

UNIVERSIDADE DO ESTADO DO AMAZONAS  
CENTRO DE ESTUDOS SUPERIORES DE TABATINGA  
LICENCIATURA EM MATEMÁTICA

ALÍCIA MICHELY SILVA DE SOUZA

MODELAGEM MATEMÁTICA E EPIDEMIOLOGIA - UM ESTUDO SOBRE AS  
ADAPTAÇÕES DO MODELO LOGÍSTICO PARA APLICAÇÕES  
EPIDEMIOLÓGICAS

Tabatinga – AM  
2021

ALÍCIA MICHELY SILVA DE SOUZA

MODELAGEM MATEMÁTICA E EPIDEMIOLOGIA - UM ESTUDO SOBRE AS  
ADAPTAÇÕES DO MODELO LOGÍSTICO PARA APLICAÇÕES  
EPIDEMIOLÓGICAS

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado para a obtenção de nota parcial na disciplina de Trabalho de Conclusão de Curso 2, ministrada pela Prof.<sup>a</sup> Ma. Karem Keyth de Oliveira Marinho, do curso de Licenciatura em Matemática do Centro de Estudos Superiores de Tabatinga da Universidade do Estado do Amazonas.

Orientador: Prof. Esp. Zequias Ribeiro Montalvam Filho

Tabatinga – AM  
2021

## Ficha Catalográfica

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).  
**Sistema Integrado de Bibliotecas da Universidade do Estado do Amazonas.**

S729m Souza, Alicia Michely Silva de  
Modelagem matemática e epidemiologia - um estudo sobre as adaptações do modelo logístico para aplicações epidemiológicas / Alicia Michely Silva de Souza. Manaus : [s.n], 2021.  
23 f.: il.; 30 cm.

TCC - Graduação em Matemática - Licenciatura - Universidade do Estado do Amazonas, Manaus, 2021.  
Inclui bibliografia  
Orientador: Montalvam Filho, Zequias Ribeiro

1. Modelagem matemática. 2. Modelo logístico. 3. Epidemiologia. I. Montalvam Filho, Zequias Ribeiro (Orient.). II. Universidade do Estado do Amazonas. III. Modelagem matemática e epidemiologia - um estudo sobre as adaptações do modelo logístico para aplicações epidemiológicas

**Elaborado por Jeane Macelino Galves - CRB-11/463**

ALÍCIA MICHELY SILVA DE SOUZA

MODELAGEM MATEMÁTICA E EPIDEMIOLOGIA - UM ESTUDO SOBRE AS  
ADAPTAÇÕES DO MODELO LOGÍSTICO PARA APLICAÇÕES  
EPIDEMIOLÓGICAS

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado para a obtenção de nota parcial na disciplina de Trabalho de Conclusão de Curso 2, ministrada pela Prof.<sup>a</sup> Ma. Karem Keyth de Oliveira Marinho, do curso de Licenciatura em Matemática do Centro de Estudos Superiores de Tabatinga da Universidade do Estado do Amazonas.

Data de aprovação: 11 de agosto de 2021

Prof. Esp. Zequias Ribeiro Montalvam Filho – Orientador (CSTB/UEA)

Prof. Me. Edfram Rodrigues Pereira – Membro Interno (CSTB/UEA)

Prof. Esp. Rainey Ferreira do Nascimento – Membro Interno (CSTB/UEA)

## RESUMO

Neste trabalho apresentamos um breve estudo acerca dos modelos epidemiológicos partindo da suposição de que estes derivam da adaptação da equação logística de Verhulst. No intuito de entender o processo de formulação dos modelos matemáticos que protagonizam as pesquisas epidemiológicas e o controle de doenças, e de enfatizar a importância da modelagem matemática nas mais diversas áreas da atuação humana, buscamos desenvolver o contexto de criação dos modelos de crescimento populacional e descrever, partindo da análise deste estudo, as adaptações que estes modelos sofreram para serem utilizados com os fins atuais. O modelo epidemiológico utilizado como base de estudo foi o modelo epidemiológico SI (suscetível-infectado) com conservação da população total subdividindo-se em modelo SI sem dinâmica vital e com dinâmica vital. Por fim concluímos com a argumentação e descrição das adaptações observadas nas formulações.

