



**INSTITUTO FEDERAL DO PIAUÍ – CAMPUS CAMPO MAIOR
LICENCIATURA EM MATEMÁTICA**

MARIA FRANCISCA ARAÚJO ALVES

**MODELAGEM MATEMÁTICA E EPIDEMIOLOGIA: ANÁLISE SOBRE A DINÂMICA
DE PROPAGAÇÃO E CONTROLE DE DOENÇAS INFECTOCONTAGIOSAS**

CAMPO MAIOR-PI

2024

MARIA FRANCISCA ARAÚJO ALVES

**MODELAGEM MATEMÁTICA E EPIDEMIOLOGIA: ANÁLISE SOBRE A DINÂMICA
DE PROPAGAÇÃO E CONTROLE DE DOENÇAS INFECTOCONTAGIOSAS**

Trabalho de Conclusão de Curso (artigo científico)
apresentado como exigência parcial para obtenção
do diploma do Curso de Licenciatura em
Matemática do Instituto Federal de Educação,
Ciência e Tecnologia do Piauí, *Campus* Campo
Maior.

Orientadora: Prof^ª. Dra. Sebastiana Ceci Sousa

CAMPO MAIOR-PI

2024

MODELAGEM MATEMÁTICA E EPIDEMIOLOGIA: ANÁLISE SOBRE A DINÂMICA DE PROPAGAÇÃO E CONTROLE DE DOENÇAS INFECTOCONTAGIOSAS

Maria Francisca Araújo Alves¹

Sebastiana Ceci Sousa²

RESUMO

A modelagem matemática é uma forma de representar um fenômeno natural por meio da linguagem matemática adequada. O objetivo geral dessa pesquisa consiste em, através da análise sobre produções acadêmico-científicas, compreender como a aplicação da modelagem matemática pode contribuir no estudo sobre a dinâmica de propagação e controle de doenças infectocontagiosas no contexto brasileiro. Pesquisa de abordagem qualitativa, caracterizada como revisão sistemática da literatura. Foram selecionadas e analisadas 08 (oito) produções acadêmico-científicas (artigos e monografias) publicados nos últimos 06 anos, escritas em Língua Portuguesa, abordando conceitos referentes a modelos matemáticos epidemiológicos mencionados ao longo de cada estudo, especificamente sobre as doenças provocadas pelo HIV e pelo SARS-CoV-2, informações descritas no resumo, resultados e conclusão de cada produção. Os resultados demonstram que os modelos SI e SIR representam uma importante ferramenta no estudo dessas infecções. Além disso, a escolha de cada modelo se deu conforme as características da enfermidade. Conclui-se assim que, a modelagem matemática contribui no estudo sobre a dinâmica de propagação e controle de doenças infectocontagiosa, uma vez que pode descrever o crescimento ou decréscimo de doenças, contribuindo para a tomada de decisões coerentes no campo da saúde pública.

Palavras-chave: Modelagem matemática; Epidemiologia; Doenças infectocontagiosas.

ABSTRACT

Mathematical modeling is a way of representing a natural aspect through appropriate mathematical language. The general objective of this research consists of, through the analysis of academic-scientific productions, understanding how the application of mathematical modeling can contribute to the study of the dynamics of propagation and control of infectious diseases in the Brazilian context. Qualitative approach research, descriptions as a systematic literature review. Eight (8) scientific productions (articles and monographs) published in the last 6 years were examined and verified, written in Portuguese, addressing concepts relating to relevant epidemiological mathematical models throughout each study, specifically on diseases caused by HIV and by SARS-CoV-2, information described in the summary, results and conclusions of each production. The results demonstrate that the SI and SIR models represent an important tool in the study of these infections. Furthermore, each model was chosen in accordance with the characteristics of the disease. It is concluded that mathematical modeling contributes to the study of the dynamics of propagation and control of infectious diseases, as it can describe the growth or decline of diseases, contributing to consistent decision-making in the field of public health.

