

Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia
Departamento de Ciências Exatas e Tecnológicas

Licenciatura em Matemática

Breno Vieira Sousa

Modelagem Epidemiológica da Dengue no município
de Vitória da Conquista

Vitória da Conquista
2025

Breno Vieira Sousa

Modelagem Epidemiológica da Dengue no município de Vitória da Conquista

Monografia apresentada ao Departamento de Ciências Exatas e Tecnológicas da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Campus Vitória da Conquista-BA, para obtenção do Título de Licenciado em Matemática, sob orientação do Prof. Márcio Antônio de Andrade Bortoloti.

**Vitória da Conquista
2025**

Breno Vieira Sousa

Modelagem Epidemiológica da Dengue no município de Vitória da
Conquista

Monografia apresentada ao Colegiado do Curso de Matemática como requisito parcial para aprovação na disciplina Seminário de Pesquisa II do Curso de Licenciatura em Matemática. Trabalho aprovado em 20 de fevereiro de 2025.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Márcio Antônio de Andrade Bortoloti - UESB
Orientador

Prof. Flaulles Boone Bergamaschi - UESB
Convidado

Prof. André Nagamine - UESB
Convidado

Vitória da Conquista
2025

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, que me guiou em toda essa jornada e permitiu que todas essas coisas acontecessem.

Aos meus pais, Vanda e Regi, por todo o carinho e cuidado ao longo dessa caminhada. Agradeço especialmente à minha mãe, pelo incentivo aos estudos, por todos os seus sacrifícios e por todo o esforço que fez durante minha vida. Sempre serei extremamente grato por tudo o que a senhora fez.

Aos meus professores da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). Em especial, ao meu orientador, Márcio Antônio de Andrade Bortoloti, por me incentivar nos estudos desde o meu segundo semestre. Sempre lembrarei das aulas e de como elas me motivaram a seguir a linha de pesquisa em matemática.

Agradeço também à UESB pela oportunidade concedida e ao professor Rosalve Lucas Marcelino do Departamento de Geografia da Uesb por fornecer compartilhar os dados obtidos da Estação Meteorológica da UESB da cidade de Vitória da Conquista, Bahia. Esses dados foram de extrema importância para o desenvolvimento deste trabalho. Agradeço também ao Professor Flaules e a Professor André por compor a banca de avaliação.

Por fim, mas não menos importante agradeço a minha namorada, Micaeli. Desde o início, sempre demonstrou sua admiração e me incetivou a continuar nos estudos e a finalizar a graduação. Nada disso teria sido possível sem você.

RESUMO

A dengue é uma das doenças transmitidas por mosquitos mais preocupantes do mundo, afetando milhões de pessoas anualmente, especialmente em regiões tropicais. Transmitida pelo *Aedes aegypti*, a dengue apresenta sintomas que variam de quadros leves a manifestações graves, podendo ser fatal. A doença é sazonal, com picos de infecção durante o verão, quando as temperaturas são mais elevadas. Um indicador importante para a previsão e acompanhamento da doença é o número básico de reprodução, R_0 , que representa o número médio de novas infecções causadas por um único indivíduo infectado em uma população totalmente suscetível. Se R_0 for maior que 1, a doença tende a se espalhar, enquanto valores inferiores a 1 indicam que a transmissão pode ser controlada. A análise do R_0 é fundamental para compreender a dinâmica da dengue e desenvolver estratégias de mitigação baseadas em evidências científicas. Neste estudo, utilizamos um modelo baseado em equações diferenciais para analisar e compreender a influência da temperatura na transmissão da dengue e na variação do R_0 . Dados da Estação Meteorológica da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) e registros epidemiológicos municipais foram empregados para simular diferentes cenários, avaliando a relação entre variações térmicas, reprodução do *Aedes Aegypti* e transmissibilidade do vírus. Nas simulações realizadas, foram considerados quatro cenários distintos para o município de Vitória da Conquista. Como dados iniciais, utilizou-se a população do município e a quantidade de infectados divulgado pela prefeitura no primeiro boletim de arboviroses do ano de 2024. No primeiro cenário, foram utilizados os dados do município sem alterações. Nos cenários seguintes, foram modificadas as taxas de oviposição e a probabilidade de transmissão da doença do mosquito para o humano. Em todos os casos, a doença tornou-se endêmica, não conseguindo manter uma transmissão elevada por longos períodos. Os resultados também indicam que temperaturas mais altas aumentam a taxa de reprodução do vetor e aceleram o ciclo viral, intensificando a propagação da doença e influenciando diretamente o R_0 . Além disso, observou-se que o número inicial de larvas é um fator determinante na disseminação da doença, contribuindo significativamente para a dinâmica da transmissão.

Palavras-chave: Modelagem Matemática; Dengue; Equações Diferenciais.

ABSTRACT

Dengue fever is one of the most worrying transmitted by mosquito diseases in the world, affecting millions of people annually, especially in tropical regions. Transmitted by *Aedes aegypti*, dengue presents symptoms that vary from mild to severe manifestations, and can be fatal. The disease is seasonal, with peaks of infection during the summer, when temperatures are higher. Mathematical modeling has emerged as a powerful tool in understanding the dynamics of infectious diseases. Another important indicator is the basic reproduction number, R_0 , which represents the average number of new infections caused by a single infected individual in a fully susceptible population. If R_0 is greater than 1, the disease tends to spread, while values lower than 1 indicate that transmission can be controlled. Analysis of R_0 is essential to understand the dynamics of dengue and develop mitigation strategies based on scientific evidence. In this study, we used a model based on differential equations to analyze and understand the influence of temperature on dengue transmission and the variation of R_0 . Data from the Meteorological Station of Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) and municipal epidemiological records were used to simulate different scenarios, evaluating the relationship between thermal variations, reproduction of *Aedes aegypti* and transmissibility of the virus. In the simulations carried out, four different scenarios were considered for the municipality of Vitória da Conquista. As initial data, we used the initial population and the number of infected people published by the city hall in the first arbovirus bulletin for the year 2024. In the first scenario, data from the municipality without changes were used. In the following scenarios, oviposition rates and the probability of transmission of the disease from mosquito to human were modified. In all cases, the disease became endemic, unable to maintain high transmission for long periods. The results also indicate that higher temperatures increase the vector's reproduction rate and accelerate the viral cycle, intensifying the spread of the disease and directly influencing R_0 . Furthermore, it was observed that the initial number of larvae is a determining factor in the spread of the disease, contributing significantly to the dynamics of transmission.

Keywords: Mathematical Modeling; Dengue; Differential Equations.

Lista de Figuras

2.1	Modelo SIS.	19
2.2	Modelo SIR.	21
2.3	Modelo SIRS.	22
3.1	Distribuição de casas a serem investigadas em um quarteirão. Fonte: Manual LIRAA, [8].	31
3.2	Distribuição de casas a serem investigadas em um quarteirão caso a casa escolhida inicialmente esteja indisponível. Fonte: Manual LIRAA, [8].	31
3.3	Funções polinomiais obtidas por meio do método dos mínimos quadrados em relação à mortalidade.	37
3.4	Funções polinomiais obtidas por meio do método dos mínimos quadrados em relação à oviposição.	37
3.5	Funções polinomiais obtidas por meio do método dos mínimos quadrados em relação à mortalidade na fase aquática.	38
3.6	Funções polinomiais obtidas por meio do método dos mínimos quadrados em relação à transição dos mosquitos da fase aquática para fase adulta.	38
4.1	Cálculo do R_0 diário	43
4.2	Solução do sistema de EDO's	43
4.3	Cálculo do R_0 diário	44
4.4	Solução do sistema de EDO's	44
4.5	Cálculo do R_0 diário	44
4.6	Solução do sistema de EDO's	44
4.7	Cálculo do R_0 diário	45
4.8	Solução do sistema de EDO's	45

Lista de Tabelas

3.1 Cálculo da taxa de mortalidade do mosquito fêmea na fase adulta em relação à temperatura.	33
3.2 Cálculo da taxa de oviposição do mosquito em relação à temperatura.	34
3.3 Cálculo da taxa de mortalidade do mosquito na fase aquática em relação à temperatura.	35
3.4 Cálculo da taxa de transição do mosquito da fase aquática para a fase adulta em relação à temperatura.	36
4.1 Parâmetros do Modelo Epidemiológico SIR+ASI	40
4.2 Tabela dos compartimentos	41

Sumário

Introdução	8
1 Noções básicas e preliminares	10
1.1 Mínimos quadrados	12
1.2 Solução Numérica de Equações Diferenciais	13
1.2.1 Método de Euler	13
1.2.2 Método de Runge-Kutta de Segunda Ordem	14
1.2.3 Método de Runge-Kutta de Quarta Ordem	15
1.2.4 Estabilidade e Convergência	15
Estabilidade e Convergência dos Métodos de Runge-Kutta	17
2 Modelos Epidemiológicos	18
2.1 SIS	19
2.2 SIR	20
2.3 SIRS	21
2.4 O número básico de reprodução	22
3 Modelagem da Dengue	26
3.1 Dengue: características gerais	26
3.2 Histórico da Dengue no Brasil	26
3.3 Modelagem da Dengue	28
3.4 LIRAA	29
3.4.1 LIRAA no município de Vitória da Conquista	31
3.5 A influência da temperatura na população de mosquitos transmissores	32
3.6 Cálculo do Número Básico de Reprodução	38
4 Simulação Numérica	40
4.1 Primeiro cenário	42
4.2 Segundo cenário	43
4.3 Terceiro cenário	44
4.4 Quarto cenário	45

5 Conclusão

46

REFERÊNCIAS

51

Introdução

A doença da dengue permanece como um dos problemas mais desafiadores de saúde pública em regiões tropicais e subtropicais, especialmente no Brasil. Os primeiros casos de dengue no Brasil surgem em 1981, veja [15], e em 2024 o número de casos notificados alcançou 4,7 milhões e o número de óbitos chegou a 2,5 mil, veja [20]. Transmitida pelo mosquito fêmea do *Aedes aegypti*, a doença resulta em milhares de casos anuais, sobrecarregando o sistema de saúde. Existem quatro sorotipos distintos do vírus da dengue (DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4), que são capazes de causar a doença em humanos, veja [11]. A infecção por um sorotipo confere imunidade vitalícia para aquele específico, mas não oferece proteção contra os outros sorotipos, aumentando o risco de manifestações mais graves da doença em infecções subsequentes.

A doença manifesta-se principalmente em duas formas: dengue clássica e dengue hemorrágica, sendo a última a mais grave e potencialmente fatal. Os sintomas da dengue clássica incluem febre alta, dor de cabeça, dor atrás dos olhos, fadiga, dor muscular e articular, e erupções cutâneas. A forma hemorrágica, além desses sintomas, pode levar a sangramentos, colapso circulatório e choque, e requer manejo médico imediato, veja em [19].

A Modelagem Matemática tem se destacado como uma ferramenta poderosa na compreensão da dinâmica de doenças infecciosas, como por exemplo, durante a pandemia da COVID-19, um grande número de pesquisadores dedicaram-se intensamente a estudos empregando diversas teorias para fornecer valiosos insights sobre a transmissibilidade do vírus e auxiliando na formulação de estratégias de mitigação. Esses estudos evidenciam a importância de modelos matemáticos na previsão de cenários epidemiológicos e na avaliação de intervenções de saúde pública.

Um dos grandes desafios de pesquisas de modelagem é a obtenção de dados confiáveis. No caso da doença da dengue, embora o monitoramento seja essencial para a formulação de políticas públicas eficazes, o acesso a informações detalhadas ainda é limitado. Os boletins de arboviroses, que deveriam fornecer uma visão contínua da evolução da doença, nem sempre são disponibilizados regularmente, tornando difícil acompanhar a real dinâmica da transmissão. Além disso, os dados do Levantamento Rápido de Índices para *Aedes aegypti* (LIRAA), fundamentais para entender a infestação do vetor, carecem de periodicidade definida.

Nesse contexto, este trabalho tem como objetivo desenvolver um modelo matemático baseado em Equações Diferenciais Ordinárias para descrever a dinâmica da dengue no município de Vitória da Conquista, Bahia. Utilizaremos um modelo compartimental do tipo SIR+ASI, incorporando a população de humanos e mosquitos e o efeito da temperatura sobre suas taxas de reprodução e mortalidade da cidade de Vitória da Conquista. A calibração do modelo foi realizada com base em dados obtidos da Estação Meteorológica da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) e registros epidemiológicos da prefeitura municipal. Por meio de simulações numéricas, investigaremos diferentes cenários epidemiológicos e analisaremos a sensibilidade do sistema a variações climáticas, permitindo uma compreensão mais aprofundada do papel da temperatura na disseminação da doença.