**Palavras-Chave:** Modelagem Matemática. Modelo Logístico. Epidemiologia.

## **ABSTRACT**

In this paper, we present a brief study of epidemiological models based on the assumption that they derive from the adaptation of the Verhulst logistic equation. In order to understand the process of formulating mathematical models that play a leading role in epidemiological research and disease control, and to emphasize the importance of mathematical modeling in the most diverse areas of human activity, we seek to develop the context for creating population growth models and to describe, based on the analysis of this study, the adaptations that these models have undergone to be used for current purposes. The epidemiological model used as the basis for the study was the SI epidemiological model (susceptible-infected) with conservation of the total population subdivided into an SI model without vital dynamics and with vital dynamics. Finally, we conclude with the argumentation and description of the adaptations observed in the formulations.

**Keywords:** Mathematical Modeling. Logistic Model. Epidemiology.

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>7</b>
<b>2</b>	<b>FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....</b>	<b>8</b>
<b>2.1</b>	<b>Modelagem Matemática .....</b>	<b>8</b>
<b>2.2</b>	<b>Epidemiologia.....</b>	<b>9</b>
<b>3</b>	<b>A EQUAÇÃO LOGÍSTICA: FORMULAÇÃO .....</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>A FORMULAÇÃO DE UM MODELO EPIDEMIOLÓGICO – O MODELO SI .....</b>	<b>13</b>
<b>5</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÕES.....</b>	<b>17</b>
<b>6</b>	<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS .....</b>	<b>19</b>
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>21</b>

## 1 INTRODUÇÃO

Ao longo da história da humanidade a propagação epidêmica de doenças infecciosas tem sido um dos fatores de causa de morte mais preocupantes para a sociedade. A peste negra foi, por exemplo, uma das maiores epidemias já registradas, saindo da China e se alastrando pela Europa no século XIV e matando cerca de um terço de sua população. Outras doenças como a varíola, gripe, sarampo, também foram registradas na Europa e trouxeram muitas mortes. (LUIZ, 2012, p. 12).

A necessidade de compreender a proliferação de doenças e amenizar seus efeitos, fez surgir a Epidemiologia Matemática, que propõe modelos matemáticos capazes de ajudar no controle dessas doenças. (ALVARENGA, 2008, p. 2).

Desde a criação do Cálculo Diferencial, a forma como foi moldado e desenvolvido em consonância com a Modelagem Matemática trouxe contribuições significativas que abrangem as mais diversas áreas das atividades humanas, como a física, biologia, engenharia, e até a área da saúde que é para a qual este trabalho está tecnicamente voltado. A motivação de explorar esse campo nasceu da perspectiva de que a presença das equações diferenciais em modelos matemáticos de Epidemiologia são de excelente contribuição para a compreensão da evolução de uma doença por contágio e fornecimento de dados que ajudam no seu controle. Partindo dessa visão, surge ainda a disposição de compreender o processo de construção desses modelos, tendo em vista o curso histórico de necessidades que surgiram na humanidade e de como a própria matemática colaborou para sanar, ainda que minimamente, essas necessidades.

Foi refletindo sobre o processo gradual e histórico da Epidemiologia, sabendo que a Modelagem Matemática de Equações Diferenciais foram e ainda são o cerne de sua compreensão e em especial os modelos de crescimento populacional, que se chegou ao seguinte questionamento: como os modelos de crescimento populacional foram adaptados para o estudo de epidemias? Para responder à nossa problemática fizemos um estudo acerca da formulação do modelo de crescimento populacional e sua evolução até chegar à ser adaptado para atender às demandas da Epidemiologia. Considerando, os vários modelos epidemiológicos existentes na área, nos restringimos neste estudo ao modelo SI (Suscetível-Infetado), e concluímos nosso estudo com a descrição evolutiva do modelo de crescimento populacional para o estudo de epidemias.



## 2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

### 2.1 Modelagem Matemática

A modelagem matemática não é algo novo. Surgiu durante o Renascimento, quando as primeiras ideias da Física foram construídas e apresentadas sob linguagem e tratamento matemático, porém data-se que em 530 a. C, Pitágoras já fazia uso dessa prática, assim como há registros de que cientistas como Einstein (1879 - 1955) e Willian Harvey (1578 - 1657) também utilizaram desta ferramenta em suas pesquisas (RAMON, 2011, p. 7).

Segundo Bassanezi (2002, p. 16 apud RAMON, 2011, p. 8), "a modelagem matemática é a arte de transformar problemas da realidade e resolvê-los, interpretando suas soluções na linguagem do mundo real". E de acordo com Ramon (2011),

[...], além de uma alternativa de ensino, é também uma metodologia de pesquisa que permite modelar diversas situações do cotidiano, como por exemplo, os mecanismos que controlam a dinâmica de populações, ou problemas ligados a ecologia, a neurologia, a genética, epidemiologias e os processos psicológicos, dentre outros. (RAMON, 2011, p. 8).