Keywords: Mathematical modeling; Epidemiology; Infectious diseases.

Data de Aprovação: ____/____/2024

¹Licencianda em Matemática. Instituto Federal do Piauí. E-mail: 2020.1.271mat029.@ifpi.edu.br

² Professora doutora em Educação. Instituto Federal do Piauí. E-mail: scec-sousa@ifpi.edu.br

1 INTRODUÇÃO

A modelagem matemática é compreendida como uma forma de retratar através da linguagem matemática, fenômenos do cotidiano. Para muitos autores, ela pode ser aplicada como uma estratégia de ensino ou como um método científico de pesquisa, sendo útil para fazer previsões e contribuir na tomada de determinadas decisões.

Nesse sentido, a modelagem matemática aplicada à epidemiologia se apresenta como uma ferramenta que auxilia no estudo sobre a dinâmica de determinada doença em uma população, buscando entender o tipo, forma de infecção e propor medidas de contenção. Produções acadêmicas na área da Matemática Aplicada mostram o quanto a modelagem matemática contribui no entendimento do desenvolvimento de doenças e, consequente na obtenção de informações para a criação de medidas de contenção.

A epidemiologia matemática surgiu da necessidade de entender diversas doenças ao longo da história. De acordo com Almeida (2014), a Epidemiologia Matemática procura descrever quantitativamente o fenômeno e fornecer informações epidemiológicas e dados estatísticos sobre os parâmetros envolvidos, como a força de infecção, reprodutibilidade basal e a taxa de contato.

Assim, compreender a modelagem matemática de doenças infectocontagiosas, a partir da identificação de produções acadêmicas científicas, é fundamental para demonstrar como equações matemáticas podem descrever o comportamento de infecções e fornecer dados sobre os parâmetros em questão, com o propósito de propiciar previsões e controle. Diante disso, a presente pesquisa teve a pretensão de responder à seguinte questão: Como a Modelagem Matemática pode contribuir nos estudos sobre doenças infectocontagiosas no contexto brasileiro? Qual o modelo mais adequado para o estudo de cada doença?

O objetivo geral da pesquisa foi através de uma análise sobre produções acadêmico-científica, compreender como a aplicação da modelagem matemática, utilizando as Equações Diferenciais Ordinárias pode contribuir no estudo sobre a dinâmica de propagação e controle de doenças infectocontagiosas no contexto brasileiro. Sendo os objetivos específicos: caracterizar a modelagem matemática e aplicações; investigar sobre algumas doenças infectocontagiosas que ocorrem no Brasil; apresentar modelos matemáticos para prever a propagação e controle de doenças infectocontagiosas a partir de Equações Diferenciais Ordinárias; analisar produções acadêmico-científicas que apresentam estudos sobre modelagem matemática e doenças infectocontagiosas no contexto brasileiro.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1.1 A Modelagem Matemática e suas aplicações

A modelagem matemática pode ser entendida como uma forma de representar um fenômeno natural por meio da linguagem matemática adequada, os modelos matemáticos. Assim, ela pode ser aplicada como uma estratégia de ensino-aprendizagem ou um método científico de pesquisa, uma vez que:

A modelagem matemática é a arte de expressar por intermédio de linguagem matemática situações problemas de nosso meio, tem estado presente desde os tempos mais primitivos. Isto é, a modelagem é tão antiga quanto a própria Matemática, surgindo de aplicações na rotina diária dos povos antigos (Bienbengut; Hein, 2022, p. 7).