Este trabalho está estruturado da seguinte forma. No Capítulo 1, apresentamos conceitos fundamentais sobre Equações Diferenciais Ordinárias e métodos numéricos empregados na solução dos modelos matemáticos. No Capítulo 2, discutimos os principais modelos epidemiológicos clássicos e apresentamos um método para o cálculo do Número Básico de Reprodução. No Capítulo 3, introduzimos o modelo matemático específico desenvolvido para a dengue e os dados considerados na análise. O Capítulo 4 é dedicado à simulação numérica e à interpretação dos resultados obtidos. Por fim, no Capítulo 5, discutimos as conclusões do estudo e apontamos direções para pesquisas futuras. Ao integrar modelagem matemática e epidemiologia, este estudo busca oferecer uma abordagem para compreender a dinâmica da dengue.

Capítulo 1

Noções básicas e preliminares

No contexto deste trabalho, o uso de Equações Diferenciais e métodos numéricos é particularmente relevante para a modelagem e simulação de modelos epidemiológicos. A propagação de doenças, como a dengue, pode ser descrita por meio de modelos compartimentais baseados em equações diferenciais, cujas soluções ajudam a prever o comportamento da doença e avaliar a eficácia de estratégias de controle. Assim, compreender as propriedades e limitações dos métodos numéricos é essencial para garantir a precisão e a estabilidade dos modelos utilizados.

A partir das Equações Diferenciais Ordinárias, EDOs, é possível descrever e analisar fenômenos dinâmicos que envolvem variações no tempo. No contexto deste trabalho, as EDOs desempenham um papel fundamental na construção do modelo epidemiológico que será estudado. A seguir, apresentamos a definição de uma Equação Diferencial Ordinária de primeira ordem, tipicamente empregada em modelos compartiimentais.

Definição 1.1. *Seja I um intervalo não degenerado da reta e $f : I \times \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ uma função contínua. Considere ainda uma função diferenciável $\psi : I \rightarrow \mathbb{R}$. Dizemos que ψ é solução da equação*

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x) \tag{1.1}$$

no intervalo I se

$$\frac{d\psi}{dt}(t) = f(t, \psi(t)), \tag{1.2}$$

para todo $t \in I$.

A equação (1.1) é chamada de Equação Diferencial Ordinária, EDO, de primeira ordem e, normalmente, é denotada apenas por

$$x' = f(t, x(t)).$$

A unicidade é alcançada no teorema a seguir, e se $\psi(t)$ é solução da equação (1.1), então

$$\psi(t) = c + \int f(t, x(t)) dt, \quad (1.3)$$

onde $c \in \mathbb{R}$. Também é fácil verificar que existem infinitas soluções para a equação (1.1). Tome agora $t_0 \in \mathbb{R}$, tal que $\psi(t_0) = \psi_0$. Com isso, teremos

$$\begin{cases} \frac{d\psi}{dt} = f(t, x(t)), \\ \psi(t_0) = \psi_0. \end{cases} \quad (1.4)$$

O caso acima é conhecido como Problema de Valor Inicial, ou Problema de Cauchy e a unicidade é alcançada no teorema a seguir.

Teorema 1.2 (Teorema de Picard). *Seja f contínua e lipschitziana em $\Omega = I_a \times B_b$, onde $I_a = \{t ; |t - t_0| < a\}$ e $B_b = \{x ; |x - x_0| < b\}$, com $a, b > 0$. Se $|f| \leq M$ em Ω , então existe uma única solução de*

$$x' = f(t, x), \quad x(t_0) = x_0.$$

A prova do Teorema de Picard pode ser encontrada em [25]. Esse teorema possui grande relevância, pois garante a existência da solução da Equação (1.4) e assegura que essa solução é única. Avançaremos agora para a definição de um sistema de EDO's.

Definição 1.3. *Um sistema de Equações Diferenciais Ordinárias, EDO's, é um conjunto de equações diferenciais que envolvem uma ou mais funções desconhecidas e suas derivadas em relação a uma única variável independente, geralmente o tempo t . Formalmente, um sistema de n equações diferenciais de primeira ordem pode ser expresso como:*

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = f_1(t, x_1, x_2, \dots, x_n), \\ \frac{dx_2}{dt} = f_2(t, x_1, x_2, \dots, x_n), \\ \vdots \\ \frac{dx_n}{dt} = f_n(t, x_1, x_2, \dots, x_n). \end{cases} \quad (1.5)$$

onde:

- x_1, x_2, \dots, x_n são as funções desconhecidas dependentes de t ;
- f_1, f_2, \dots, f_n são funções conhecidas.

Agora que compreendemos a definição de um sistema de EDO's, introduziremos outro conceito fundamental, o ponto de equilíbrio de um sistema de EDO's. Esse conceito será utilizado mais adiante, ao tratarmos de pontos livres de doença.

Definição 1.4 (Ponto de equilíbrio de um sistema de EDO's). *Considere a seguinte EDO*

$$\frac{dx}{dt} = f(x). \quad (1.6)$$

Tome agora $\bar{x} \in \mathbb{R}$ tal que

$$f(\bar{x}) = 0. \quad (1.7)$$

Dizemos que \bar{x} é um ponto de equilíbrio de (1.6). Essa condição implica que, em \bar{x} , a taxa de variação, de x em relação a t é nula, ou seja, não ocorrem mudanças na EDO ao longo do tempo.

O ponto de equilíbrio representa um estado estacionário do sistema. Em um sistema epidemiológico, por exemplo, um ponto de equilíbrio pode representar uma situação em que o número de infectados é nulo. Identificar tais pontos é fundamental para a compreensão do modelo a longo prazo. Eles permitem determinar a estabilidade do sistema, ajudando assim a prever cenários futuros.

1.1 Mínimos quadrados

O método dos mínimos quadrados é uma técnica fundamental para ajustar funções a conjuntos de dados observacionais, minimizando os erros entre os valores teóricos e os dados experimentais. Em modelagem matemática, esse método é amplamente utilizado para estimar parâmetros desconhecidos de Equações Diferenciais e garantir que a curva ajustada represente adequadamente o comportamento do sistema estudado. O método consiste em:

Dado um conjunto de pontos experimentais (x_i, y_i) , buscamos uma função $f(x)$ que melhor se aproxime dos valores observados. O ajuste é realizado minimizando a soma dos erros quadráticos entre os valores da função ajustada e os dados:

$$E = \sum_{i=1}^n (y_i - f(x_i))^2. \quad (1.8)$$

Para um ajuste polinomial de grau n , utilizamos a seguinte aproximação:

$$f(x) = a_0 + a_1x + a_2x^2 + \dots + a_nx^n. \quad (1.9)$$

Os coeficientes a_0, a_1, \dots, a_n são determinados resolvendo o sistema linear gerado pela minimização do erro. Esse sistema pode ser representado matricialmente como:

$$A\mathbf{a} = \mathbf{b}, \quad (1.10)$$

onde A é a matriz dos somatórios dos termos de x , \mathbf{a} é o vetor dos coeficientes a serem determinados, e \mathbf{b} contém os somatórios dos produtos entre y e os termos de x

No contexto deste trabalho, aplicamos o método dos mínimos quadrados para ajustar polinômios aos dados de temperatura de Vitória da Conquista, Bahia, obtidos pela estação meteorológica da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). Esses dados foram empregados como parâmetros na modelagem matemática da dengue.

1.2 Solução Numérica de Equações Diferenciais

A Análise Numérica é um ramo da Matemática que se concentra na formulação e implementação de algoritmos para obter soluções aproximadas de problemas matemáticos complexos. Os algoritmos numéricos, são procedimentos ou fórmulas passo a passo, implementados computacionalmente, para resolver esses problemas. Os métodos estudados nesse ramo são cruciais em campos que abrangem desde a Engenharia e Ciência Computacional até a Economia e Ciências Biológicas, onde soluções exatas são frequentemente impraticáveis ou impossíveis de serem obtidas. Dentro desse contexto, iniciaremos nossa abordagem pelos métodos de passo simples para aproximar soluções de EDO's. Esses métodos são compreendidos da seguinte forma

$$\begin{cases} w_0 = \alpha, \\ w_{i+1} = w_i + h\phi(t_i, w_i) \quad \text{para } i = 0, \dots, N-1. \end{cases} \quad (1.11)$$

Estudaremos três Métodos de Passo Simples. O primeiro será o Método de Euler, o segundo o Método de Runge-Kutta de segunda ordem e por fim, o último método estudado será Runge-Kutta de quarta ordem, veja em [5] e [24].

1.2.1 Método de Euler

O Método de Euler é um dos algoritmos mais simples para a resolução de EDOs servindo como base para métodos mais complexos e precisos. Considere inicialmente a seguinte equação diferencial

$$\begin{cases} x' = f(t, x(t)), \\ x(t_0) = x_0. \end{cases} \quad (1.12)$$

A dedução desse método pode ser realizada através da expansão de Taylor de 1° ordem, desde que x seja duas vezes diferenciável. Dessa forma, temos

$$x(t+h) = x(t) + hx'(t) + \frac{h^2}{2}x''(\xi) = x(t) + hf(t, x(t)) + r(h, x) \quad (1.13)$$

onde $\xi \in (t, t+h)$ e $h \in \mathbb{R}$ é o tamanho de passo. Para valores pequenos de h , o valor de

$r(h, x)$ se torna desprezível. Logo, podemos aproximar o valor de $x(t)$ por

$$x(t+h) = x(t) + hf(t, x(t)). \quad (1.14)$$

Dessa maneira, dado $x(t_0) = x_0$ podemos aplicar sucessivamente a aproximação de primeira ordem, de tal maneira que

$$x(t_{n+1}) = x(t_n) + hf(t_n, x(t_n)), \quad (1.15)$$

onde $t_{n+1} = t_n + h$, com $n = 0, 1, 2, \dots$. Seguindo essa linha de pensamento, o Método de Euler consisti em determinar x tal que:

$$\begin{cases} x_0 = x(t_0) \\ x(t_{n+1}) = x(t_n) + hf(t_n, x(t_n)), \text{ com } n = 0, 1, 2, 3, \dots \end{cases} \quad (1.16)$$

Os termos $(x(t_i))$ fornecem uma solução aproximada da Equação (1.12). Embora o método de Euler seja simples e fácil de implementar, ele é um método de baixa ordem e pode apresentar erros significativos se o tamanho do passo h não for suficientemente pequeno. Apresentaremos agora os métodos de Runge-Kutta.

1.2.2 Método de Runge-Kutta de Segunda Ordem

O segundo método que iremos apresentar é o Método de Runge-Kutta de segunda ordem. Este método faz parte de uma família importante de métodos para soluções de EDOs, que abrangem ordens mais baixas até ordens mais altas. Considere o problema de valor inicial apresentado em (1.12). O Método de Runge-Kutta de 2° ordem usa uma combinação ponderada de duas inclinações para calcular o novo valor de x e é dado por

$$\begin{cases} x_0 = x(t_0) \\ k_1 = f(t_n, x_n), \\ k_2 = f(t_n + h, x_n + hk_1), \\ x_{n+1} = x_n + \frac{h}{2}(k_1 + k_2), \end{cases} \quad (1.17)$$

onde h é o tamanho do passo, e k_1, k_2 são as inclinações usadas para calcular a média ponderada. O método de Runge-Kutta de segunda ordem é significativamente mais preciso do que o método de Euler, pois reduz o erro ao considerar a inclinação no final do intervalo de integração. Apresentaremos agora o método de Runge-Kutta de 4° ordem.

1.2.3 Método de Runge-Kutta de Quarta Ordem

O método de Runge-Kutta de quarta ordem é um dos algoritmos mais utilizados para a solução numérica de equações diferenciais ordinárias (EDOs). Considere o problema de valor inicial apresentado em (1.12). Para utilizarmos Runge-Kutta de quarta ordem, será necessário o cálculo de quatro inclinações (k_1, k_2, k_3, k_4) , que são dadas da seguinte maneira:

$$\begin{cases} k_1 = f(t_n, x_n) \\ k_2 = f\left(t_n + \frac{h}{2}, x_n + \frac{h}{2}k_1\right) \\ k_3 = f\left(t_n + \frac{h}{2}, x_n + \frac{h}{2}k_2\right) \\ k_4 = f(t_n + h, x_n + hk_3). \end{cases} \quad (1.18)$$

Dessa forma, o algoritmo do Runge-Kutta de quarta ordem é dado por

$$\begin{cases} x_0 = x(t_0) \\ x_{n+1} = x_n + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4), \end{cases} \quad (1.19)$$

onde h é o tamanho do passo, e t_n e x_n são os valores atuais da variável independente e da variável dependente, respectivamente. O método de Runge-Kutta de quarta ordem é amplamente reconhecido por sua precisão e estabilidade em comparação com métodos de ordens mais baixas, embora exija mais cálculos por passo para a solução da equação diferencial

1.2.4 Estabilidade e Convergência

Ao trabalhar com Métodos Numéricos, dois aspectos fundamentais a serem analisados são a convergência e a estabilidade do método. A estabilidade está intrinsecamente relacionada à sensibilidade do método a pequenas variações nos dados iniciais, determinando em que medida essas perturbações afetam a solução gerada. No contexto de métodos de passo único aplicados à resolução de EDOs, a estabilidade é avaliada observando o comportamento da solução numérica, verificando se ela permanece limitada ao longo do intervalo da solução.