Ao conjunto de símbolos e relações matemáticas que traduzem um fenômeno ou um problema real dá-se o nome de Modelo Matemático (BIEMBENGUT, 1997, p. 89 apud RAMON, 2011, p. 10).

Para a construção de um Modelo, Biembengut (2003 apud CHAVECO, 2018, p. 40) define algumas etapas a serem cumpridas, sendo elas: a **interação** com o problema, ou melhor dizendo, o primeiro contato e a familiarização com a situação problema. Logo após vem a **matematização**, que consiste em escrever o problema em linguagem matemática a fim de resolvê-lo. E por fim, chega-se à etapa do **modelo matemático**, onde se verifica sua validação e confiabilidade para ser utilizado, isto é, se o resultado condiz com a realidade, se assim não for será necessário retornar à segunda etapa para melhor adequá-lo.

Existem várias publicações relatando experiências bem-sucedidas do uso da modelagem matemática. Dentre eles destacam-se Biembengut & Hein, 2000; Matos & Carreira, 1996; Monteiro & Pompeu Jr., 2001; Bassanezi, 2002. Também é possível perceber o número crescente de artigos acadêmicos publicados nessa área. Um que merece destaque refere-se ao trabalho publicado por à Epidemiologia da Transmissão da Dengue escrito Yang (2003) onde descreve a transmissão do vírus da dengue na população humana através de modelo matemático. Ainda temos trabalhos publicados por Poli & Yang (2006) referente ao Modelo Matemático Aplicado para Imunologia de HIV cujo um modelo simples que descreve a interação do vírus HIV com o sistema imunológico. Também temos o estudo Modelagem

Matemática e Análise Quantitativa da Otimização dos Esquemas de Tratamentos da AIDS cujos autores são Caetano & Yoneyama. (RAMON, 2011, p. 9).

Logo, é inegável a contribuição da Modelagem Matemática nas mais diversas áreas de conhecimento e investigação científica.

## 2.2 Epidemiologia

Define-se como epidemia, a ocorrência súbita de uma doença, especialmente infecciosa, em um número elevado de pessoas e/ou ainda, o restritivo aparecimento não contínuo de uma doença infecciosa contagiosa, a qual rapidamente se difunde (FERREIRA, 2006, p. 368).

Temos ao longo da história o registro de diversas epidemias juntamente de suas consequências que são majoritariamente o elevado número de mortes. Pesquisas como a de Ramon (2011, p. 35) apontam que,

[...] a peste negra [por exemplo] teve três grandes manifestações na história: entre 1347 e 1350 matou quase que um quarto de toda a população da Europa. Já por volta de 1665, mais de 68 mil pessoas morreram de peste bubônica em Londres. Em 1520, os Astecas perderam três quartos de sua população devido à varíola (RAMON, 2011, p. 35).

Farias (2017, p. 9) também destaca em sua dissertação de mestrado que “outra epidemia que causou milhões de mortes, foi a epidemia mundial da gripe, em que morreram cerca de 20 milhões de pessoas”.

O fato dessas doenças existirem e trazerem consequências tão desastrosas, gerou a necessidade de compreendê-las, caracterizando-as em tipos e identificando os fatores causadores no intuito de controlar as epidemias (LUIZ, 2012, p. 12). Dessa forma nasce a Epidemiologia.

Segundo Silva (2018, p. 3), Epidemiologia significa:

[...] estudo sobre população, sendo considerada uma ciência que estuda de forma quantitativa os fenômenos de doenças nas populações humanas, considerando os fatores determinantes e que condicionam as doenças, dessa maneira estuda a natureza, as causas, o controle, a frequência e o padrão dos eventos que envolvem o processo saúde-doença em uma dada população.

Silva (2018) ainda ressalta em sua pesquisa que

Devido a importância desse assunto, surgiu dentro dessa ciência uma área denominada **Epidemiologia Matemática**, em que vários pesquisadores veem desenvolvendo estudos e **modelos matemáticos** que descrevam as epidemias, de forma a contribuir para compreensão e controle das doenças-infecciosas (SILVA, 2018, p. 3, grifo nosso).

O primeiro registro desse estudo (Epidemiologia) está na obra de Hipócrates (458-377 a. C), nomeada como Epidemia de Hipócrates onde o mesmo faz uma análise da doença, relacionando o indivíduo com o ambiente. Mas se tratando de usar a matemática para estudo e compreensão de doenças, Daniel Bernoulli (1700-1782) foi o primeiro a contribuir, ao lançar em 1760 a obra “Teste de uma nova análise da mortalidade causada pela varíola, e vantagens da inoculação para preveni-la”, onde é feita uma análise da mortalidade causada pela varíola e dos benefícios da inoculação<sup>1</sup> para prevenir a doença. (SILVA, 2018, p. 6).

