas contaminadas reduzirá a probabilidade de uma pessoa suscetível ter contato com uma pessoa do grupo dos infectados.
- Isolar apenas pessoas contaminadas pode não ser o suficiente por vários motivos: primeiro que o isolamento completo pode não ocorrer caso a pessoa fique em uma residência com outras pessoas não infectadas. Caso a pessoa fique no hospital poderá ter contato com profissionais de saúde. Temos também o fato de muitas pessoas serem assintomáticas o que impossibilita identificar todos que precisam ser isolados.
- Pelo item anterior surge a necessidade de reduzir a mobilidade das pessoas em geral; esta medida tem o poder de diminuir a taxa de infecção uma vez que diminuirá a taxa de contato.

Sejam t =tempo (instantâneo) e Δt um intervalo de tempo suficientemente pequeno, então a taxa de variação dos infectados dada pela equação (3) pode ser aproximada por

$$\frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t}.$$

Logo,

$$\begin{aligned} \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I &= \frac{dI}{dt} \approx \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} \\ I(t + \Delta t) &= I(t) + \Delta t \cdot \beta \cdot S \cdot I - \Delta t \cdot \gamma \cdot I. \end{aligned} \quad (8)$$

Considere agora $t = 0$ e $\Delta t = t_r$, em que $t_r = \frac{1}{\gamma}$ denota o tempo médio para um indivíduo infectado passar para o grupo dos recuperados. Supondo que no instante $t = 0$ (início da infecção) o número de pessoas suscetíveis é aproximadamente o total da população, isto é, $S(0) = S_0 \approx 1$, então de (8) segue que

$$\begin{aligned} I(0 + t_r) &= I(0) + t_r \cdot \beta \cdot 1 \cdot I - t_r \cdot \gamma \cdot I \\ I(t_r) &= I(0) + \frac{1}{\gamma} \cdot \beta \cdot 1 \cdot I(0) - \frac{1}{\gamma} \cdot \gamma \cdot I(0) \\ I(t_r) &= \frac{\beta}{\gamma} I(0). \end{aligned} \quad (9)$$

A equação (9) nos diz que a quantidade de infectados após o intervalo de tempo $\Delta t = t_r$ é dada por $\frac{\beta}{\gamma}$ vezes $I(0)$. Em outras palavras, supondo que a quantidade de indivíduos contaminados no estágio inicial $I(0)$ corresponde a exatamente um indivíduo da população total $S + I + R$, então a quantidade de novos infectados produzidos é exatamente $\frac{\beta}{\gamma}$.

Ou seja, podemos afirmar que um indivíduo infectado transmite a doença para $\frac{\beta}{\gamma}$ outros indivíduos durante o período em que ele permanece infectado.

Da biologia temos a definição de um número usualmente denotado por R_0

O número básico de reprodução, R_0 , é definido como o número esperado de casos secundários produzido por uma única infecção em uma população completamente suscetível. É importante notar que R_0 é um número sem dimensão e não uma taxa, que teria unidades de tempo⁻¹ (JONES, 2007).

Desta forma, podemos afirmar, pelo Modelo SIR, que $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ é o número médio de pessoas suscetíveis que cada indivíduo infectado irá contaminar.

Temos três situações possíveis:

1. $R_0 = 1$ ($\beta = \gamma$): temos uma situação de equilíbrio, isto é, o número de infectados na população permanecerá igual.
2. $R_0 > 1$ ($\beta > \gamma$): o número de casos aumentará.

3. $R_0 < 1$ ($\beta < \gamma$): o número de casos diminuirá.

É importante destacar que conhecer apenas o R_0 não é suficiente para descrever o comportamento da propagação da infecção

Na estrutura discutida dos modelos simples de SIR e SEIR, concluímos que apenas o número reprodutivo básico fornece poucas informações sobre a duração, tempo de geração, velocidade da epidemia e tempo geral de uma doença infecciosa como a gripe. Em vez disso, propomos que os valores dos parâmetros individuais sejam mais críticos para a compreensão da dinâmica da doença e possam ser mais valiosos para as autoridades políticas na montagem de uma resposta eficaz à saúde pública (RIDENHOUR; KOWALIK; SHAY, 2018).

Retomando nossas análises, dividindo a equação (1) pela equação (2) obtemos

$$\frac{dS}{dR} = -\frac{\beta}{\gamma} \cdot S = -R_0 \cdot S, \quad (10)$$

que é uma equação diferencial linear homogênea cuja solução é

$$S(t) = cS_0 e^{-R_0 \cdot R(t)}. \quad (11)$$

Pela equação (11) podemos concluir que $S(t) > 0$ para todo valor de t , ou seja, a população de suscetíveis nunca se esgota durante a epidemia, ou seja, quando uma epidemia se extingue é pela diminuição dos infectados, não pela falta de suscetíveis.