Segue a definição formal de estabilidade no contexto de Métodos Numéricos aplicados à solução de EDOs.

Definição 1.5. *Considere o seguinte problema de valor inicial (PVI)*

$$\begin{cases} x' = f(t, x), \\ x(t_0) = \alpha_1, \quad 0 \leq t \leq b. \end{cases} \quad (1.20)$$

Considere ainda w_n uma sequência gerada por algum método numérico, onde w_n é uma aproximação da solução do PVI apresentando acima. Considere ainda \bar{w}_n uma sequência gerada pelo mesmo método, onde \bar{w}_n é a aproximação da solução do seguinte PVI

$$\begin{cases} x' = f(t, x), \\ x(t_0) = \alpha_2, \quad 0 \leq t \leq b. \end{cases} \quad (1.21)$$

Diremos que esse método é estável se ocorrer

$$|w_n - \bar{w}_n| \leq K|w_0 - \bar{w}_0|, \quad \forall n > 0, \quad (1.22)$$

com $w_0 = \alpha_1$ e $\bar{w}_0 = \alpha_2$ e $K \in \mathbb{R}$.

Com base nessa definição, métodos estáveis são caracterizados pela capacidade de manter a solução numérica com poucas alterações a pequenas perturbações nos dados iniciais, mesmo com o avanço no tempo. Outro fator importante é a convergência dos métodos. A definição de convergência é apresentada a seguir.

Definição 1.6. *Seja x a função que define o PVI apresentado em (1.21). Seja w uma aproximação da solução desse mesmo PVI. Um método numérico de passo simples é dito convergente se, para qualquer $t \in [a, b]$,*

$$\lim_{h \rightarrow 0} |w_i - x_i| = 0, \quad \text{onde } ih = t - a. \quad (1.23)$$

Observa-se que a definição apresentada acima depende do conhecimento prévio da solução exata x . Para lidar com essa limitação, serão introduzidas definições complementares que permitirão verificar a convergência de um método numérico sem a necessidade de conhecer explicitamente a solução exata. Começaremos apresentando a definição de erro de truncamento para um Método de passo simples.

Definição 1.7. *Seja x e f as funções que definem o PVI apresentado em (1.21). O erro de truncamento local para método de passo simples é dado por*

$$T_{i+1}(h) = \frac{x_{i+1} - x_i}{h} - f(t_i, x_i), \quad \text{para } i = 0, 1, \dots, n-1 \quad (1.24)$$

O erro de truncamento local mede a discrepância entre a solução exata de uma Equação Diferencial e a solução aproximada obtida pelo método numérico, considerando um único passo do método. Para sua avaliação, não é necessário conhecer a solução exata em sua totalidade, mas apenas em pontos específicos do domínio. Ainda que a solução exata $x(t)$, não esteja explicitamente disponível, é possível estimar $x(t_i)$ por meio de uma expansão em Série de Taylor, o que viabiliza a análise e aplicação do erro de truncamento no estudo do método. A definição de erro de truncamento será utilizada para determinar quando

um método numérico é considerado consistente. Agora apresentaremos a definição formal de consistência de um método.

Definição 1.8. *Um método numérico de passo simples, com erro de truncamento local $T_{i+1}(h)$, é dito consistente se, para qualquer $t \in (a, b)$*

$$\lim_{h \rightarrow 0} |T_{i+1}(h)| = 0. \quad (1.25)$$

A consistência de um método numérico avalia se a solução aproximada está, de fato, convergindo para a solução da Equação Diferencial à medida que o tamanho do passo h tende a zero. Em outras palavras, a consistência assegura que, conforme o passo diminui, o erro de truncamento local também tenderá a zero. Essa definição é fundamental, pois estabelece a base para o próximo teorema, que determina que métodos estáveis e consistentes são necessariamente convergentes.

Teorema 1.9. *Um método numérico consistente para uma equação diferencial cujo PVI é bem posto é convergente se e somente se é estável.*

A prova desse Teorema pode ser vista em [26]. Veremos agora, sobre a convergência dos Métodos de Runge-Kutta.

Estabilidade e Convergência dos Métodos de Runge-Kutta

De uma maneira geral, a família de métodos de Runge-Kutta pode ser vista da seguinte forma

$$\begin{cases} x_0 = x(t_0), \\ x_{n+1} = x_n + h \sum_{j=1}^s b_j f(t_n + c_j h, z_j), \end{cases} \quad (1.26)$$

onde os coeficientes b_j representam os pesos utilizados na combinação linear das avaliações de f . Os coeficientes c_j indicam os instantes dentro do intervalo de integração nos quais cada avaliação de f é realizada. Já os valores z_j correspondem às estimativas intermediárias empregadas na aproximação da solução. Se $s = 1$, teremos o Método de Euler apresentado na Seção 1.2.1. Se $s = 2$, teremos o Método de Runge-Kutta de segunda ordem apresentado na Seção 1.2.2. Se $s = 4$, então teremos o Método de Runge-Kutta de quarta ordem apresentado na Seção 1.2.3. Em [4], é mostrado que todos os Métodos da família de Runge-Kutta são convergentes. Dessa forma, pelo Teorema 1.8, esses métodos também são estáveis.

Capítulo 2

Modelos Epidemiológicos

Modelos compartimentais, construídos a partir de Equações Diferenciais Ordinárias, desempenham um papel fundamental na Epidemiologia Matemática, que é a área que estuda modelos epidemiológicos. Esses modelos permitem descrever a dinâmica de grandezas ao longo do tempo, auxiliando na projeção da propagação de doenças infecciosas e na avaliação de possíveis cenários. Neste capítulo, serão apresentados três modelos clássicos amplamente utilizados em Epidemiologia: SIS, SIR e SIRS. A aplicação desses modelos é evidenciada em estudos como [2], [28] e [32].

Na construção de modelos matemáticos que descrevem a transmissão de doenças, é essencial definir alguns conceitos fundamentais. Esses conceitos são:

- **Indivíduos Suscetíveis:** correspondem a parcela da população que não possui imunidade à doença e que, nesse momento, não estão infectados ou expostos à doença;
- **Indivíduos Expostos:** correspondem a parcela da população que foi exposta à doença, mas na qual a doença ainda não se manifestou;
- **Indivíduos Infectados:** correspondem a parcela da população que apresenta sintomas da doença, ou seja, estão infectados;
- **Indivíduos Recuperados:** correspondem a parcela da população que adquiriu a doença e se recuperou dela, não estando mais infectada.

Iremos abordar nas próximas seções os modelos compartimentais e, com isso, os conceitos apresentados acima serão chamados de compartimentos. Existem ainda outros conceitos que serão necessários nos estudos. São estes

- **Período de Incubação:** é o período entre a exposição à doença e o aparecimento dos sintomas;

- **Mortalidade Induzida pela Doença:** taxa de pessoas que vieram a falecer devido à doença em comparação ao número total de indivíduos da população;
- **Transmissão:** processo pelo qual a doença se transmite.

Quando falamos de transmissão da doença, veja [27], existem dois meios para isso ocorrer

- **Horizontal:** contato direto, contato indireto, vias aéreas, vetores, água e alimentos, entre outros;
- **Vertical:** de mãe para filho no nascimento.

Com esses conceitos, torna-se possível, através de manipulações matemáticas, a construção de modelos epidemiológicos que têm o objetivo de quantificar o fenômeno e fornecer informações e dados estatísticos sobre a doença.

2.1 SIS

O primeiro modelo que iremos abordar é um modelo utilizado em doenças que não conferem imunidade ao indivíduo. O nome desse modelo é SIS, que significa Suscetível - Infectado - Suscetível. Esse modelo é aplicado na modelagem da dinâmica de doenças, como por exemplo a malária, [21], meningite, [6], entre outras. Para a construção desse modelo, denotaremos a quantidade indivíduos, ou densidade populacional, por N , a parcela de indivíduos suscetível por S e a parcela de indivíduos infectados por I . Além disso, $N = S + I$.

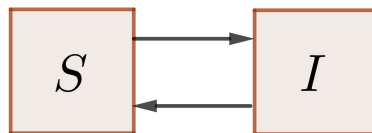


Figura 2.1: Modelo SIS.

Entre os modelos a serem apresentados, este é o modelo com a menor quantidade de compartimentos, sendo composto apenas pelos indivíduos suscetíveis e infectados. Para simplificar, considere uma população constante, sem variações de nascimentos ou mortes. Considere, ainda, duas constantes reais positivas, α e β , em que α é a taxa de infecção da doença e β é a taxa de recuperação da doença. Portanto, conseguimos descrever o problema através do seguinte sistema de EDOs

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI + \beta I, \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I, \end{cases} \quad (2.1)$$

onde $S(0) = S_0 > 0$ e $I(0) = I_0 > 0$, na qual S_0 e I_0 representam a população inicial de indivíduos suscetíveis e infectados, respectivamente. O termo αSI representa a taxa de infecção, que está diretamente relacionada ao contato entre indivíduos suscetíveis e infectados. Por sua vez, βI corresponde à taxa de recuperação, responsável por converter indivíduos infectados de volta ao estado suscetível. Cada uma dessas taxas impacta de forma específica os compartimentos. O termo αSI , na primeira equação do sistema (2.1), possui o sinal negativo o que contribui para a redução dos indivíduos no compartimento dos suscetíveis. Por outro lado, na segunda equação do sistema (2.1), αSI possui o sinal positivo o que contribui para o aumento do número de infectados. De maneira análoga, βI possui sinal negativo na segunda equação do sistema (2.1) o que diminui a população de infectados, ao mesmo tempo, na primeira equação do sistema (2.1) βI possui o sinal positivo o que eleva a quantidade de indivíduos suscetíveis.

A primeira equação do sistema (2.1) descreve a variação da população suscetível em relação ao tempo, enquanto a segunda equação do sistema (2.1) descreve a variação da população infectada ao longo do tempo. Essas duas equações representam a dinâmica conjunta entre as populações de suscetíveis e infectados, permitindo prever a evolução da doença na população ao longo do tempo.

Como $N = S + I$, tome $S = N - I$. Veja que o sistema acima pode ser reescrito como

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = (-\alpha(N - I) + \beta)I, \\ \frac{dI}{dt} = (\alpha(N - I) - \beta)I. \end{cases} \quad (2.2)$$

Dessa forma, fica fácil ver que os pontos de equilíbrio, Definição 1.4, desse sistema são: $(N, 0)$ e $(\frac{\beta}{\alpha}, N - \frac{\beta}{\alpha})$. Analisando o primeiro ponto, é possível ver que a população de infectados é nula, dessa forma, segue da Definição 1.4 que esse ponto de equilíbrio é ainda um ponto livre da doença. O segundo ponto é ponto de equilíbrio do sistema, mas $I = N - \frac{\beta}{\alpha} \neq 0$, logo não é ponto livre da doença.

2.2 SIR

Nesta seção, será apresentado um modelo matemático que descreve doenças capazes de conferir imunidade após a infecção. Este modelo foi inicialmente proposto por Kermack e McKendrick em [16]. Neste modelo, denominamos três compartimentos de indivíduos: Suscetíveis, Infectados e Recuperados, que denotamos por S , I e R , respectivamente. Além disso, iremos denotar a população total por N . Por fim, temos que $N = S + I + R$. Considere três constantes reais positivas, α , β e γ , onde α representa a taxa de infecção da doença, β a taxa de recuperação e γ a mortalidade da doença. O sistema de EDOs que descreve esse modelo será então

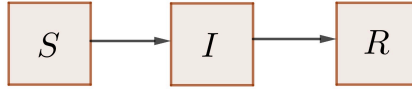


Figura 2.2: Modelo SIR.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI, \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \beta I, \end{cases} \quad (2.3)$$

onde $S(0) = S_0 > 0$, $I(0) = I_0 > 0$, $R(0) = 0$, sendo S_0 , I_0 e R_0 as populações iniciais de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, respectivamente. É fácil ver que os pontos de equilíbrio desse sistema são: $(N, 0, 0)$ e $(0, 0, 0)$.

O termo αSI representa a taxa de infecção, que está diretamente relacionada ao contato entre indivíduos suscetíveis e infectados. Por sua vez, βI corresponde à taxa de recuperação, responsável por converter indivíduos infectados em indivíduos recuperados. Cada uma dessas taxas impacta, de forma específica, os compartimentos. Enquanto αSI reduz a quantidade de suscetíveis, contribui para o aumento do número de infectados. De maneira análoga, βI diminui a população de infectados, ao mesmo tempo que aumenta a de recuperados.