O economista Thomas Robert Malthus (1766- 1834) foi o primeiro a usar **modelos matemáticos** para a compreensão de processos ao publicar em 1798 o livro “Um ensaio sobre o princípio da população na medida em que afeta o melhoramento futuro da sociedade, com notas sobre especulação de Mr. Godwin, M. Condorcet e outros escritores”. 110 anos depois os cientistas W. H. Hamer e Sir Ronald Ross investigaram a transmissão de doenças infecciosas a partir de simples modelos matemáticos. (SILVA, 2018, p. 6).

### 3 A EQUAÇÃO LOGÍSTICA: FORMULAÇÃO

Antes de chegarmos de fato à formulação do modelo logístico, passaremos brevemente pelo seu estopim: a construção de modelos de crescimento populacional. Como já citado aqui anteriormente, Malthus foi o primeiro a usar de modelos matemáticos para compreender processos e neste seu estudo acerca do crescimento populacional e meios de subsistências, ele afirma que as populações crescem em progressão geométrica, e em um número indefinidamente maior do que a capacidade da terra de produzir sustento (MALTHUS, 1996 apud ALVES, 2019).

Stewart (2009, p. 537) apresenta em seu livro esta equação proposta por Malthus também conhecida como Lei do Crescimento Natural dada da seguinte forma:

$$\frac{dP}{dt} = kP \quad (1)$$

---

<sup>1</sup> Se tratando de saúde, é ato de introduzir em um organismo uma vacina, soro, etc. (FERREIRA, 2005, p. 504)

Onde:

**P** = número de indivíduos da população (a variável dependente)

**t** = tempo (a variável independente)

A taxa de crescimento da população é a derivada **dP/dt**.

E **k** é a constante de proporcionalidade.

Disso entende-se, portanto, que a razão da variação da população (P) e a variação do tempo (t) é diretamente proporcional a população atual. Sendo **k** uma constante de proporcionalidade que é positiva quando a população cresce e negativa quando a população decresce (ALVES, 2019, p. 11).

Sobre isto vale a ressalva dada ainda por Stewart (2009, p. 538) de que a equação (1) é apropriada para modelagem de crescimento populacionais em condições ideais, isto é, sem limitações de recursos, em que os fatores naturais não interferem no crescimento da população, que só cresce exponencialmente sem parar.

[...] devemos reconhecer que um modelo mais realista deveria refletir o fato de que um dado ambiente tem recursos limitados. Muitas populações começam crescendo exponencialmente, porém o nível da população se estabiliza quando ela se aproxima de sua capacidade de suporte K (ou diminui em direção a K se ela excede o valor de K) (STEWART, 2009, p. 538).

Considerando então esses casos para um modelo, existem duas hipóteses:

- i.  $\frac{dP}{dt} \approx kP$  se P for pequeno (a taxa de crescimento é proporcional a P, inicialmente)
- ii.  $\frac{dP}{dt} < 0$  se  $P > k$  (P diminui se exceder k)

E o modelo que abrange essas duas hipóteses é descrito da seguinte forma:

$$\frac{dP}{dt} = kP \left(1 - \frac{P}{K}\right) \quad (2)$$

Esta é, portanto, a chamada **equação diferencial logística**, que foi proposta pelo matemático e biólogo holandês Pierre-François Verhulst na década de 1840 como um modelo para o crescimento populacional mundial. (STEWART, 2009, p. 538).

Nota-se que equação (2) é separável, logo podemos resolvê-la da seguinte maneira:

$$\int \frac{dP}{P(1 - P/K)} = \int k dt$$

Para resolver a integral do membro esquerdo escreve-se:

$$\frac{1}{P(1 - P/K)} = \frac{K}{P(K - P)}$$

Usando frações parciais, temos:

$$\frac{K}{P(K - P)} = \frac{1}{P} + \frac{1}{K - P}$$

Assim podemos reescrever a integral como sendo:

$$\int \left( \frac{1}{P} + \frac{1}{K - P} \right) dP = \int k dt$$

$$\ln|P| - \ln|K - P| = kt + C$$

$$\ln \left| \frac{K - P}{P} \right| = -kt - C$$

$$\left| \frac{K - P}{P} \right| = e^{-kt - C} = e^{-C} e^{-kt}$$

$$\frac{K - P}{P} = A e^{-kt} \quad (3)$$

Onde  $A = \pm e^{-C}$ . E se isolamos P na equação (3), temos:

$$\frac{K}{P} - 1 = A e^{-kt} \quad \rightarrow \quad \frac{P}{K} = \frac{1}{1 + A e^{-kt}}$$

$$P = \frac{K}{1 + A e^{-kt}}$$

Para encontrar o valor de A determinamos  $t = 0$  na equação (3). Se  $t = 0$ ,  $P = P_0$  (população inicial); logo:

$$\frac{K - P_0}{P_0} = A e^0 = A$$

Portanto a solução para a equação (2) é:

$$P(t) = \frac{K}{1 + A e^{-kt}} \quad \text{onde} \quad A = \frac{K - P_0}{P_0} \quad (4)$$