Da equação (3) podemos dizer que a infecção se espalhará se $\frac{dI}{dt} > 0$, ou seja, $\beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I > 0$, ou equivalentemente, $S > \frac{\gamma}{\beta} = \frac{1}{R_0}$. Esta informação pode ser útil, por exemplo, para se determinar qual fração da população suscetível deve ser vacinada para que não haja mais epidemia. Vejamos como isto funciona.

Vamos denotar por R_e o número efetivo de casos secundários em uma população não totalmente suscetível, produzidos por um indivíduo infectado. Sendo S^* a quantidade de indivíduos suscetíveis na população, temos que

$$R_e = S^* \cdot R_0. \quad (12)$$

Observe que se $S^* = 1$, ou seja, toda a população é suscetível, então $R_e = R_0$. No estado de equilíbrio, ou seja, o número de infectados não aumenta e nem diminui, devemos ter $R_e = 1$, isto é, $S^* = \frac{1}{R_0}$.

Supondo que toda a população seja suscetível, seja V a fração da população que foi vacinada, então, no máximo, teremos $S^* = 1 - V$ (população total menos a quantidade de

vacinados). Assim, $R_e = (1 - V) \cdot R_0$. Para controlar a transmissão, devemos ter $R_e \leq 1$, isto é,

$$\begin{aligned} R_e = (1 - V) \cdot R_0 &\leq 1 \\ V &\geq 1 - \frac{1}{R_0}. \end{aligned} \quad (13)$$

Vamos exemplificar. Suponha que $R_0 = 2$, ou seja, cada pessoa infectada contamina outras duas. Então, para controlar a epidemia, apenas com vacinação, será necessário vacinar ao menos 50% da população.

3. Como mitigar a pandemia de Covid-19?

Nesta seção vamos avaliar cada uma das variáveis do modelo SIR com o objetivo de compreender quais medidas podem mitigar a pandemia de Covid-19.

Cabe aqui ressaltar que esta análise é feita baseando-se nas propriedades do modelo SIR apresentado anteriormente e limita-se ao sentido de estimar a quantidade de casos da COVID-19. Qualquer política de combate à epidemia deve olhar não somente para o número de casos ou a velocidade de propagação da doença. É necessário analisar qual o impacto que este número de casos fará na sociedade tais como taxa de hospitalização e de mortalidade. Além disso, é necessário se atentar ao impacto econômico das medidas a serem tomadas

Mesmo que as taxas de ataque precisas pudessem ser medidas a partir das estimativas de R_0 , muitas das questões mais críticas de saúde pública permaneceriam sem resposta. Por exemplo, as taxas de fatalidade e hospitalização de casos são essencialmente independentes da dinâmica da doença (e, portanto, do que pode ser derivado das estimativas de R_0), mas são os principais determinantes da mortalidade durante um surto de doença infecciosa. A pandemia de H1N1 de 2009 ilustra apropriadamente esse ponto: altas taxas de ataque não produziram níveis correspondentemente altos de mortalidade devido à gravidade relativamente leve da infecção e às baixas taxas de ataque entre as populações tipicamente com maior risco de complicações graves da influenza, principalmente adultos com mais de 65 anos ([RIDENHOUR; KOWALIK; SHAY, 2018](#)).

Tais aspectos não estão sendo ponderados nas conclusões a seguir.

Outro ponto que gostaríamos de destacar é o seguinte: se faz necessário avaliar a evolução da epidemia quase em tempo real para ter um suporte científico mais confiável para a tomada de decisões

Se existissem mecanismos para estimar valores em tempo real ou quase em

tempo real de $R_e > 1$, as autoridades de saúde pública poderiam determinar se estratégias de intervenção específicas – como fechamento ou quarentena de escolas – estão sendo efetivas para alterar a dinâmica da doença e se essas intervenções deveriam ser mantidas. A comparação dos números reprodutivos antes e depois das intervenções em saúde pública foi conduzida retrospectivamente para a pandemia de influenza de 1918 (BOOTSMA; FERGUSON, 2007), mas é improvável que a eficácia de uma intervenção medida em epidemias passadas se aplique a uma epidemia contemporânea (devido a mudanças na estrutura social, ambiente, patógenos, etc.). Devemos reconhecer que, embora a capacidade de estimar números reprodutivos em tempo real possa ser vantajosa, a eficácia de uma intervenção específica pode variar temporal e geograficamente devido a mudanças no ambiente, estrutura da população, evolução viral e imunidade; portanto, estimativas feitas em uma região podem não ser aplicáveis a outra (RIDENHOUR; KOWALIK; SHAY, 2018).