A primeira equação do sistema (2.3) descreve a variação da população suscetível em relação ao tempo, enquanto a segunda equação do sistema (2.3) descreve a variação da população infectada ao longo do tempo, e, por fim, a terceira equação do sistema (2.3) descreve a variação da população recuperada ao longo do tempo. Essas três equações representam a dinâmica conjunta entre as populações de suscetíveis, infectados e recuperados, permitindo prever a evolução da doença na população ao longo do tempo.

2.3 SIRS

O modelo SIRS, Suscetível-Infectado-Recuperado-Suscetível, varia do SIR principalmente porque é usado para doenças que conferem imunidade temporária, como a gripe, veja [23], permitindo que indivíduos recuperados possam retornar ao estado suscetível e serem reinfectados.

Para modelar esse sistema via EDOs, seguimos uma abordagem análoga com a do modelo SIR. A diferença será a inclusão de mais uma constante real positiva ψ , que será responsável pela taxa de reinfecção das pessoas já recuperadas. Assim, o sistema será escrito algebricamente por:

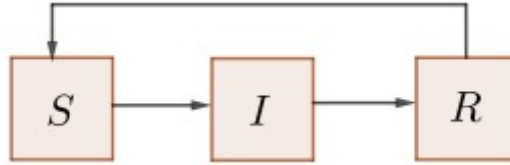


Figura 2.3: Modelo SIRS.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI + \psi R, \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - (\beta + \gamma)I, \\ \frac{dR}{dt} = \beta I - \psi R, \end{cases} \quad (2.4)$$

onde S representa a população suscetível, I a população infectada, R a população recuperada, α a taxa de infecção, β a taxa de recuperação, γ a taxa de mortalidade e ψ a taxa de reinfeção. Para compreender a dinâmica da propagação de uma doença infecciosa, é essencial determinar o número básico de reprodução. Esse conceito será apresentado na próxima seção.

2.4 O número básico de reprodução

Nesta seção, iremos introduzir o conceito do Número Básico de Reprodução da Doença, representado por R_0 . Introduzido na epidemiologia matemática por [16], esse conceito tornou-se essencial nas pesquisas epidemiológicas, pois possibilita avaliar se uma doença irá se propagar ou desaparecer. O R_0 define-se pelo número de infecções secundárias geradas por um único indivíduo infectado numa população completamente suscetível.

Durante a pandemia de COVID-19, o cálculo do R_0 tornou-se um dos principais focos de pesquisa, já que esse índice fornece informações cruciais sobre o comportamento da doença, veja em [1]. Com base nesse valor, é possível planejar ações mais eficazes para seu controle. Isso motiva o desenvolvimento de estudos para obtenção de técnicas precisas do R_0 .

Uma técnica para calcular o R_0 envolve o uso da Matriz de Próxima Geração e seus autovalores. Essa técnica foi estudada em [3]. Antes de chegarmos à definição dessa matriz, precisamos definir alguns pontos essenciais. Considere agora uma população heterogênea de indivíduos. Dessa população, iremos separar os indivíduos em compartimentos homogêneos, apresentados no Capítulo 2. Para uma melhor compreensão, iremos calcular o R_0 para o seguinte modelo:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Pi - \mu S - \beta SI, \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + k)E, \\ \frac{dI}{dt} = kE - (\mu + \alpha)I, \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I - \mu R, \end{cases} \quad (2.5)$$

com condições iniciais: $S(0) > 0$, $E(0) > 0$, $I(0) > 0$, $R(0) > 0$ e os seguintes parâmetros:

- β : taxa de transmissão da doença,
- k : taxa de progressão de expostos para infectados,
- α : taxa de recuperação,
- μ : taxa de mortalidade natural,
- Π : taxa de recrutamento (nascimentos).

Para o modelo apresentado na Equação (2.5), os compartimentos serão: indivíduos suscetíveis, indivíduos expostos, indivíduos infectados e indivíduos recuperados. Vamos considerar agora o vetor $\Omega = (\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_n)$, onde cada coordenada $\omega_i = \omega(t)$ é a função que determina a quantidade de indivíduos no compartimento i , $1 \leq i \leq n$. No caso do modelo apresentado na Equação (2.5), o vetor é dado por:

$$\Omega = \left(\frac{dS}{dt}, \frac{dE}{dt}, \frac{dI}{dt}, \frac{dR}{dt} \right). \quad (2.6)$$

Para simplificar os cálculos subsequentes, organizaremos o vetor Ω de forma que as primeiras coordenadas correspondam aos compartimentos que contêm indivíduos infectados. Dessa forma, o vetor na Equação (2.6) será reescrito da seguinte forma:

$$\Omega = \{E', I', R', S'\}. \quad (2.7)$$

O cálculo do R_0 levará em conta apenas a população de infectados. Dessa forma, a partir de agora, iremos considerar apenas os compartimentos que contêm infecções. Assim, consideraremos o seguinte vetor:

$$\bar{\Omega} = \{E', I'\}. \quad (2.8)$$

Precisaremos ainda distinguir as novas infecções das demais mudanças nos compartimentos populacionais. Para isso, iremos considerar três matrizes. Sejam $F = [F_1, F_2]$, onde F_i representa a taxa de surgimento de novas infecções no compartimento i , $V^+ = [V_1^+, V_2^+]$, onde V_i^+ representa a taxa de transferência de indivíduos para dentro do compartimento i vindo de quaisquer outros compartimentos, e $V^- = [V_1^-, V_2^-]$, onde V_i^-

representa a taxa de remoção de indivíduos do compartimento i . Escrevendo o vetor da Equação (2.8) em forma matricial, teremos que:

$$\bar{\Omega} = \begin{bmatrix} E' \\ I' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta SI - (\mu + k)E \\ kE - (\mu + \alpha)I \end{bmatrix}. \quad (2.9)$$

Os novos casos de infecção estão representados pela taxa βSI , que simboliza o encontro dos suscetíveis com os infectados. Essa taxa está localizada no compartimento E' . Ainda no compartimento E' , temos que a taxa $(\mu + k)E$ é responsável pela saída de indivíduos desse compartimento. No compartimento I' , a taxa kE é responsável pela entrada de indivíduos no compartimento e $(\mu + \alpha)I$ é responsável pela saída de indivíduos desse compartimento. Veja ainda que nesse compartimento não temos o surgimento de novas infecções. Logo,

$$F = \begin{bmatrix} \beta SI \\ 0 \end{bmatrix}, \quad V^+ = \begin{bmatrix} 0 \\ kE \end{bmatrix} \quad \text{e} \quad V^- = \begin{bmatrix} (\mu + k)E \\ (\mu + \alpha)I \end{bmatrix}. \quad (2.10)$$

Considere ainda uma matrix V tal que $V = V^- - V^+$. Assim temos que

$$\bar{\Omega} = \begin{bmatrix} E' \\ I' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta SI - (\mu + k)E \\ kE - (\mu + \alpha)I \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \beta SI \\ 0 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} (\mu + k)E \\ (\mu + \alpha)I - kE \end{bmatrix} = F - V. \quad (2.11)$$

Com a construção das matrizes F e V finalizadas, podemos então definir a matriz próxima geração.

Definição 2.1. (*Matriz Próxima Geração*). A matriz próxima geração, denotada por M , é uma matriz quadrada definida por

$$M = \mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}, \quad \mathcal{V} \text{ é invertível}$$

onde \mathcal{F} e \mathcal{V} são, respectivamente, as matrizes jacobianas de F e V .

Segue de (2.11) que

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \frac{F_1}{E} & \frac{F_1}{I} \\ \frac{F_2}{E} & \frac{F_2}{I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \beta S_{E^*} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}; \quad \mathcal{V} = \begin{bmatrix} \frac{V_1}{E} & \frac{V_1}{I} \\ \frac{V_2}{E} & \frac{V_2}{I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mu + k & 0 \\ -k & \mu + \alpha \end{bmatrix}. \quad (2.12)$$

E agora podemos calcular ainda \mathcal{V}^{-1}

$$\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\mu + k} & 0 \\ \frac{k}{(\mu + k)(\mu + \alpha)} & \frac{1}{\mu + \alpha} \end{bmatrix} \quad (2.13)$$

Por fim, para o cálculo do R_0 , precisaremos ainda definir o raio espectral de uma matriz.

Definição 2.2. (*Raio Espectral de uma Matriz*). Seja A uma matriz real de ordem $n \times n$. O raio espectral de A , denotado por $\rho(A)$, é o máximo dentre os módulos dos autovalores da matriz. Isto é,

$$\rho(A) = \max\{|\lambda|; \lambda \text{ é um autovalor de } A\}.$$

Finalmente, essas definições permitem definir o número básico de reprodução.

Definição 2.3. O Número Básico de Reprodução da doença é o raio espectral da matriz $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$, ou seja,

$$R_0 = \rho(\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}),$$

onde \mathcal{F} e \mathcal{V} são, respectivamente, as matrizes jacobianas de F e V .

Precisaremos agora tomar x^0 um ponto de equilíbrio livre da doença, veja Definição 1.4, do sistema que modela a doença e a matriz próxima geração a ele associada. Como esse é um local de estabilidade do sistema, conseguimos analisar o comportamento da doença. É provado em [30] que :

- Se $R_0 < 1$, a doença tenderá a ser eliminada ou poderá ser mantida em níveis aceitáveis.
- Se $R_0 > 1$, uma pessoa infectada conseguirá contaminar pelo menos mais uma pessoa no seu período de contaminação, havendo assim uma transmissão descontrolada da doença o que implicará em um surto epidêmico.

Desta forma o R_0 é um indicador do limiar epidêmico da doença e a sua determinação permite a compreensão da dinâmica da propagação da doença. Para finalizarmos nosso exemplo, como já temos \mathcal{F} e \mathcal{V}^{-1} , podemos calcular $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$, ou seja,

$$\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{k\beta S_{E^*}}{(\mu+k)(\mu+\alpha)} & \beta S_{E^*}(\mu+\alpha) \\ 0 & 0 \end{bmatrix}. \quad (2.14)$$

É fácil ver que o ponto de equilíbrio do sistema apresentado no sistema (2.5) é $E^* = (\frac{\Pi}{\mu}, 0, 0, 0)$. Como calculamos $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$, então agora é fácil mostrar ainda que os autovalores da matriz (2.14) são:

$$\lambda_1 = \frac{k\beta\Pi}{(\mu+k)(\mu+\alpha)\mu}, \quad \lambda_2 = 0.$$

E por fim, chegamos que

$$R_0 = \frac{k\beta\Pi}{(\mu+k)(\mu+\alpha)\mu}.$$

No próximo capítulo, iniciaremos a abordagem da modelagem da dengue.

Capítulo 3

Modelagem da Dengue

3.1 Dengue: características gerais

A dengue faz parte de um grupo de doenças denominadas arboviroses, caracterizadas por serem causadas por vírus transmitidos por vetores artrópodes. O vetor da dengue é a fêmea do mosquito *Aedes Aegypti*. Os vírus da dengue (DENV) estão classificados cientificamente na família *Flaviviridae* e no gênero *Flavivirus*. Existem quatro sorotipos distintos do vírus da dengue (DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4), que são capazes de causar a doença em humanos, como descrito em [11]. A transmissão ocorre através da picada de fêmeas do mosquito *Aedes Aegypti* e, em menor grau, *Aedes Albopictus*, ambos prevalentes em climas tropicais e subtropicais. A infecção por um sorotipo confere imunidade vitalícia para aquele específico, mas não oferece proteção contra os outros sorotipos, aumentando o risco de manifestações mais graves da doença em infecções subsequentes, conforme apontado em [14].

A doença manifesta-se principalmente em duas formas: dengue clássica e dengue hemorrágica, sendo a última a mais grave e potencialmente fatal. Os sintomas da dengue clássica incluem febre alta, dor de cabeça, dor atrás dos olhos, fadiga, dor muscular e articular, e erupções cutâneas. A forma hemorrágica, além desses sintomas, pode levar a sangramentos, colapso circulatório e choque, e requer manejo médico imediato. A prevenção da dengue ocorre principalmente pelo controle e eliminação dos criadouros do mosquito transmissor, além da busca por vacinas que ofereçam proteção efetiva contra todos os sorotipos do vírus, como indicado em [19].

3.2 Histórico da Dengue no Brasil

No final de 1981, conforme relatado por [15], ocorreu em Roraima a primeira epidemia de dengue documentada desde 1950, quando foram encontrados anticorpos na Amazônia. Inicialmente, acreditava-se tratar-se de uma epidemia de rubéola. Após o isolamento do

vírus da dengue em um paciente, as instituições presentes iniciaram uma investigação nos casos registrados, coletando 359 amostras de soro e realizando uma pesquisa entomológica na cidade. Foram localizados focos de infecção do mosquito tanto na área urbana quanto em locais mais afastados, evidenciando a alta dispersão da doença. Além disso, 43% das amostras testaram positivo para dengue, identificando os sorotipos DEN-1 e DEN-4. Estima-se que cerca de 7.000 pessoas foram infectadas com dengue no período de 1981 a 1982, conforme descrito em [22].