Esta equação descreve o comportamento de uma população que começa crescendo exponencialmente, mas que, ao alcançar ou se aproximar de um determinado ponto chamado de capacidade suporte, ela decresce e/ ou se estabiliza. Com certeza se adequa melhor à realidade já que considera a existência de fatores que podem influenciar no crescimento da população.

#### 4 A FORMULAÇÃO DE UM MODELO EPIDEMIOLÓGICO – O MODELO SI

Os modelos epidemiológicos, usados para descrever e controlar a propagação de doenças, são geralmente modelos compartimentais, isso significa que a população é dividida em grupos (compartimentos) diferentes, para compreender a variação ocorrida nela durante um determinado período de tempo, esses compartimentos acabam gerando um sistema, donde é possível observar e modelar a situação para prever e controlar casos futuros.

O modelo que vamos estudar agora possui apenas dois grupos: suscetível (S) e infectado (I), por isso é nomeado como *modelo SI*; é um modelo compartimental simples utilizado para casos de propagação de doenças como AIDS, herpes, etc. onde não existem indivíduos recuperados, uma vez infectados assim permanecem. (BRAUER, 2002 apud QUARTIERI, 2004).

Assim como há diversidade de modelos epidemiológicos, cada um desses modelos podem possuir ramificações que se adaptam de acordo com os dados da realidade que se deseja estudar. O modelo SI pode se subdividir, portanto, segundo Quartieri (2004), para os seguintes casos: Modelo SI com Conservação Total Da População (com e sem dinâmica vital); Modelo SI sem Conservação Total da População (com dinâmica vital incluindo morte induzida pela doença e taxas de mortalidade diferente da taxa de natalidade); e Modelo SI com capacidade de suporte.

Nesta seção veremos a formulação do Modelo SI Com Conservação Total da População (com e sem dinâmica vital), de acordo com o detalhamento feito por Quartieri (2004), em sua dissertação de mestrado.

Um modelo *sem dinâmica vital* não leva em consideração as mortes e os nascimentos que podem ocorrer durante o período de duração da doença na população, e já que a população total é conservada, ela é considerada constante, portanto, temos:

$$S(t) + I(t) = S_0 + I_0 = N \quad (1)$$

Onde:

$S(t)$  e  $I(t)$  são, respectivamente, o número de suscetíveis e infectados num determinado período do tempo  $t$ .

$S_0$  e  $I_0$  são as populações iniciais em  $t = 0$

E  $N$  é o tamanho fixo da população constante.

Para se chegar à formulação do modelo é preciso levar em consideração que, estando as populações  $S$  (suscetíveis) e  $I$  (infectados) misturadas homogeneamente, existe uma taxa de transferência de um grupo para o outro. Pensando logicamente, à medida que a taxa do grupo de indivíduos suscetíveis ( $S$ ) diminui, a de indivíduos infectados ( $I$ ) aumenta, fazendo com que a esta taxa seja proporcional ao produto do número de suscetíveis ( $S$ ) pelo número de infectados ( $I$ ).

O número  $\alpha$  é usado para representar o número de contatos entre os indivíduos infecciosos num determinado período de tempo. Evidenciando que o produto  $\alpha SI$  representa a taxa de transferência de um grupo para o outro, o seguinte sistema de equação é apresentado como modelo da situação:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI \quad (1.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI \quad (1.2)$$