De acordo com o Modelo SIR, os parâmetros necessários são: S , I , R , β e γ .

Pela análise matemática do modelo, feita na seção anterior, podemos discutir as possíveis medidas a serem tomadas.

3.1. Suscetíveis S

Pela equação (1) é possível ver que quanto maior for a população, maior será a taxa de decréscimo das pessoas suscetíveis, ou seja, o número de infectados tende a crescer mais rapidamente. Neste sentido, uma medida efetiva é reduzir o número de suscetíveis.

Mas como fazer isto?

Vacinar parte (ou toda) da população suscetível seria eficaz. Mas no caso da Covid-19 esta solução ainda não está disponível.

Outra possibilidade é a quarentena para pessoas suscetíveis. Se uma pessoa fica em isolamento social, podemos dizer que ela não faz mais parte do conjunto das pessoas suscetíveis (existem modelos epidemiológicos que consideram esta situação, veja Berger, Herkenhoff e Mongey (2020)). É como se pudéssemos saltar do grupo dos suscetíveis diretamente para o grupo recuperados.

3.2. Infectados I

Uma medida em relação aos infectados é o isolamento social, uma vez que é este grupo que propaga a doença. No entanto, muitas pessoas são assintomáticas o que dificulta a identificação das pessoas deste grupo.

Além disso, um isolamento total, ou seja, quando o infectado não tem contato com nenhuma outra pessoa que não esteja devidamente protegida é muito difícil (por inúmeros

motivos que não vamos descrever aqui) de ser colocado em prática. Este fato reforça a necessidade da quarentena geral (para todos os grupos).

Por fim, segundo [He et al. \(2020\)](#), mais de dois quintos das transmissões de Covid-19 ocorrem antes que a pessoa infectada apresente sintomas.

3.3. Recuperados R

Aumentar o número de recuperados, ou a taxa de recuperação⁴, é algo muito difícil de se fazer uma vez que não há tratamento específico e/ou vacina, até a presente data, para a Covid-19.

3.4. Taxa de propagação β

Quanto menor for a taxa de propagação menores serão os efeitos da epidemia e torná-la menor ou igual à taxa de recuperação é a única maneira de interromper a epidemia.

A taxa de propagação β depende diretamente da taxa de contato entre pessoas e da probabilidade de uma pessoa suscetível se infectar ao entrar em contato com uma pessoa infectada.

Várias medidas podem ser tomadas para diminuir esta taxa:

- isolamento social: isolamento social implica em menor taxa de contato entre pessoas e consequentemente irá reduzir a taxa de propagação β .
- evitar aglomerações: medidas para reduzir o número de pessoas que estão ao mesmo tempo em um ambiente fechado e espaçamento de dois metros entre as pessoas são exemplos de medidas que evitam aglomerações e consequentemente a taxa de contato entre pessoas.
- higienização: lavar as mãos com água e sabão, usar álcool 70% dentre outras reduzem a probabilidade de contágio de uma pessoa suscetível ao ter contato com uma pessoa infectada (ou um ambiente onde, recentemente, esteve uma pessoa infectada).
- máscaras e outros EPI's: reduzem a probabilidade de se infectar ao ter contato com uma pessoa infectada.

3.5. Taxa de recuperação γ

Reduzir o tempo de infecção irá aumentar a taxa de recuperação e consequentemente tornará γ mais próximo (ou maior) de β .

⁴Lembrando que a taxa de recuperação está relacionada com o tempo médio para se recuperar da infecção.

Até o momento ainda não há nenhum tratamento que comprovadamente reduza o tempo de infecção.

4. Implementação do Modelo SIR

Para implementar computacionalmente o Modelo SIR são necessárias algumas informações sobre a população e sobre a infecção. Os parâmetros necessários são:

- S : quantidade de pessoas no grupo de pessoas suscetíveis. S representa uma fração da população e, para haver propagação da infecção, deve ser maior que zero. Assim, $0 < S \leq 1$.
- I : quantidade de pessoas no grupo dos infectados. Para termos propagação da infecção, devemos ter $0 < I < 1$. No início considera-se $I \approx 0$ (mas não igual a zero).
- R : quantidade de pessoas no grupo de pessoas recuperadas. Devemos ter $0 \leq R < 1$.
- γ : taxa de recuperação. Para determinar γ é necessário saber o tempo médio de recuperação de uma pessoa infectada.
- β : taxa de infecção. Na Subsecção 4.1 vamos apresentar uma técnica para estimar β .