A partir de 1986, a dengue reapareceu principalmente em três estados: Rio de Janeiro, Ceará e Alagoas. O Rio de Janeiro foi o mais afetado, com forte presença do sorotipo DEN-1 e responsável por atingir mais de um milhão de pessoas, segundo [7]. Em 2002, o Brasil registrou um total de 672.371 notificações de dengue, resultando em 2.090 óbitos. Novamente, o estado do Rio de Janeiro foi o mais afetado, contabilizando 34% das notificações, 79,6% dos casos de dengue hemorrágica e 65% dos óbitos, conforme relatado em [17].

Em 2008, ocorreu outro surto de epidemia de dengue no Brasil. Entre janeiro e junho, foram notificados 634.458 casos, incluindo 3.034 casos confirmados de dengue hemorrágica, que resultaram em 173 óbitos. A taxa de letalidade da doença chegou a aproximadamente 2%. Além disso, houve predominância do sorotipo DEN-3, com um aumento nos casos do sorotipo DEN-2 nos casos de maior gravidade. Nesse ano, estimou-se que, a partir de maio, o número de casos começaria a diminuir, considerando a sazonalidade da doença no Brasil. Mais uma vez, o estado do Rio de Janeiro foi duramente afetado, sendo o estado com o maior número de casos notificados e confirmados, conforme descrito em [18].

Em 2010, registrou-se o maior número de casos até então, com cerca de um milhão de notificações no país e aproximadamente 572 mortes, triplicando o número de casos notificados em 2009. No ano de 2015, como descrito por [29] e [12], a dengue atingiu novos patamares. Entre 1^o de janeiro e 18 de abril, o país registrou 745,9 mil casos notificados, representando um aumento de 234,5% em relação a 2014. Nesse mesmo ano, o país encerrou com 1,6 milhão de casos notificados e 863 mortes. Após três anos de queda nos números de casos, 2019 marcou novamente um aumento, fechando com um total de 1,5 milhão de casos notificados, o que corresponde a um aumento de 488% em relação a 2018, conforme relatado por [13]. Em 2024, segundo [20], o número de casos notificados alcançou 4,7 milhões e o número de óbitos chegou a 2,5 mil. Estima-se que a taxa de transmissão da doença tende a cair até o final do ano. A compreensão da propagação histórica da dengue é fundamental para definir parâmetros adequados em modelos matemáticos que simulam a disseminação da doença e avaliam a eficácia de intervenções.

3.3 Modelagem da Dengue

Para estudarmos a epidemia da doença da dengue, utilizaremos um modelo matemático compartimental SIR+ASI, [3]. Esse modelo será responsável por modelar tanto a população humana, quanto a população do vetor. Serão utilizadas 6 Equações Diferenciais, sendo as 3 primeiras para a população humana. A primeira equação irá modelar o compartimento das população humana suscetível enquanto que a segunda equação será responsável por modelar a parcela da população humana infectada e por fim a última equação será responsável por modelar a parcela da população humana recuperada. Além disso, teremos 3 equações para a população do vetor. Essas equações serão responsáveis por modelar a parcela da população do vetor na fase aquática, a parcela da população do vetor suscetível e a parcela da população do vetor infectada. Serão levadas em conta ainda as interações entre a população humana e do vetor.

Inicialmente, é importante destacar algumas observações. A transmissão será considerada apenas horizontal, ou seja, apenas transmissão via vetor. A população humana será assumida como constante, homogênea e composta exclusivamente por indivíduos que nascem suscetíveis. Por fim, não consideraremos imigração ou emigração. Os compartimentos que utilizaremos são

- Humanos suscetíveis - S_h ;
- Humanos infectados - I_h ;
- Humanos recuperados - R_h ;
- Mosquitos na fase aquática - A_m ;
- Mosquitos suscetíveis - S_m ;
- Mosquitos infectados - I_m .

Como estamos considerando população constante, temos $N_h = S_h + I_h + R_h$. Além disso, não serão considerados mosquitos recuperados, pois, após serem infectados, permanecem nesse estado até o óbito. Dessa forma, as equações que definem esse modelo são

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \left(B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} + \mu_h \right) S_h, \\ \frac{dI_h}{dt} = B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} S_h - (\eta_h + \mu_h) I_h, \\ \frac{dR_h}{dt} = \eta_h I_h - \mu_h R_h, \\ \frac{dA_m}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{kN_h} \right) (S_m + I_m) - (\eta_A + \mu_A) A_m, \\ \frac{dS_m}{dt} = \eta_A A_m - \left(B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} + \mu_m \right) S_m, \\ \frac{dI_m}{dt} = B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} S_m - \mu_m I_m, \end{array} \right. \quad (3.1)$$

com condições iniciais $S_h(0) = S_{h0}$, $I_h(0) = I_{h0}$, $R_h(0) = R_{h0}$, $A_m(0) = A_{m0}$, $S_m(0) = S_{m0}$, $I_m(0) = I_{m0}$. Além disso, os parâmetros usados para descrever o modelo são:

- $\mu_h N_h$: taxa de recrutamento da população humana,
- μ_h : taxa de mortalidade natural para humanos,
- μ_m : taxa de mortalidade natural para mosquitos na fase adulta,
- μ_A : taxa de mortalidade natural para mosquitos na fase aquática,
- B : média de picadas do mosquito (por dia),
- β_{mh} : probabilidade de transmissão (por picada) de mosquitos infectados para humanos,
- β_{hm} : probabilidade de transmissão (por picada) de humanos infectados para mosquitos,
- φ : número de ovos em cada depósito per capita (por dia),
- η_h : taxa de recuperação da população humana,
- η_A : taxa de maturação das larvas para fase adulta (por dia),
- k : número de larvas por humano,
- m : número de mosquitos fêmeas por humano.

Para facilitar a obtenção de informações que contribuam para a avaliação de programas de combate a doença, por meio de pesquisas sistemáticas e periódicas, têm sido propostos métodos simplificados de amostragem. Tais métodos garantem a obtenção de dados com erros aceitáveis e vieses desprezíveis, assegurando, assim, um sistema capaz de fornecer índices de maneira rápida e oportuna. Conseqüentemente, a criação e a implementação de planos de ação poderão ocorrer de forma ágil e assertiva. Com o objetivo de obter informações para combater o *Aedes Aegypti*, foi criado o Levantamento Rápido de Índices para *Aedes aegypti* (LIRAA), veja [8], que será o foco da próxima seção.

3.4 LIRAA

Para validar esses modelos teóricos e planejar intervenções eficazes, é crucial a coleta de dados em campo, como os realizados pelo LIRAA. De acordo com [31],

O LIRAA tem a vantagem de apresentar, de maneira rápida e segura, os índices de infestações larvários (Predial e Breteau), podendo ser empregado como instrumento de avaliação dos resultados das medidas de controle, incluindo-se também dados referentes aos tipos de recipientes, tornando possível re-direcionar e/ou intensificar algumas intervenções, ou ainda, alterar as estratégias de controle adotadas.

O Índice Predial é responsável por calcular o percentual de imóveis positivos (com a presença de *Aedes Aegypti*). O cálculo funciona da seguinte maneira

$$IP = \frac{\text{Imóveis positivos}}{\text{Imóveis pesquisados}} \times 100.$$

O LIRAA fornece importantes índices no modelo que utilizaremos. O Índice de Breteau é o mais comumente utilizado, especialmente na avaliação da densidade larvária. Ele considera a relação entre recipientes positivos e o número de imóveis pesquisados. O cálculo é feito da seguinte maneira:

$$IB = \frac{\text{Recipientes positivos}}{\text{Imóveis pesquisados}} \times 100.$$

Os dados para esses cálculos podem ser obtidos da seguinte forma:

1. A cidade é dividida em estratos. Esses estratos podem ser definidos utilizando as divisões de bairros da cidade e devem conter entre 8.100 e 12.000 imóveis. Além disso, é necessário obter informações sobre a quantidade de quarteirões em cada estrato;
2. São inspecionados 20% dos imóveis em cada quarteirão;
3. No dia da inspeção, para cada estrato, são sorteados os quarteirões que seriam visitados;
4. A escolha dos imóveis começa pelo primeiro imóvel do quarteirão. Em seguida, os imóveis são inspecionados seguindo a regra de espaçamento de quatro imóveis não inspecionados entre cada imóvel inspecionado, ou seja, se inspeciona o 1^o imóvel, depois o 6^o imóvel, e assim por diante;

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
30	Quarteirão amostrado (regular)								11
29									12
28									13
27									14
26									15
25	24	23	22	21	20	19	18	17	16

Figura 3.1: Distribuição de casas a serem investigadas em um quarteirão. Fonte: Manual LIRAA, [8].

- Se o imóvel sorteado tiver os moradores ausentes ou se recusarem à inspeção, deverá ser escolhido o imóvel anterior. Caso isso não seja possível, deve-se optar pelo imóvel posterior em relação ao imóvel inicialmente sorteado.


1	2	3	4		6		8	9	10
30	Quarteirão amostrado (regular)								11
29									12
28	6	Casa a ser inspecionada fechada							13
27		Casa anterior num. 5							14
26		Casa posterior num. 7							15
25	24	23	22	21	20	19	18	17	16

Figura 3.2: Distribuição de casas a serem investigadas em um quarteirão caso a casa escolhida inicialmente esteja indisponível. Fonte: Manual LIRAA, [8].

Agora, analisaremos a aplicação do LIRAA na cidade de Vitória da Conquista - Bahia, para ilustrar como essa metodologia pode ser utilizada em diferentes contextos regionais.

3.4.1 LIRAA no município de Vitória da Conquista

No período de 19 a 26 de fevereiro de 2024, foi realizado o LIRAA 2024.1 na cidade de Vitória da Conquista, Bahia [10]. Pelos resultados divulgados, é possível perceber que a cidade foi dividida em 78 estratos, e um total de 6.757 imóveis foram inspecionados. Desses, 382 testaram positivo para o *Aedes Aegypti*. Não foi possível obter dados sobre a quantidade de recipientes que testaram positivo, de forma que o único índice que foi possível calcular apenas o Índice Predial, dado por

$$IP = \frac{\text{Imóveis positivos}}{\text{Imóveis pesquisados}} \times 100 = \frac{382}{6757} \times 100 = 5,65.$$

Como os dados de Vitória da Conquista não forneceram o Índice de Breteau, foi necessário fazer ajustes para utilizá-los no modelo. Para isso, assumimos que, em cada imóvel, houve apenas 1 recipiente positivo, de modo que $IB = IP$, ou seja, conseguimos calcular a densidade larvária da dengue utilizando os dados do LIRAA. Utilizando, agora, os dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) [9], foi possível verificar que a média de habitantes por residência é de 2,79. Como já sabemos a densidade larvária por residência, podemos agora calcular a densidade larvária por habitante, denotada por DL_h

$$DL_h = \frac{IB}{2,79} = \frac{5,65}{2,79} = 2,02. \quad (3.2)$$

Assim, obtemos que, em média, para cada 1 indivíduo, existem 2,02 larvas em Vitória da Conquista.

3.5 A influência da temperatura na população de mosquitos transmissores

O artigo [34] estudou, ao longo de três anos, como a temperatura influencia o tamanho da população, a mortalidade e a taxa de oviposição do *Aedes Aegypti*. Para esse estudo, cerca de 100 larvas foram coletadas na cidade de Marília, São Paulo, Brasil. Após a coleta, as larvas foram mantidas em câmaras de germinação, onde foi possível controlar a temperatura e o fotoperíodo, simulando condições naturais.

Durante o período de observação desse experimento, nas câmaras havia sempre disponíveis reservatórios de água e mel. Além disso, uma vez por dia, os mosquitos recebiam uma refeição de sangue, essencial para a fertilização de novos ovos. Para simular o ciclo diurno, uma luz permanecia acesa durante o dia e a noite era desligada. O experimento também simulou as estações do ano, variando tanto a temperatura quanto a duração do dia e da noite. Com os resultados obtidos, foi possível mapear os dados de vida do mosquito, que serão utilizados na modelagem da dengue. As tabelas com os dados da pesquisa são apresentadas nos anexos deste trabalho.

A Tabela 3.1 apresenta a taxa de mortalidade do mosquito fêmea na fase adulta em relação à temperatura. A mortalidade da fêmea indica a probabilidade de morte de um mosquito fêmea adulto por dia para cada faixa de temperatura considerada. Observa-se que a mortalidade é maior em temperaturas muito baixas ou muito altas, enquanto é mínima em temperaturas intermediárias. Esses dados são fundamentais para compreen-

der como alterações climáticas ou variações sazonais podem impactar as populações de mosquitos e a propagação da dengue.

Tabela 3.1: Cálculo da taxa de mortalidade do mosquito fêmea na fase adulta em relação à temperatura.