Tomando como  $P(t)$  a soma  $P(t) = S(t) + I(t)$  e adicionando (1.1) com (1.2) temos:

$$\frac{d[P(t)]}{dt} = 0 \quad (1.3)$$

Vemos assim que a população se conserva, e que juntamente com a condição  $P(0) = S(0) + I(0) = N$ , tem como solução:

$$P(t) = S(t) + I(t) = N \quad (1.4)$$

De (1.4) temos  $S(t) = N - I(t)$  que substituído em (1.2), gera:

$$\frac{dI}{dt} = \alpha I (N - I) \quad (1.5)$$

Que juntamente com a condição inicial  $I(0)$ , gera:

$$I(t) = \frac{I_0 N}{I_0 + e^{(-N\alpha t)}(N - I_0)} \quad (1.6)$$

Através de da equação (1.6) pode-se obter o comportamento do número de infectados ( $I$ ), resolvendo analiticamente o problema de valor inicial. Já o comportamento dos suscetíveis ( $S$ ) é possível acompanhar a partir da junção de (1.6) com (1.4) que gera:

$$S(t) = \frac{S_0 N}{(N - I_0)e^{(Nat)} + S_0} \quad (1.7)$$

Acompanhamos então a formulação do modelo SI com conservação total da população *sem dinâmica vital*. Dando continuidade, acompanharemos o mesmo modelo, dividido nos dois grupos ( $S$  e  $I$ ) desenvolvido para caso de consideração da dinâmica vital da população, isto é, onde são acrescentados os elementos demográficos que influenciam no crescimento da população, mas para tanto supõe-se que exista um equilíbrio entre os nascimentos e mortes de pessoas, que eles ocorram naturalmente, que as taxas de natalidade e mortalidade sejam iguais e que todos os recém-nascidos sejam suscetíveis, e ainda mais: que tanto suscetíveis quanto infectados contribuam para o nascimento de novos suscetíveis.

Supondo que os nascimentos ocorram a uma taxa proporcional à população existente  $N$ , que é constante, tomaremos como  $\mu$  a constante de proporcionalidade, sendo exatamente este parâmetro que irá diferenciar este modelo.  $\mu N$  representa a taxa de nascimento dos suscetíveis, e  $\mu S$  e  $\mu I$  representam as taxas de mortalidade dos suscetíveis e infectados. E, analogamente ao modelo anterior, temos como taxa de transferência de um grupo para o outro o produto  $\alpha SI$ .

Partindo para a construção de modelo temos o seguinte sistema de equações:

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \alpha SI - \mu S \quad (1.8)$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \mu I \quad (1.9)$$

Para verificar como a população total é conservada escrevemos (1.8) na forma  $\mu I - \alpha SI$ , já que  $N = S + I$ . Adicionando (1.8) com (1.9) temos:

$$\frac{d[S(t) + I(t)]}{dt} = 0 \quad (1.10)$$

$$\text{Logo, } S(t) + I(t) = N \quad (1.11)$$



De maneira análoga ao modelo anterior, em qualquer instante  $t$  a população é conservada, portanto, para este também vale:

$$S(t) + I(t) = S(0) + I(0) = N \quad (1.12)$$

Substituindo (1.12) em (1.9) temos:

$$\frac{dI}{dt} = -\alpha I^2 + I(\alpha N - \mu) \quad (1.13)$$

Que juntamente com a condição inicial  $I(0) = I_0$ , tem como solução:

$$I(t) = \frac{I_0(\alpha N - \mu)}{\alpha I_0 + (\alpha N - \mu - \alpha I_0)e^{-t(\alpha N - \mu)}} \quad (1.14)$$

De (1.14) temos:

- Se  $\alpha N - \mu > 0$ , isto é,  $\frac{\alpha N}{\mu} > 1$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = N - \frac{\mu}{\alpha} > 0 \quad (1.15)$$

Nesse caso temos uma endemia assintótica

- Se  $\alpha N - \mu < 0$ , isto é,  $\frac{\alpha N}{\mu} < 1$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0 \quad (1.16)$$

Nesse caso, a doença se extingue.

Para obtenção do número de suscetíveis em qualquer instante  $t$  basta partir da lei de conservação (1.12) substituindo  $I(t)$  pela solução (1.14), lembrando que  $I_0 = N - S_0$ , que gera:

$$S(t) = \frac{\mu(N - S_0) + N(\alpha S_0 - \mu)e^{-t(\alpha N - \mu)}}{\alpha(N - S_0) + (\alpha S_0 - \mu)e^{-t(\alpha N - \mu)}} \quad (1.17)$$

Por fim, cabe a observação feita por Quartieri (2004, p. 30) de que no modelo sem dinâmica vital não existiria a extinção da doença, pois nela, o estado assintótico quanto  $t$  tendesse ao infinito seria caracterizado pela infecção total da população.