4.1. Estimando a taxa de infecção β

Como vimos na equação (7), o comportamento inicial da função que descreve o número de infectados ao longo do tempo é dado, aproximadamente, por uma função exponencial da forma

$$I(t) \approx I_0 e^{(\beta - \gamma)t}. \quad (14)$$

Observe que o expoente desta função exponencial é dado por $(\beta - \gamma) \cdot t$. Estudos indicam que uma pessoa infectada é capaz de transmitir a Covid-19, em media, por 10 dias (WOLFEL et al., 2020; YOU et al., 2020). Assim, podemos assumir que $\gamma = \frac{1}{10}$. Logo, se determinarmos a equação de uma função exponencial que represente $I(t)$ poderemos estimar o valor de β .

Para determinar a função $I(t)$ vamos utilizar a seguinte estratégia: a partir do número de infectados num período de 10 dias ajustamos uma função exponencial que melhor representa estes dados, assim teremos uma equação (aproximada) de $I(t)$.

Uma regressão exponencial é o processo de encontrar a equação da função exponencial que melhor se ajusta a um conjunto de dados. Como resultado, obtemos uma equação da forma $y = a \cdot e^{b \cdot t}$.

O poder preditivo relativo de um modelo exponencial é denotado por R^2 . O valor de R^2 varia entre 0 e 1. Quanto mais próximo de 1 for o valor de R^2 mais preciso é o modelo.

Exemplo 4.1

Considere a seguinte tabela de dados que apresenta uma sequência de 10 dias e o respectivo número de casos acumulados nestes dias:

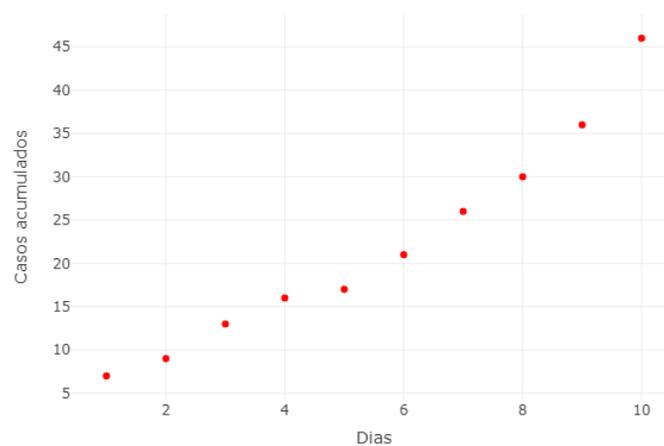
Tabela 1 – Casos acumulados em 10 dias

dias	casos acumulados
1	7
2	9
3	13
4	16
5	17
6	21
7	26
8	30
9	36
10	46

Fonte: elaborada pelo autor.

Graficamente temos a seguinte representação dos dados

Figura 5 – Casos acumulados em 10 dias



Fonte: Elaborada pelo autor.

O nosso objetivo é determinar uma função exponencial da forma $a \cdot e^{b \cdot t}$ (claramente devemos ter $a \neq 0$) que melhor represente o número de casos acumulados neste período de 10 dias. Assumindo que o comportamento da coluna casos acumulados da Tabela 1 seja exponencial, ou seja, casos acumulados $\approx a \cdot e^{b \cdot t}$, então aplicando o logaritmo natural obtemos

$$\ln(\text{casos acumulados}) \approx \ln(a) + b \cdot t, \quad (15)$$

que é uma equação de reta.

Desta forma, convertemos o problema de encontrar uma função exponencial que melhor represente a coluna casos acumulados da Tabela 1 no problema de encontrar uma reta que melhor se ajuste a $\ln(\text{casos acumulados})$. Assim, podemos aplicar o método dos mínimos quadrados (GUIDORIZZI, 2019, capítulo 17).

Vamos descrever o algoritmo, feito na linguagem R, para determinar os coeficientes a e b da função exponencial, a taxa de propagação β e gerar o gráfico da função exponencial.

A sintaxe da maior parte dos comandos será

{nome da variável que estamos criando} <- {o que será atribuído à variável criada}.

Inicialmente carregaremos a biblioteca **plotly**, que será utilizada para gerar o gráfico no final do algoritmo.

```
1 library(plotly)
```

A seguir criamos dois vetores, o primeiro formado pela sequência de 1 a 10 que representa a coluna dias da Tabela 1 e o segundo recebe os dados da coluna casos acumulados.

```
1 dias <- 1:10
2 casos <- c(7,9,13,16,17,21,26,30,36,46)
```

A seguir criamos o modelo linear com o comando **lm** que recebe o vetor casos após aplicar a função logaritmo natural (na linguagem R o logaritmo natural é definido pela função **log**) e o vetor dias.

```
1 exponential.model <- lm(log(casos)~dias)
```