T (°C)	σ_μ (Por dia ⁻¹)
10.54	0.00519
10.76	0.00728
15.30	0.00318
16.52	0.00407
20.05	0.00308
21.79	0.00584
25.64	0.00342
27.64	0.00227
31.33	0.00305
31.65	0.00202
32.55	0.00248
33.41	0.00384

A Tabela [3.2](#) apresenta a taxa de oviposição do mosquito em relação à temperatura. A oviposição, definida como o número médio de ovos depositados por mosquito fêmea por dia, é um parâmetro fundamental para modelar o crescimento populacional do vetor. Os valores variam significativamente conforme a temperatura, refletindo o impacto direto do ambiente sobre a capacidade reprodutiva dos mosquitos. Observa-se que a taxa de oviposição é nula para temperaturas muito baixas, aumentando gradualmente até atingir valores máximos em temperaturas mais altas. Contudo, em temperaturas extremas há uma ligeira redução na taxa de oviposição, indicando um possível limite fisiológico dos mosquitos em condições de calor excessivo. Esses dados são essenciais para compreender como diferentes cenários climáticos afetam a dinâmica populacional do vetor e, conseqüentemente, a transmissão da dengue.

Tabela 3.2: Cálculo da taxa de oviposição do mosquito em relação à temperatura.

T (°C)	ϕ (Por dia)
10.54	—
10.76	—
15.30	0.3548
16.52	1.1208
20.05	3.3668
21.79	3.5931
25.64	6.9847
27.64	7.5997
31.33	9.5762
31.65	7.2770
32.55	11.224
33.41	7.2745

A Tabela 3.3 apresenta a taxa de mortalidade do mosquito na fase aquática em relação à temperatura. A fase aquática é um estágio crucial no ciclo de vida do mosquito, que inclui os estágios de ovo, larva e pupa. A taxa de mortalidade reflete a probabilidade de morte dos indivíduos em cada faixa de temperatura analisada. Esses dados evidenciam que a mortalidade varia significativamente com a temperatura, apresentando valores mais baixos em faixas intermediárias e mais elevados em temperaturas extremas.

Tabela 3.3: Cálculo da taxa de mortalidade do mosquito na fase aquática em relação à temperatura.

T (°C)	σ_μ (Por dia ⁻¹)
10.00	0.01287
10.00	0.01738
10.00	0.00658
10.00	0.00620
10.38	0.02447
10.45	0.00479
10.45	0.00646
14.74	0.00127
14.84	0.00116
18.86	0.01493
18.96	0.01420
19.18	0.00443
26.56	0.01386
26.84	0.01423
26.85	0.04852
30.83	0.01405
31.61	0.57314
34.95	0.02838
36.47	0.00828
39.55	0.01395
40.16	0.00623
40.64	0.01431

A Tabela [3.4](#) apresenta a taxa de transição do mosquito da fase aquática para a fase adulta em relação à temperatura. A taxa de transição representa a probabilidade de um mosquito completar sua metamorfose e emergir como adulto em determinado intervalo de tempo, dependendo da temperatura do ambiente. Observa-se que, em temperaturas muito baixas, a transição não ocorre, possivelmente devido à inviabilidade do desenvolvimento nas condições extremas de frio. À medida que a temperatura aumenta, a taxa de transição também aumenta, alcançando valores máximos. Em temperaturas extremas, a taxa de transição é novamente reduzida, indicando que condições de calor excessivo também afetam negativamente o desenvolvimento dos mosquitos.

Tabela 3.4: Cálculo da taxa de transição do mosquito da fase aquática para a fase adulta em relação à temperatura.

T (°C)	π (por dia ⁻¹)
10.00	—
10.00	—
10.00	—
10.00	—
10.38	—
10.45	—
10.45	—
14.74	0.01620
14.84	0.02519
15.84	0.02603
15.04	0.06647
16.04	0.06231
16.49	0.04005
26.56	0.09988
26.65	0.10771
26.85	0.11975
29.34	0.10499
31.65	0.13521
34.95	0.19529
36.95	0.12323
39.66	0.15947
40.64	—

A partir dos dados obtidos nessas tabelas, foram obtidos polinômios utilizando o método dos mínimos quadrados. Para cada tabela, foram gerados três polinômios distintos: um de terceiro grau, outro de quinto grau e, por fim, um de sexto grau. Em seguida, analisou-se qual desses polinômios apresentou o menor erro em relação aos dados disponíveis. O polinômio com o melhor ajuste foi então selecionado para representar os dados do modelo. Os gráficos dos polinômios são apresentados nas Figuras [3.3](#), [3.4](#), [3.5](#) e [3.6](#).

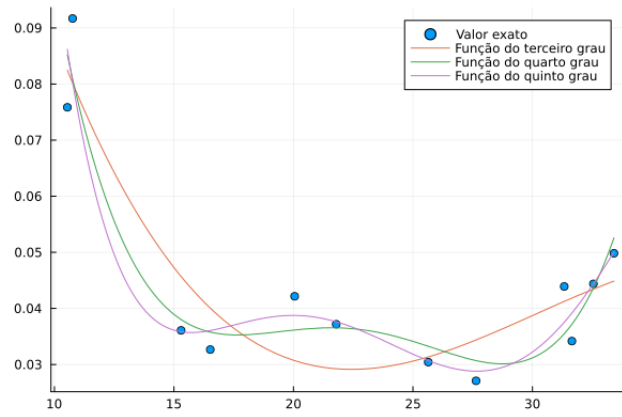


Figura 3.3: Funções polinomiais obtidas por meio do método dos mínimos quadrados em relação à mortalidade.

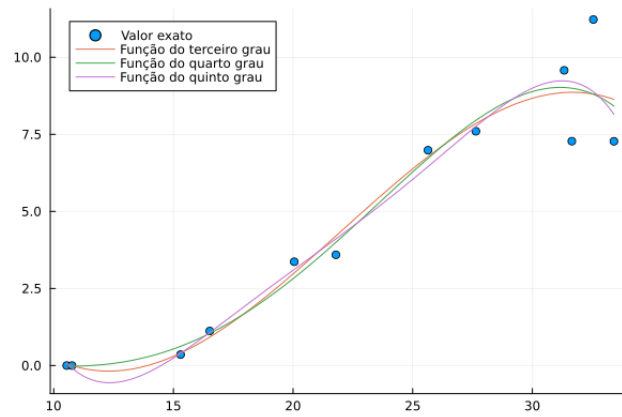


Figura 3.4: Funções polinomiais obtidas por meio do método dos mínimos quadrados em relação à oviposição.

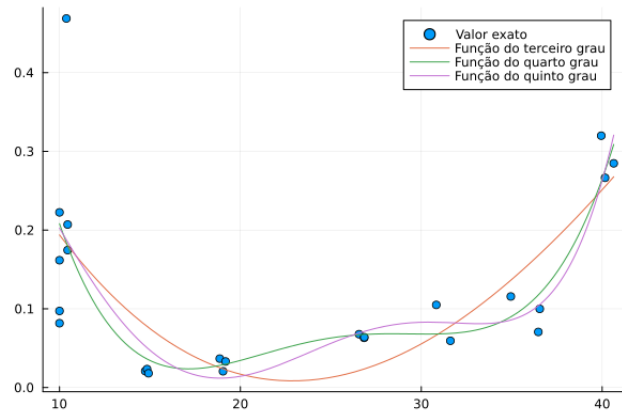


Figura 3.5: Funções polinomiais obtidas por meio do método dos mínimos quadrados em relação à mortalidade na fase aquática.

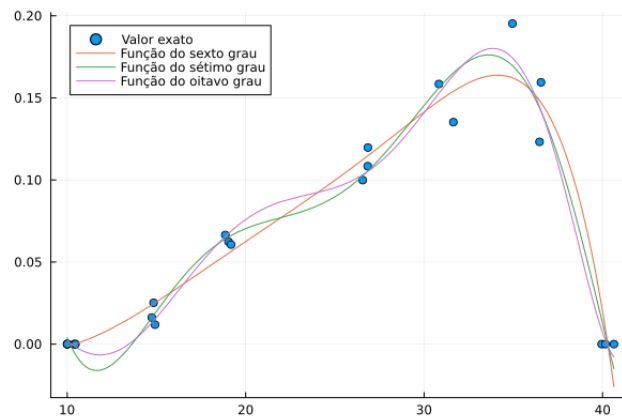


Figura 3.6: Funções polinomiais obtidas por meio do método dos mínimos quadrados em relação à transição dos mosquitos da fase aquática para fase adulta.

3.6 Cálculo do Número Básico de Reprodução

Nesta seção, calcularemos o número básico de reprodução do modelo da dengue apresentado em (3.1). Para isso, começaremos reorganizando o sistema, de forma que os primeiros compartimentos representem aqueles relacionados às novas infecções. Nesse contexto, os compartimentos iniciais serão os de humanos infectados e mosquitos infectados. O sistema, então, é reescrito como:

$$\begin{cases} \frac{dI_h}{dt} = B\beta_{mh}\frac{I_m}{N_h}S_h - (\eta_h + \mu_h)I_h, \\ \frac{dI_m}{dt} = B\beta_{hm}\frac{I_h}{N_h}S_m - \mu_m I_m, \\ \frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \left(B\beta_{mh}\frac{I_m}{N_h} + \mu_h\right)S_h, \\ \frac{dR_h}{dt} = \eta_h I_h - \mu_h R_h, \\ \frac{dA_m}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{kN_h}\right) (S_m + I_m) - (\eta_A + \mu_A)A_m, \\ \frac{dS_m}{dt} = \eta_A A_m - \left(B\beta_{hm}\frac{I_h}{N_h} + \mu_m\right)S_m. \end{cases} \quad (3.3)$$

O próximo passo consiste na construção das matrizes F e V , que representam, respectivamente, os novos casos de infecção e a entrada e saída dos compartimentos. Para isso, consideraremos apenas os compartimentos relacionados ao surgimento de novas infecções, ou seja,

$$\begin{bmatrix} I'_h(t) \\ I'_m(t) \end{bmatrix} = F - V = \begin{bmatrix} B\beta_{mh}\frac{I_m}{N_h}S_h \\ B\beta_{hm}\frac{I_h}{N_h}S_m \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} (\eta_h + \mu_h)I_h \\ \mu_m I_m \end{bmatrix}.$$

Como já possuímos F e V , o próximo passo será calcular as jacobianas dessas matrizes. Dito isso, é fácil ver que

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} 0 & B\beta_{mh}\frac{S_h^*}{N_h} \\ B\beta_{hm}\frac{S_m^*}{N_h} & 0 \end{bmatrix}, \quad \mathcal{V} = \begin{bmatrix} \eta_h + \mu_h & 0 \\ 0 & \mu_m \end{bmatrix}.$$

Segue que

$$\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\eta_h + \mu_h} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu_m} \end{bmatrix}.$$

O primeiro passo é a construção das matrizes \mathcal{F} e \mathcal{V}^{-1} . Agora, iremos calcular o produto de ambas as matrizes

$$\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{B\beta_{mh}S_h^*}{(\eta_h + \mu_h)N_h} \\ \frac{B\beta_{hm}S_m^*}{\mu_m N_h} & 0 \end{bmatrix}.$$

Segue da Definição [2.3](#) que

$$R_0 = \left(\frac{B^2\beta_{hm}\beta_{mh}S_h^*S_m^*}{(\eta_h + \mu_h)\mu_m N_h^2} \right)^{\frac{1}{2}}.$$

Como $S_h^* = N_h$ e $S_m^* = \frac{[\eta_A\varphi - (\eta_A + \mu_A)\mu_m]kN_h}{\mu_h\varphi}$, temos

$$R_0 = \left(\frac{[\eta_A\varphi - (\eta_A + \mu_A)\mu_m]kB^2\beta_{hm}\beta_{mh}}{(\eta_h + \mu_h)\mu_m^2\varphi} \right)^{\frac{1}{2}}.$$

Capítulo 4

Simulação Numérica

Com base nos modelos apresentados no Capítulo 3, foram feitas simulações a fim de investigar o comportamento do sistema em diferentes cenários. As simulações considerando um intervalo de tempo equivalente a um ano. Os cálculos foram executados em um computador com processador Intel Core i3, 8 GB de RAM - SSD de 256 GB. Os métodos foram implementados na linguagem de programação Julia e estão disponíveis no endereço: <https://github.com/BrenoVS2106/Modelagem-Epidemiologica-da-Dengue-no-municipio-de-Vitoria-da-Conquista>.

Os parâmetros necessários para descrever o modelo epidemiológico SIR+ASI estão apresentados na Tabela 4.1. Esses valores foram definidos com base em dados disponíveis na literatura e ajustados para refletir as condições específicas do estudo.