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÕES

O modelo logístico, como vimos, teve seu processo de evolução partindo da contribuição de Malthus, por volta de 1798, acerca do estudo sobre o crescimento populacional e os problemas de subsistência que um alto crescimento poderia trazer para a humanidade. Sua equação:

$$\frac{dP}{dt} = kP$$

Cuja solução é dada por:

$$P = Ae^{kt}$$

Sendo A o valor inicial da função, acaba por descrever o crescimento de uma população em condições ideais, representado por uma curva que cresce exponencialmente e infinitamente, sem levar em consideração fatores externos que podem influenciar nesse crescimento. Um pouco mais tarde em 1840, Verhulst apresenta-nos a equação logística na forma:

$$\frac{dP}{dt} = kP \left(1 - \frac{P}{K}\right)$$

Com solução:

$$P(t) = \frac{K}{1 + Ae^{-kt}} \quad \text{onde} \quad A = \frac{K - P_0}{P_0}$$

Que passa a abranger certas especificidades do ambiente externo capazes de influenciar no crescimento populacional, levando à descrição de um comportamento populacional que cresce até certo ponto, determinado capacidade suporte, como pode ser descrito, segundo Stewart (2009) por:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P(t) = K$$

Então o que vemos ainda é semelhante a equação de Malthus, mas o que a diferencia é a adaptação para a consideração de fatores reais e importantes tornando o processo de modelagem mais propício a realidade em que vivemos, o que não torna modelo de Malthus obsoleto, apenas o aprimora para tratar de casos mais específicos como o da dinâmica da reprodução humana.

Quando tratamos de estudar o modelo epidemiológico SI, também podemos observar semelhanças, que podem ser chamadas mais do que só semelhanças, mas uma verdadeira adaptação dos modelos de Malthus e por fim de Verhulst.

Partindo para a comparação de modelos temos:

A equação do crescimento natural:

$$\frac{dP}{dt} = kP$$

A equação logística de Verhulst:

$$\frac{dP}{dt} = kP \left(1 - \frac{P}{K}\right)$$

O modelo SI com conservação da população total sem dinâmica vital, dado pelo sistema:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI \quad (1.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI \quad (1.2)$$

E o modelo SI com conservação da população total com dinâmica vital, dado pelo sistema:

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \alpha SI - \mu S \quad (1.8)$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \mu I \quad (1.9)$$

Podemos perceber que as equações são análogas, não só por serem equações diferenciais ordinárias, mas porque ambas representam o crescimento de populações. Porém, enquanto os modelos de crescimento populacional trabalham apenas com uma categoria de população, os modelos SI trabalham com duas categorias, analisando o comportamento de crescimento e decréscimo de ambas de acordo com suas soluções dadas em (1.6), (1.7), (1.14) e (1.17) respectivamente para infectados e suscetíveis sem dinâmica vital e infectados e suscetíveis com dinâmica vital. Isso é o suficiente para nos fazer perceber e comprovar a existência de adaptações.

Malthus e Verhulst utilizam  $k$  para representar uma taxa de crescimento da população diretamente proporcional ao tamanho atual da população. Nos modelos SI o número  $\alpha$  é utilizado para este fim, com a ressalva de que e seu produto com S (suscetíveis) e I (infectados) que gera  $\alpha SI$ , representa a taxa de transferência de um grupo para o outro. Assim como  $\mu N$  é usado para representar a taxa de nascimento de novos suscetíveis em (1.8) e (1.9)

Podemos também perceber uma adaptação do modelo SI sem dinâmica vital para SI com dinâmica vital, já que no segundo são levadas em consideração mortes por causa natural e nascimento de novos suscetíveis (em uma taxa igual, para que haja conservação da população total). Como vimos na seção 3, item (1.16) graças à essa consideração de novos suscetíveis, existe a possibilidade da extinção da doença propagada em estudo, o que não acontecia no modelo sem dinâmica vital.

Disso podemos então tirar a conclusão de que os modelos de crescimento populacional apresentam sim adaptações para atender às demandas do estudo da propagação de doenças, e mais, quanto mais se leva em consideração fatores reais que podem influenciar o crescimento demográfico, sejam as mortes, nascimentos e entre outros, mais credibilidade o modelo matemático carrega para responder às necessidades do estudo em questão.

## 6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

As principais motivações para a realização deste trabalho nasceram a partir da percepção da matemática como uma ferramenta de trabalho humano nas mais diversas áreas científicas. Se tratando do cálculo diferencial então, temos a certeza de que a humanidade é beneficiada pela modelagem matemática já há muitos séculos.

Durante esta pesquisa então foi possível refletir sobre um aspecto tão importante, atual e preocupante para a sociedade: a propagação epidêmica de doenças, principalmente as que assolam populações com o alto índice de mortalidade. Vimos então que o papel da modelagem matemática de equações diferenciais voltadas para a área da saúde tem fundamento e já cresceu a níveis estupendos para auxiliar não só na compreensão, mas como no controle deste problema.