A variável **exponential.model** receberá todos as informações do modelo e partir dela iremos extrair os coeficientes a e b e, conseqüentemente, a taxa de propagação β . O comando a seguir

```
1 summary(exponential.model)
```

retorna os dados do modelo:

```

Call:
lm(formula = log(casos) ~ dias)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.110775 -0.045154 -0.005971  0.015522  0.125036

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  1.859729   0.053047   35.06  4.79e-10 ***
dias         0.196956   0.008549   23.04  1.34e-08 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.07765 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9852,    Adjusted R-squared:  0.9833
F-statistic: 530.7 on 1 and 8 DF,  p-value: 1.338e-08

```

Observe que, neste caso, $R^2 = 0,9833$. Isto significa que 98,33% da variabilidade presente nos dados foi explicada pelo modelo. Além disso, considerando um nível de significância $\alpha = 0,05$, isto é, 95% de confiança, o modelo descreve adequadamente os dados uma vez que $p\text{-value} = 1,338 \cdot 10^{-8} < 0,05$.

A coluna **Estimate** apresenta, respectivamente, os valores de $\ln(a)$ e b conforme a equação (15).

Note que se $I(t) \approx a \cdot e^{b \cdot t}$, então de (14) podemos assumir

$$a \cdot e^{b \cdot t} \approx I_0 e^{(\beta - \gamma) \cdot t},$$

ou seja, $b = \beta - \gamma$, isto é, $\beta = b + \gamma$. Como estamos considerando $\gamma = 0,1$, então $\beta = b + 0,1$.

Os seguintes comandos extraem a partir do modelo exponencial os valores de a , b e β (note que para obtermos o coeficiente a aplicamos a função exponencial que na linguagem R é dada pelo comando **exp**).

```

1 a      <- exp(exponential.model$coefficients[[1]])
2 b      <- exponential.model$coefficients[[2]]
3 beta   <- b + 0.1

```

Obtemos os seguintes valores:

$$a = 6,421997, \quad b = 0,1969558 \quad \text{e} \quad \beta = 0,2969558.$$

Sendo $\beta = 0,2969558$, $\gamma = 0,1$ e $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$, então $R_0 \approx 3$. Isto significa que cada pessoa infectada transmite o vírus, em média, para três pessoas.

A seguir criamos a função exponencial.

```
1 fx <- function(x) {return(a*exp(b*x))}
```

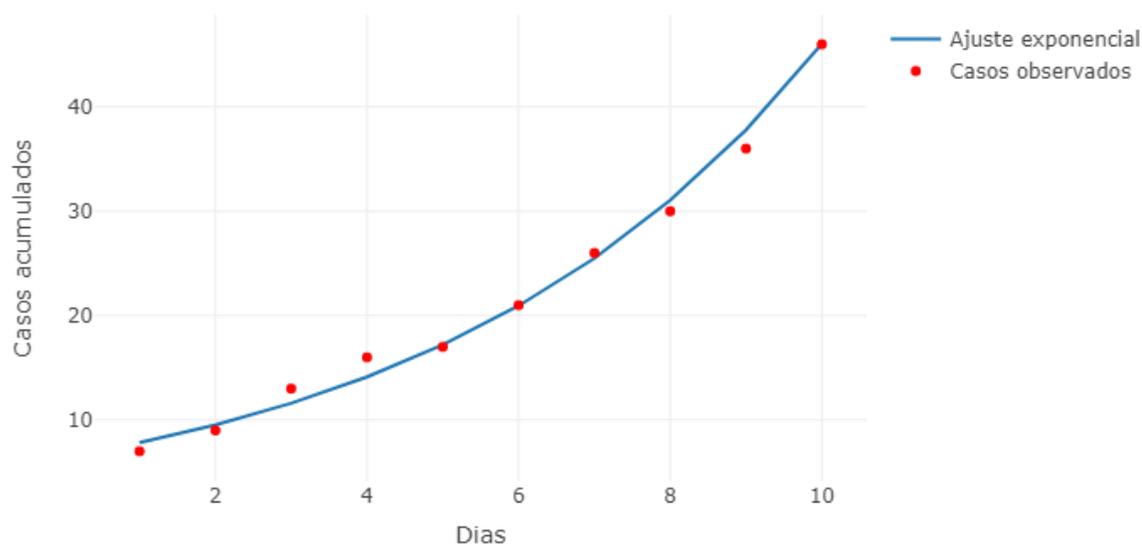
A equação da função exponencial obtida é

$$I(t) \approx 6,421997 \cdot e^{0,1969558 \cdot t}. \quad (16)$$

Por fim, os comandos a seguir geram o gráfico apresentado na Figura 6.

```
1 fig <- plot_ly(x = dias, y = fx(dias), type = "scatter",
2               mode = "lines", name="Ajuste exponencial",
3               lines=list(color='rgb(8,48,107)'))
4 fig <- fig %>% add_trace(y = casos, name="Casos observados",
5                          mode="markers", marker=list(color="red"))
6 fig <- fig %>% layout(title="", hovermode = TRUE, spikedistance = -1,
7                       xaxis=list(title="Dias"),
8                       yaxis=list(title="Casos acumulados"))
9 fig
```

Figura 6 – Ajuste exponencial



Fonte: Elaborada pelo autor.