Descrição	Valor Usado
N_h : população humana	370, 879
N_m : população dos mosquitos	N_h
μ_h : taxa de mortalidade natural para humanos	0.007
η_h : taxa de recuperação de humanos	0.994
β_{mh} : probabilidade de transmissão de I_h para mosquito	0.013
β_{hm} : probabilidade de transmissão de I_m para humano	0.01
B : média de picada do mosquito	0.76
m : número de mosquitos fêmeas por humano	1.01

Tabela 4.1: Parâmetros do Modelo Epidemiológico SIR+ASI

Para a obtenção dos dados de população humana e mortalidade, utilizamos o site do IBGE [9]. O último censo, realizado em 2022, forneceu diretamente os dados da população de Vitória da Conquista, bem como a quantidade de óbitos registrados naquele ano, sejam eles associados ou não a doença. Os dados sobre o número de mosquitos fêmeas por humano e a probabilidade de transmissão da doença foram obtidos a partir de [33]. Por fim, a informação referente à média de picadas de mosquitos foi extraída de [35]. Os dados

iniciais utilizados estão apresentados na Tabela [4.2](#)

Descrição	Notação	Valores
Individuos Suscetíveis	S_h	370,378
Individuos Infectados	I_h	500
Individuos Recuperados	R_h	0
População Total de Mosquitos na fase aquatica	A_m	1,761,670
Mosquitos Suscetíveis	S_m	0
Mosquitos Infectados	I_m	375,000

Tabela 4.2: Tabela dos compartimentos

Em todos os cenários simulados, levamos em consideração os dados obtidos do município de Vitória da Conquista, Bahia. Utilizamos o LIRAA para determinar a quantidade de larvas por humano, exceto no terceiro e quarto cenário, e além disso utilizamos a série de temperatura, fornecida pela Estação Meteorológica da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) referente ao ano de 2023. Essa série foi utilizada para ajustar os dados de mortalidade do mosquito, oviposição e a taxa de maturação do mosquito.

Para que ocorresse esse ajuste de dados, realizamos um estudo do Método de Mínimos Quadrados utilizando as Tabelas [3.1](#), [3.2](#), [3.3](#) e [3.4](#), presentes no anexo, para obtenção dos polinômios que utilizamos. A partir desses polinômios, e da série de temperatura conseguimos ajustar o nosso modelo para que os dados de mortalidade do mosquito, oviposição e a taxa de maturação do mosquito fossem calculados dia a dia utilizando como parâmetro a temperatura diária fornecida.

O primeiro cenário foi pensando para que o modelo seguisse os dados reais de Vitória da Conquista, e analisarmos após o avanço da doença nesse período. Em contrapartida, os outros cenários foram pensados para que a partir de ajustes em dados específicos o R_0 tivesse uma maior variação e assim conseguirmos analisar como a doença se comportaria nesses casos, e juntamente a isso analisar a quantidade de infectados e recuperados. O algoritmo que iremos utilizar nas simulações é apresentado a seguir.

Algoritmo 1: Método de Runge-Kutta de quarta ordem aplicado ao modelo epidemiológico SIR+ASI

- 1 Tome um passo de tempo $\Delta t > 0$, um tempo total $T > 0$ e as condições iniciais $S_h(0), I_h(0), R_h(0), S_m(0), I_m(0), A_m(0)$.
- 2 Defina os parâmetros do modelo: $\beta_{mh}, \beta_{hm}, \eta_h, \mu_h$ e k .
- 3 Faça $t := 0$.
- 4 Se $t < T$, calcule μ_m, φ, η_A e μ_A utilizando as funções de temperatura.
- 5 Calcule as inclinações de Runge-Kutta de 4^a ordem:

$$k_1 = f(t, X_t), \quad (4.1)$$

$$k_2 = f\left(t + \frac{\Delta t}{2}, X_t + \frac{\Delta t}{2}k_1\right), \quad (4.2)$$

$$k_3 = f\left(t + \frac{\Delta t}{2}, X_t + \frac{\Delta t}{2}k_2\right), \quad (4.3)$$

$$k_4 = f(t + \Delta t, X_t + \Delta tk_3). \quad (4.4)$$

- 6 Atualize os estados do modelo:

$$X_{t+\Delta t} = X_t + \frac{\Delta t}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4). \quad (4.5)$$

- 7 Armazene os valores de $S_h, I_h, R_h, S_m, I_m, A_m$ para análise.
 - 8 Atualize o tempo: $t \leftarrow t + \Delta t$ e retorne ao **passo 4**.
-

O algoritmo implementa o método de Runge-Kutta de quarta ordem para a simulação do modelo epidemiológico SIR+ASI, permitindo analisar a propagação da dengue considerando as interações entre humanos e mosquitos. Os **passos 1, 2 e 3** estão relacionados à escolha dos parâmetros para a simulação, enquanto o **passo 4** do Algoritmo [1](#) define o critério de parada. Por fim, os **passos 6 e 7** são responsáveis pela atualização dos parâmetros de aproximação do sistema, garantindo a variação das variáveis ao longo do tempo.

4.1 Primeiro cenário

A primeira simulação foi realizada com os dados obtidos do município de Vitória da Conquista, Bahia. O LIRAA foi utilizado para determinar a quantidade de larvas por humano. Além disso, a Estação Meteriológica da Universidade Estadual do Sudoeste da

Bahia (UESB) forneceu uma série temporal de temperaturas referentes ao ano de 2023.

Nesse cenário, foram analisadas as soluções do sistema, Figura 4.2, e o R_0 diário, Figura 4.1. Como não ocorre $R_0 > 1$, é possível observar um pico inicial de infectados, seguido por uma redução gradual no número de casos ao longo dos dias. Além disso, percebe-se que a população de recuperados se estabilizou e tornou-se quase constante, enquanto a de suscetíveis apresentou uma queda inicial, retornando posteriormente a valores próximos dos iniciais.

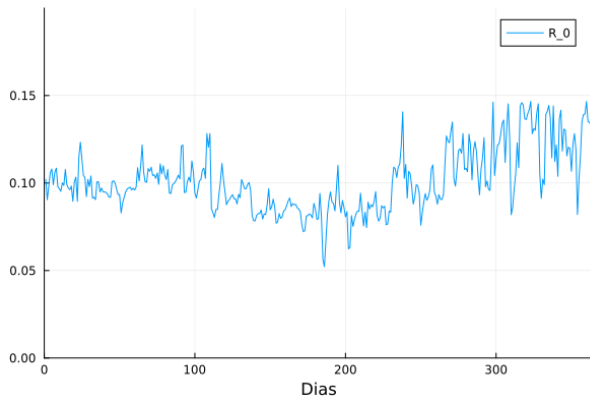


Figura 4.1: Cálculo do R_0 diário

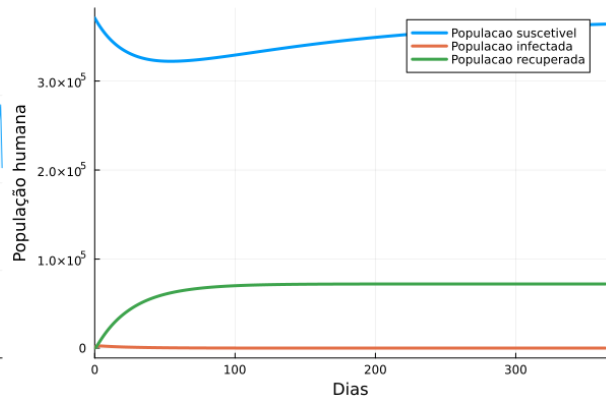


Figura 4.2: Solução do sistema de EDO's

4.2 Segundo cenário

O segundo cenário se diferenciou em relação ao primeiro na probabilidade de transmissão da doença do mosquito para o humano, que foi aumentada de 0.01 para 0.1. Novamente, foram analisadas as soluções do sistema, Figura 4.4, e o R_0 diário, Figura 4.3, no cenário considerado. Como esperado, o R_0 apresentou variações superiores em comparação ao cenário anterior. É possível observar que as principais variações diárias ocorreram no final do ano, devido às temperaturas mais elevadas do verão. Ainda assim, como o R_0 não ultrapassou o valor de 1, a doença tende a se estabilizar e não evoluir.

Os casos de infectados apresentaram um pico inicial, seguido por uma nova queda. A população de recuperados atingiu um volume consideravelmente maior do que no cenário anterior, mas, após o pico inicial, estabilizou-se e tornou-se quase constante. A população de suscetíveis, assim como no primeiro caso, apresentou uma queda inicial e, em seguida, retornou gradualmente aos números próximos dos iniciais.

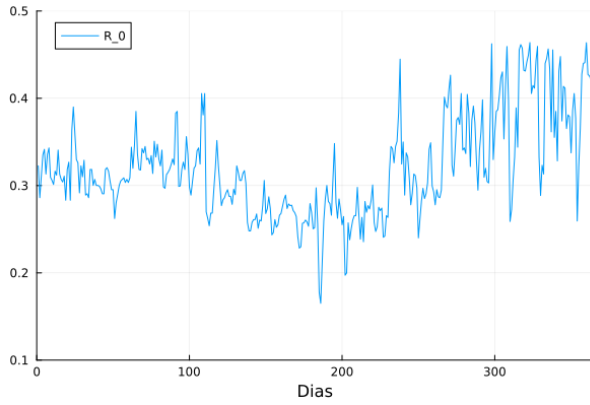


Figura 4.3: Cálculo do R_0 diário

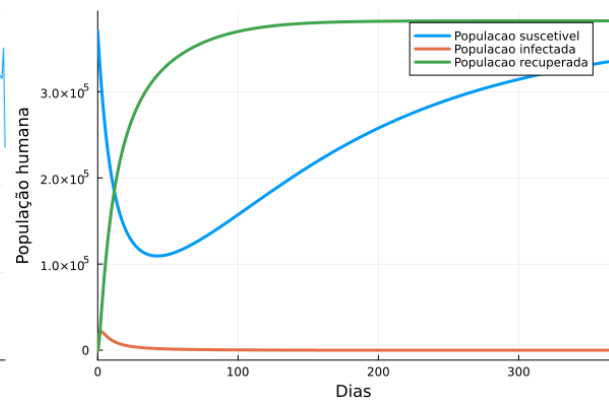


Figura 4.4: Solução do sistema de EDO's

4.3 Terceiro cenário

A terceira simulação se diferenciou na quantidade inicial de ovos, que, ao invés de ser calculada com base no LIRAA, foi fixada em um valor cinco vezes maior. Foram analisadas as soluções do sistema, Figura 4.6, e o R_0 diário, Figura 4.5, no cenário considerado. Como esperado, o R_0 apresentou variações superiores em relação ao primeiro cenário. Apesar disso, o comportamento geral do sistema manteve-se bastante similar. Observou-se uma variação vertical na população de recuperados em comparação com o cenário anterior, mas, após essa variação, a população de recuperados estabilizou-se e tornou-se quase constante.

A população de infectados continuou em queda ao longo do tempo, enquanto a de suscetíveis apresentou uma pequena queda inicial, retornando posteriormente aos números próximos dos iniciais.

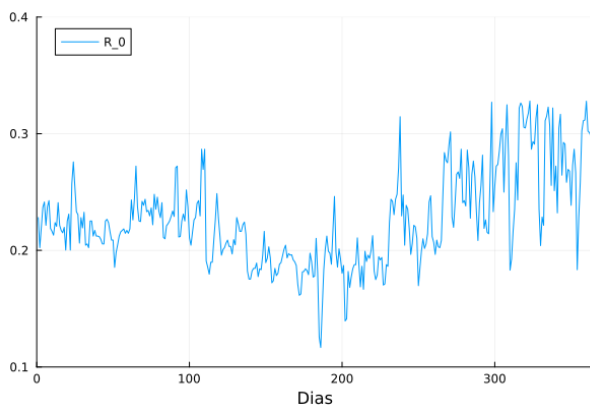


Figura 4.5: Cálculo do R_0 diário

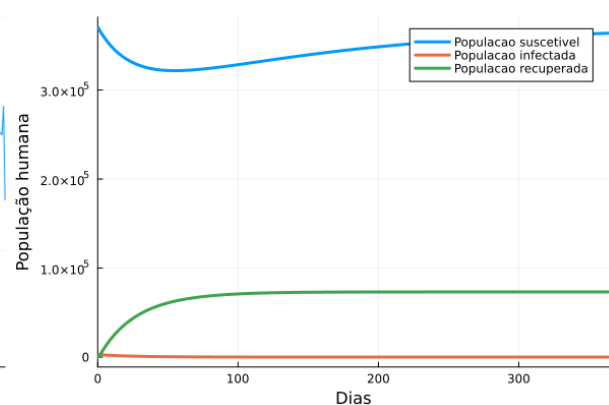


Figura 4.6: Solução do sistema de EDO's

4.4 Quarto cenário

A quarta e última simulação foi realizada alterando o número inicial de ovos e a probabilidade de transmissão do mosquito para humano. Analisamos as soluções do sistema, Figura 4.8, e o R_0 diário, Figura 4.7, no cenário considerado. O R_0 aumentou significativamente, mas permaneceu abaixo de 1, indicando que a epidemia não se sustentou no longo prazo. Os casos de recuperados tiveram um crescimento rápido inicialmente, mas posteriormente se estabilizaram. O número de infectados atingiu um pico e, em seguida, entrou em queda contínua. Já o número de suscetíveis sofreu uma pequena redução inicial, estabilizando-se logo após e começando a retornar aos valores próximos do inicial.