O apanhado de informações presentes no corpo deste trabalho apresenta, portanto, uma espécie de história evolutiva e adaptativa de modelos matemáticos

populacionais, que há séculos atrás eram utilizados para determinados objetivos, mas então basearam a criação de novos modelos que colaboram atualmente com novas razões, cumprindo então com nosso objetivo de descrever e argumentar sobre essas adaptações.

O tema aqui abordado também teve como objetivo ressaltar a importância da modelagem matemática, abrindo espaço para a reflexão de sua aplicação em demais áreas que não sejam apenas da saúde, mas que tratam também de aspectos humanos importantes, tornando possível que muitas outras contribuições possam ser dadas à área da matemática.

## REFERÊNCIAS

- ALVARENGA, Lucymara de Resende. **Modelagem de Epidemias através de Modelos baseados em Indivíduos**. 2008. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2008. Disponível em: <https://repositorio.ufmg.br/bitstream/1843/RHCT-7JXPK4/1/350m.pdf>. Acesso em: 26 set. 2020.
- ALVES, Talita Nogueira. **Estudo Comparativo Dos Modelos De Malthus E Logístico De Verhulst Na Dinâmica De Crescimento Populacional Da Cidade De Corrente-Piauí**. 2019. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí, Corrente, 2019. Disponível em: [http://bia.ifpi.edu.br/jspui/bitstream/prefix/497/1/2019-tcc\\_tnalves.pdf](http://bia.ifpi.edu.br/jspui/bitstream/prefix/497/1/2019-tcc_tnalves.pdf). Acesso em: 06 de ago. de 2021.
- CHAVECO, Antonio Iván Ruiz (org.) **Modelagem Matemática de Processos Diversos**. 1 ed. Curitiba: Appris, 2018.
- FARIAS, Ayrton Veleda. **Um estudo da modelagem epidemiológica SIR usando conceitos de derivadas de ordem inteira e fracionária**. 2017. Dissertação (Bacharelado em Matemática Aplicada) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, [s. l.], 2017. Disponível em: [https://imef.furg.br/images/stories/Monografias/Matematica\\_aplicada/2017/AyrtonFarias.pdf](https://imef.furg.br/images/stories/Monografias/Matematica_aplicada/2017/AyrtonFarias.pdf). Acesso em: 22 ago. 2020.
- FERREIRA, Aurélio Buarque de Holanda. **Dicionário Aurélio Júnior: dicionário escolar da língua portuguesa**. Curitiba: Positivo. 2005.
- LUIZ, Mônica Helena Ribeiro. **Modelos Matemáticos em Epidemiologia**. 2012. Dissertação (Mestrado Profissional em Matemática) – Universidade Estadual Paulista, Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Rio Claro, 2012. Disponível em: [https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/94348/luiz\\_mhr\\_me\\_rcla.pdf?sequence=1](https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/94348/luiz_mhr_me_rcla.pdf?sequence=1). Acesso em: 26 set. 2020.
- QUARTIERI, Marli Teresinha. **Estudo de Modelos Epidemiológicos Determinísticos Básicos em Doenças causadas por microparasitas**. 2019. Dissertação (Mestrado em Matemática Aplicada) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2004. Disponível em: <https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/5664/000429353.pdf?sequence=1>. Acesso em: 06 de ago. 2021.
- RAMON, Rosangela. **Modelagem Matemática Aplicada a Epidemiologia**. 2011. Monografia (Especialização em Matemática) – Universidade Federal de Santa Catarina, Chapecó, 2011. Disponível em: [https://repositorio.ufsc.br/bitstream/handle/123456789/121196/Rosangela\\_Ramon.pdf?sequence=1](https://repositorio.ufsc.br/bitstream/handle/123456789/121196/Rosangela_Ramon.pdf?sequence=1). Acesso em: 26 set. 2020.
- SILVA, Nicolly Ramalho. **Modelos Epidemiológicos Sir, Contínuo Com Estratégias De Vacinação Como Método de Controle Epidêmico**. 2018. Trabalho

de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) – Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, 2018. Disponível em: [http://www.mat.caf.ufv.br/wp-content/uploads/2019/04/TCC\\_Nicolly-2.pdf](http://www.mat.caf.ufv.br/wp-content/uploads/2019/04/TCC_Nicolly-2.pdf). Acesso em: 26 set. 2020.

STEWART, James, **Cálculo – Volume II**. 6 ed. Tradução Técnica: Antonio Carlos Moretti, Antonio Carlos Gilli Martins. São Paulo: Cengage Learning, 2009. Título original: Calculus – Early Transcendentals.