4.2. Resolvendo o Modelo SIR

Nesta subseção vamos implementar o Modelo SIR. Para tanto vamos considerar a seguinte situação hipotética: uma cidade com 100.000 habitantes, onde inicialmente temos sete pessoas infectadas, nenhuma pessoa recuperada e as demais todas suscetíveis. Além disso, vamos considerar que os dados apresentados na Tabela 1 representam os 10 primeiros dias de epidemia nesta cidade.

Assim, utilizando a taxa de propagação β obtida no Exemplo 4.1, temos os seguintes parâmetros iniciais para aplicar o Modelo SIR

$$\left\{ \begin{array}{l} S_0 = \frac{99.993}{100.000} \\ I_0 = \frac{7}{100.000} \\ R_0 = 0 \\ \beta = 0,2969558 \\ \gamma = 0,1. \end{array} \right.$$

Na linguagem R, é possível implementar as equações diferenciais do Modelo SIR apresentadas em (4) e utilizar métodos numéricos para resolver o sistema de equações diferenciais. No entanto, em R está disponível a biblioteca chamada *EpiDynamics* (SANTOS; SILVEIRA, 2015) que fornece comandos específicos para trabalharmos com modelos epidemiológicos de forma simples e intuitiva.

O sistema de equações é implementado e resolvido com o comando chamado **SIR** o qual precisa receber três vetores: o primeiro chamado **pars** contém a taxa de propagação **beta**, a taxa de recuperação **gamma** e a taxa de natalidade/mortalidade **mu** (iremos trabalhar com $\mu=0$).

O segundo vetor chamado **init** deve conter os parâmetros **S**, **I** e **R** definidos pelos valores iniciais de cada grupo do Modelo SIR.

Por fim, o vetor chamado **time** dado por uma sequência numérica que descreve o período de tempo da simulação. Vamos considerar 180 dias.

```

1 sir <- SIR(pars = c(mu = 0, beta = 0.2969558, gamma = 1 / 10),
2           init  = c(S = S/N, I = I/N, R = R/N),
3           time  = 0:180)

```

As linhas de comandos acima armazenam na variável **sir** todos os dados do modelo incluindo as soluções numéricas do Modelo SIR apresentado em (4). O sistema de equações diferenciais é resolvido pelo método Runge-Kutta (ASANO; COLLI, 2009, capítulo 18). A

Tabela 3 apresenta as 10 primeiras linhas da solução.

Tabela 3 – Primeiras 10 linhas da solução numérica do Modelo SIR

time	S	I	R
0	0.99993000	7.000000e-05	0.000000e+00
1	0.99990695	8.528938e-05	7.763815e-06
2	0.99987886	1.039146e-04	1.722189e-05
3	0.99984465	1.266044e-04	2.874457e-05
4	0.99980315	1.541242e-04	4.272089e-05
5	0.99975257	1.876721e-04	5.975982e-05
6	0.99969097	2.285213e-04	8.050884e-05
7	0.99961597	2.782537e-04	1.057726e-04
8	0.99952466	3.388009e-04	1.365341e-04
9	0.99941350	4.125108e-04	1.739887e-04

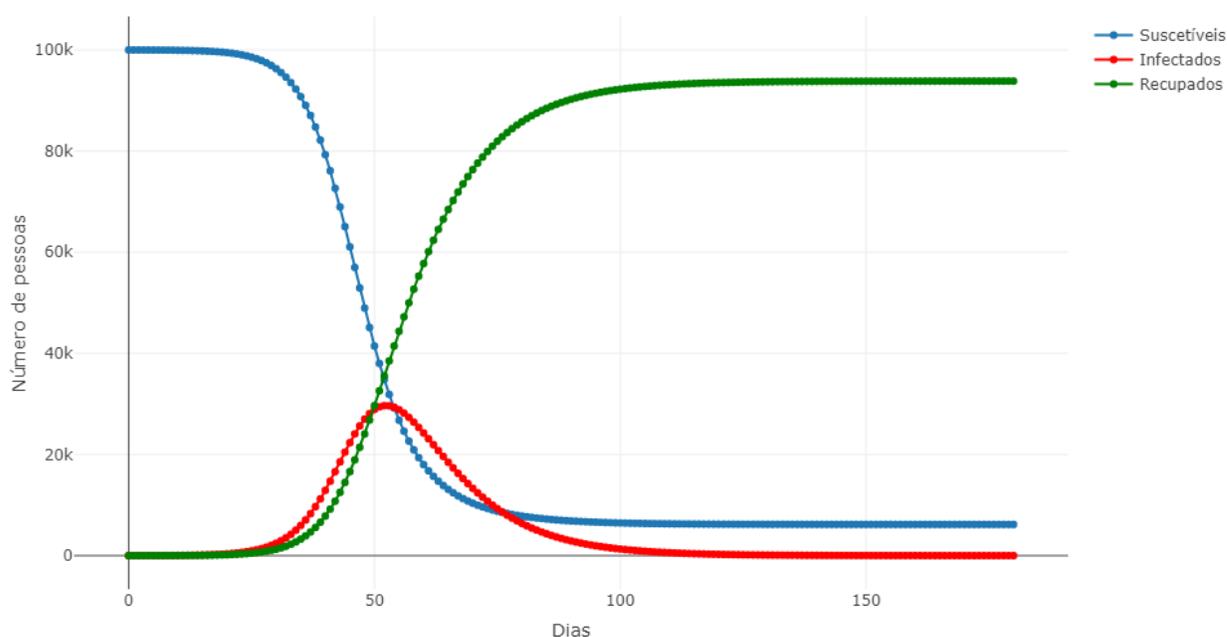
Fonte: elaborada pelo autor.