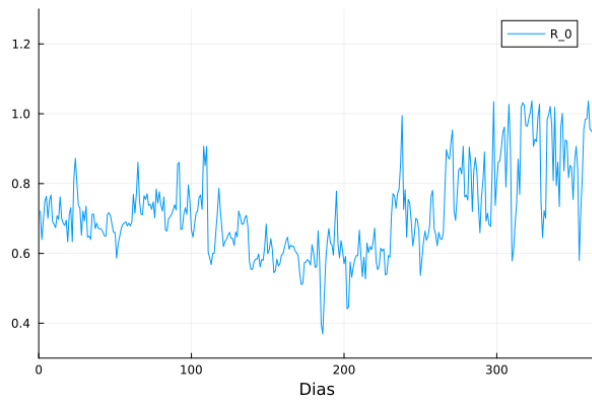


Figura 4.7: Cálculo do R_0 diário

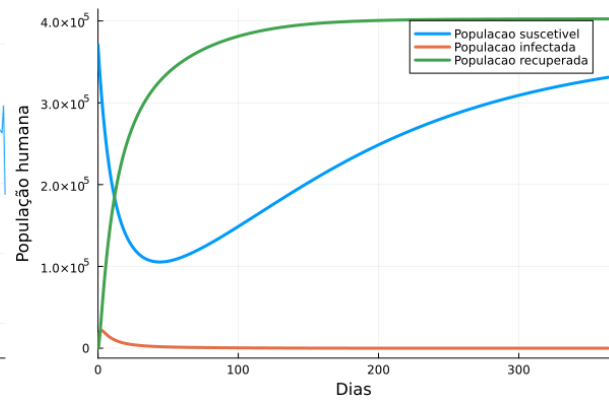


Figura 4.8: Solução do sistema de EDO's

Capítulo 5

Conclusão

Neste trabalho, desenvolvemos um modelo matemático para descrever a propagação da doença da dengue em Vitória da Conquista, Bahia. Levamos em consideração a influência da temperatura na dinâmica do *Aedes Aegypti*. A modelagem foi realizada com Equações Diferenciais para representar os compartimentos epidemiológicos e aplicamos métodos numéricos para simular diferentes cenários.

Os resultados das simulações indicaram que a temperatura influencia diretamente o Número Básico de Reprodução, R_0 afetando o risco epidemiológico. As análises demonstraram que um aumento na temperatura média favorece a reprodução e longevidade do mosquito vetor, resultando em um cenário com maiores chances de se tornar epidêmico. A utilização da série de temperaturas fornecida pela Estação Meteorológica da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) permitindo uma modelagem sensível aos efeitos climáticos na dinâmica da população do vetor.

O aumento da temperatura acelera o ciclo de vida do *Aedes aegypti*, aumentando sua taxa de reprodução e elevando o risco de surtos epidêmicos. Além disso, as simulações revelaram que pequenas variações nos valores iniciais, como a quantidade de ovos depositados, impactam significativamente, R_0 , evidenciando a sensibilidade do modelo a fatores ambientais. Observou-se também que, em temperaturas mais baixas, R_0 tende a se aproximar de valores críticos para a erradicação da doença, sugerindo que estratégias de controle devem ser intensificadas nos períodos mais quentes.

Um dos principais desafios encontrados ao longo deste estudo foi a obtenção de dados epidemiológicos confiáveis. Não há um banco de dados estruturado para o acompanhamento da dengue, e os dados divulgados são superficiais. Por exemplo, o acompanhamento de casos não segue um período regular de divulgação: em 2022, os dados foram publicados apenas duas vezes. Além disso, informações importantes, como os resultados do Levantamento Rápido de Índices para *Aedes Aegypti* (LIRAA), são divulgadas de forma irregular e com poucos detalhes, dificultando uma análise mais precisa da relação entre os índices larvários e a propagação da doença.

Diante desse cenário, trabalhos futuros podem explorar melhorias na coleta e orga-

nização de dados epidemiológicos, com o objetivo de aprimorar a modelagem e a precisão das previsões. Outro aspecto relevante a ser investigado é o impacto da vacinação na dinâmica da doença. Uma abordagem futura poderia avaliar diferentes taxas de cobertura vacinal para prever seus efeitos na transmissão da dengue. Além disso, um aspecto que merece atenção é a dependência espacial da propagação da doença, que pode ser analisada por meio de Equações Diferenciais Parciais (EDPs). Dessa forma, seria possível expandir o modelo para abranger uma área geográfica mais ampla, incluindo municípios vizinhos e cidades litorâneas, que frequentemente apresentam maior incidência da doença.

Em suma, este estudo contribuiu para a compreensão da dinâmica da dengue e reforça a importância da modelagem matemática. A integração de modelos epidemiológicos com fatores ambientais pode fornecer previsões mais realistas, auxiliando na implementação de estratégias preventivas eficazes.

Referências Bibliográficas

- [1] N. C. Achaiah, S. B. Subbarajasetty, and R. M. Shetty. R0 and re of covid-19: can we predict when the pandemic outbreak will be contained? *Indian journal of critical care medicine: peer-reviewed, official publication of Indian Society of Critical Care Medicine*, 24(11):1125, 2020.
- [2] F. Augusto and S. Lenhart. Optimal control of the spread of malaria superinfectivity. *Journal of Biological Systems*, 21(04):1340002, 2013.
- [3] M. P. Amorim. Modelos matemáticos e computacionais da dengue via equações diferenciais ordinárias com estratégias de controle. Dissertação de mestrado, Universidade Federal Fluminense, Volta Redonda, Brasil, 2020.
- [4] K. Atkinson, W. Han, and D. E. Stewart. *Numerical solution of ordinary differential equations*, volume 81. John Wiley & Sons, 2009.
- [5] R. L. Burden, J. D. Faires, and A. M. Burden. *Análise numérica*. Cengage Learning, 2016.
- [6] E. M. C. Cavalcante. Aplicação do modelo sis: Estudo de um surto de meningite meningocócica na cidade de caruaru. In *XXXVII Encontro Nacional de Engenharia de Produção*, Joinville, SC, Brasil, 2017. Disponível em: https://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/manual_liraa_2013.pdf.
- [7] Centro de Vigilância Epidemiológica. Informações sobre dengue, March 2021. Disponível em: https://www.saude.sp.gov.br/recursos/cve-centro-de-vigilancia-epidemiologica/areas-de-vigilancia/doencas-de-transmissao-por-vetores-e-zoonoses/doc/dengue/dengue_inf2103.htm.
- [8] M. da Saúde do Brasil. Manual para o levantamento rápido de Índices para aedes aegypti (liraa), 2013. Disponível em: https://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/manual_liraa_2013.pdf.

- [9] I. B. de Geografia e Estatística (IBGE). Vitória da conquista: Panorama. IBGE Cidades, 2024. Disponível em: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/ba/vitoria-da-conquista/pesquisa/20/29767>.
- [10] P. M. de Vitória da Conquista. Liraa 2024.1 – período de 19 a 26 de fevereiro de 2024. Technical report, Prefeitura Municipal de Vitória da Conquista, Vitória da Conquista, BA, Brasil, 2024. Relatório técnico, acessado em 04 de fevereiro de 2025.
- [11] C. for Disease Control and P. (CDC). Dengue - about dengue. Technical report, 2024. Disponível em: <https://www.cdc.gov/dengue/about/index.html>.
- [12] G1 Bem Estar. País teve 1,6 milhão de casos de dengue em 2015, 2016. Disponível em: <https://g1.globo.com/bemestar/noticia/2016/01/pais-teve-16-milhao-de-casos-de-dengue-em-2015.html>.
- [13] G1 Ciência e Saúde. Brasil teve aumento de 488% nos casos de dengue em 2019, 2020. Disponível em: <https://g1.globo.com/ciencia-e-saude/noticia/2020/01/13/brasil-teve-aumento-de-488percent-nos-casos-de-dengue-em-2019.ghtml>.
- [14] D. J. Gubler. Dengue and dengue hemorrhagic fever. *Clinical microbiology reviews*, 11(3):480–496, 1998.
- [15] Instituto Evandro Chagas. Dengue - Informação Técnica e Científica, 2024. Disponível em: <https://patua.iec.gov.br/items/26b9868e-6a72-4570-9ccd-69cb2b255d04>.
- [16] W. O. Kermack and A. G. McKendrick. 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*, 115(772):700–721, 1927.
- [17] Ministério da Saúde. *A Sociedade contra a Dengue*. Série B. Textos Básicos de Saúde. Ministério da Saúde, Brasília, DF, 1 edition, 2002. Disponível em: Ministério da Saúde.
- [18] Ministério da Saúde. Informe epidemiológico da dengue – janeiro a junho de 2008. Relatório técnico, Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Brasília, DF, 2008. Disponível em: www.saude.gov.br/svs. Acesso em: 20 de setembro de 2024.
- [19] Ministério da Saúde. Dengue - Saúde de A a Z, 2024. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/d/dengue>.
- [20] Ministério da Saúde. Ministério da saúde elabora plano para enfrentamento da dengue 2024/2025, 2024. Disponível em: <https://bvsms.saude.gov.br/ministerio-da-saude-elabora-plano-para-enfrentamento-da-dengue-2024-2025/>.

- [21] J. D. Ndacherenga. Modelos matemáticos no estudo da malária. Master's thesis, Universidade do Porto (Portugal), 2019.
- [22] C. H. Osanai, A. P. A. T. da Rosa, A. T. Tang, R. S. do Amaral, A. D. C. Passos, and P. L. Tauil. Surto de dengue em boa vista, roraima. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 25(1):53–54, jan/feb 1983.
- [23] D. B. Prates and C. L. T. F. Jardim. Modelagem matemática do modelo sirs aplicado à influenza a(h1n1). *Revista de Matemática e Estatística*, 31(1):45–58, 2013. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/286929161_Modelagem_matematica_do_modelo_SIRS_aplicado_a_Influenza_AH1N1.
- [24] M. A. G. Ruggiero and V. L. da Rocha Lopes. *Cálculo numérico: aspectos teóricos e computacionais*. Pearson/Makron, 1998.
- [25] J. Sotomayor. *Equações diferenciais ordinárias*. 2^a ed. Rio de Janeiro: Projeto Euclides, IMPA, 1979, 2011.
- [26] J. C. Strikwerda. *Finite difference schemes and partial differential equations*. SIAM, 2004.
- [27] M. Thrusfield. *Veterinary Epidemiology*. Blackwell Science, 2007.
- [28] M. Turner, S. Lenhart, B. Rosenthal, and X. Zhao. Modeling effective transmission pathways and control of the world's most successful parasite. *Theoretical population biology*, 86:50–61, 2013.
- [29] UOL Vestibular. Brasil tem novo surto de dengue; sp concentra a maioria dos casos, 2024. Disponível em: <https://vestibular.uol.com.br/resumo-das-disciplinas/atualidades/brasil-tem-novo-surto-de-dengue-sp-concentra-a-maioria-dos-casos.htm>.
- [30] P. Van den Driessche and J. Watmough. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical biosciences*, 180(1-2):29–48, 2002.
- [31] K.-L. Wang. New solitary wave solutions and dynamical behaviors of the nonlinear fractional Zakharov system. *Qualitative Theory of Dynamical Systems*, 23(3):1–20, 2024.
- [32] H. M. Yang, J. L. Boldrini, A. C. Fassoni, L. F. S. Freitas, M. C. Gomez, K. K. B. d. Lima, V. R. Andrade, and A. R. R. Freitas. Fitting the incidence data from the city of campinas, brazil, based on dengue transmission modellings considering time-dependent entomological parameters. *PloS one*, 11(3):e0152186, 2016.

- [33] H. M. Yang and C. P. Ferreira. Assessing the effects of vector control on dengue transmission. *Applied Mathematics and Computation*, 198:401–413, 2008.
- [34] H. M. Yang, M. L. G. Macoris, K. C. Galvani, M. T. M. Andrighetti, and D. M. V. Wanderley. Assessing the effects of temperature on the population of aedes aegypti, the vector of dengue. *Epidemiology and Infection*, 137:1188–1202, 2009.
- [35] M. H. Zahid, H. V. Wyk, A. C. Morrison, J. Coloma, G. O. Lee, V. Cevallos, P. Ponce, and J. N. S. Eisenberg. The biting rate of aedes aegypti and its variability: A systematic review (1970–2022). *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 17(8):e0010831, 2023.