O resultado completo da solução pode ser acessado pelo comando `sir$results`. Os comandos a seguir geram o gráfico da solução do sistema de equações do Modelo SIR, o qual é apresentado na Figura 7.

```

1 fig <- plot_ly(x= ~sir$results$time, y=~N*sir$results$S, type = "scatter",
2               mode = "lines+markers", name="Suscetáveis")
3 fig <- fig %>% add_trace(y=~N*sir$results$I, name="Infectados",
4                           mode="lines+markers", line=list(color="red"),
5                           marker=list(color="red"))
6 fig <- fig %>% add_trace(y=~N*sir$results$R, name="Recupados",
7                           mode="lines+markers", line=list(color="green"),
8                           marker=list(color="green"))
9 fig <- fig %>% layout(title="",
10                       hovermode = TRUE, spikedistance = -1,
11                       xaxis=list(title="Dias"),
12                       yaxis=list(title="Número de pessoas"))
13 fig

```

Figura 7 – Gráficos das soluções do Modelo SIR

Fonte: Elaborada pelo autor.

5. Conclusões

Do ponto de vista computacional, sobretudo na linguagem R, é simples a implementação do Modelo SIR assim como outros modelos como pode ser visto em (SANTOS; SILVEIRA, 2015). No entanto, identificar o modelo correto e, uma vez obtida a solução, interpretar corretamente as informações é uma tarefa árdua. Apenas para ilustrar este fato, observe o seguinte: na Figura 7 a curva em vermelho representa o número de pessoas infectadas ao longo do tempo. O pico atinge mais de 29 mil e ocorre em apenas 52 dias. Isto significa que em apenas 52 dias nesta cidade hipotética haveria, simultaneamente, mais de 29 mil pessoas infectadas (isto em uma população de apenas 100 mil). Além disso, pela curva em verde, dos recuperados, vemos que em 100 dias teríamos mais de 90 mil recuperados, ou seja, mais de 90% da população no grupo dos recuperados. Pensando em casos acumulados, teríamos mais de 90 mil casos em apenas 100 dias. Apenas para dar um possível contexto para este exemplo, considere a Covid-19. Não há relatos de nenhum lugar no mundo que tenha uma fração tão grande da população afetada. Isto ocorre por uma limitação do Modelo SIR, a taxa de propagação é mantida constante ao longo de todo o período o que aparentemente não acontece na realidade.

Isto não significa que o Modelo SIR não seja útil, pelo contrário, muitas informações sobre

o comportamento da pandemia e como mitigá-la podem ser extraídas do Modelo SIR como pode ser visto na Subseção 2.2. Além disso, é possível aprimorar o Modelo SIR e/ou utilizar outras estratégias e modelos em conjunto.

Referências

- 1 ASANO, Claudio Hirofume; COLLI, Eduardo. Cálculo Numérico-Fundamentos e Aplicações. **Departamento de Matemática Aplicada, IME-USP**, v. 15, 2009.
- 2 BERGER, David W; HERKENHOFF, Kyle F; MONGEY, Simon. An seir infectious disease model with testing and conditional quarantine. **National Bureau of Economic Research**, 2020.
- 3 BOHNER, Martin; STREIPERT, Sabrina; TORRES, Delfim FM. Exact solution to a dynamic SIR model. **Nonlinear Analysis: Hybrid Systems**, Elsevier, v. 32, p. 228–238, 2019.
- 4 BOOTSMA, Martin CJ; FERGUSON, Neil M. The effect of public health measures on the 1918 influenza pandemic in US cities. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, National Acad Sciences, v. 104, n. 18, p. 7588–7593, 2007.
- 5 GUIDORIZZI, Hamilton Luiz. **Um curso de cálculo**. 6. ed. São Paulo: Grupo Gen-LTC, 2019. v. 2.
- 6 HE, Xi et al. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. **Nature medicine**, Nature Publishing Group, v. 26, n. 5, p. 672–675, 2020.
- 7 JONES, James Holland. Notes on R0. **California: Department of Anthropological Sciences**, 2007.
- 8 KEELING, Matt J; ROHANI, Pejman. **Modeling infectious diseases in humans and animals**. Princeton: Princeton University Press, 2011.
- 9 KERMACK, William Ogilvy; MCKENDRICK, Anderson G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. **Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character**, The Royal Society London, v. 115, n. 772, p. 700–721, 1927.
- 10 RIDENHOUR, Benjamin; KOWALIK, Jessica M; SHAY, David K. Unraveling R_0 : Considerations for Public Health Applications. **American journal of public health**, American Public Health Association, v. 108, S6, s445–s454, 2018.
- 11 SANTOS, O Baquero; SILVEIRA, F Marques. EpiDynamics: Dynamic Models in Epidemiology. **R package version 0.3.0**, 2015.
- 12 SHABBIR, G; KHAN, H; SADIQ, MA. A note on Exact solution of SIR and SIS epidemic models. **arXiv preprint arXiv:1012.5035**, 2010.
- 13 WOLFEL, R et al. Virological assessment of hospitalized cases of coronavirus disease 2019. **Nature**, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2196-x>.

- 14 YOU, Chong et al. Estimation of the time-varying reproduction number of COVID-19 outbreak in China. **International Journal of Hygiene and Environmental Health**, 2020.

CÁLCULO DIFERENCIAL E INTEGRAL: um kit de sobrevivência

$$\int_{\Omega} K d\Omega + \int_{\partial\Omega} k_p(s) ds + \sum_{p=1}^k \phi_p = 2\pi \chi(\Omega).$$

Demonstração: Seja τ uma triangulação de Ω tal que qualquer triângulo T tido em uma vizinhança coerente de uma parametrização ortogonal com orientação de S (essa triangulação existe pelos comentários feitos acima). Pelo Teorema 2.1 para cada triângulo, obtém-se:

$$\int_T K dT_i + \int_{\partial T} k_p(s) ds + \sum_{p=1}^k \phi_p = 2\pi.$$

Como pontos e arestas possuem medida nula, podemos somar a equação acima os triângulos e obter:

$$\sum_{i=1}^k \int_T K dT_i = \int_{\Omega} K d\Omega.$$

Como triângulos adjacentes induzem orientação contrária na aresta em comum, interseção dos triângulos se anula no integral. Logo,

$$\sum_{i=1}^k \int_{\partial T_i} k_p(s) ds = \int_{\partial\Omega} k_p(s) ds.$$

Portanto,

$$\int_{\Omega} K d\Omega + \int_{\partial\Omega} k_p(s) ds + \sum_{p=1}^k \sum_{i=1}^k \phi_p = 2\pi F.$$

$$\sum A_k = 1,219 < A(\mathbb{H}_1^2).$$

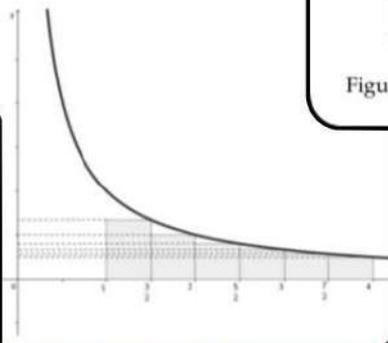


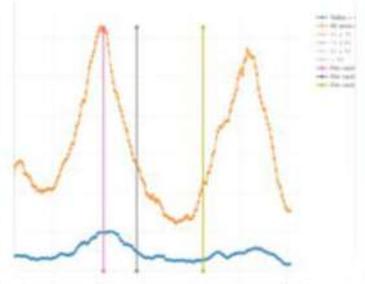
Figura 1: Gráfico da função $g(t) = t^2 + \ln(t)$

O volume da esfera



Figura 8: Cone com área da base igual a πr^2 e altura $4r$.

Fig. 1 - Médias móveis de 7 dias dos casos positivos de COVID-19



Esta revista é responsável pela formulação de textos autorais desenvolvido pelo projeto de extensão "Kit". Neste projeto, contamos com alunos graduandos e demais interessados em matemática aplicada. Entre seus textos, podemos encontrar, curiosidades, resoluções, demonstrações, fatos relevantes, ideais para IC, entre outros!