Com efeito, no processo educativo a modelagem é uma maneira de relacionar os conceitos matemáticos formais com situações reais conhecidas, buscando simplificar o

entendimento dos conteúdos de forma mais concreta e ligada a outras áreas do conhecimento, haja visto que

A modelagem matemática no ensino pode ser um caminho para despertar no aluno o interesse por tópicos matemáticos que ele ainda desconhece, ao mesmo tempo que aprende a arte de modelar matematicamente. Isso porque é dada ao aluno a oportunidade de estudar situações problemas por meio de pesquisa, desenvolvendo seu interesse e aguçando seu senso crítico. (Bienbengut; Hein, 2022, p. 18)

Entretanto, em pesquisas científicas a modelagem matemática é empregada para representar fenômenos físicos, químicos, biológicos ou de quaisquer outras áreas de conhecimento. Na biologia, por exemplo, ela é empregada para modelar a epidemiologia, a ecologia, a genética e vários outros fenômenos.

Em suma, para Bassanezi, (2002), a modelagem matemática é um processo que relaciona teoria e prática, motivando seu usuário na busca do entendimento da realidade e na procura de maneiras de agir sobre ela e transformá-la.

2.1.2 Algumas doenças infectocontagiosas que ocorrem no Brasil

Conforme o Projeto de Lei nº 3.755, de 2020, as doenças infectocontagiosas são enfermidades provocadas por vírus, bactérias, fungos ou protozoários. Elas podem ser transmitidas por meio da ingestão de água ou alimentos contaminados, ferimentos, mordidas de insetos e carrapatos, pela via respiratória e sexual. No decorrer deste trabalho serão abordadas mais especificamente as doenças infectocontagiosas AIDS, causada pelo HIV, e a COVID-19, provocada pelo SARS-CoV-2.

O Vírus da Imunodeficiência Adquirida (HIV), causador da Síndrome da Imunodeficiência Adquirida (AIDS), é um retrovírus, pois segundo o Ministério da Saúde (2014), retrovírus são vírus que possuem seu material genético constituído de RNA e apresenta a enzima transcriptase reversa, que é capaz de transformar o RNA viral em DNA. Ao ser infectado pelo HIV o indivíduo não contrai imediatamente a doença AIDS, pois ela é uma avançada agravação da infecção. Existem soropositivos que vivem por muito tempo sem apresentar quaisquer sintomas, embora possam contaminar outras pessoas através de relações sexuais desprotegidas, compartilhamento de seringas contaminadas, ou da mãe para o filho durante o parto e amamentação.

O Ministério da Saúde (2021), informa também que a COVID-19, causada pelo SARS-CoV-2 da família coronavírus, é uma infecção na qual a transmissão acontece pela via respiratória e através do contato com superfícies contaminadas. Embora alguns indivíduos infectados sejam assintomáticos, na maioria dos casos, o organismo infectado apresenta sintomas como fraqueza, febre, tosse, diarreia, perda de apetite e vômito. Além disso a doença possui grande taxa de mortalidade.

2.1.3 Conceitos matemáticos preliminares

A seguir, com base em Zill e Cullen (2007), apresentamos alguns conceitos matemáticos relevantes no campo da modelagem matemática.

Definição I – Uma equação que contém as derivadas de uma ou mais variáveis dependentes, em relação a uma ou mais variáveis independentes, é denominada de equação diferencial (ED).

Se uma equação possui apenas derivadas ordinárias de uma ou mais variáveis dependentes, com relação a uma única variável independente, ela é chamada de equação diferencial ordinária (EDO). Por exemplo,

$$\frac{dy}{dx} - 5y = 1,$$

$$(y - x) dx + 4x dy = 0$$

são equações diferenciais ordinárias.

Uma equação diferencial ordinária é classificada como linear quando pode ser escrita na forma

$$a_n(x) \frac{d^n y}{dx^n} + a_{n-1}(x) \frac{d^{n-1} y}{dx^{n-1}} + \dots + a_1(x) \frac{dy}{dx} + a_0(x)y = g(x).$$

Observa-se que as equações diferenciais lineares são caracterizadas por duas propriedades:

- I. A variável dependente y e todas as suas derivadas são do primeiro grau;
- II. Cada coeficiente depende apenas da variável independente x .

Por outro lado, equação diferencial pode ser classificada também quanto a ordem. Nesse sentido, a ordem da derivada de maior ordem na equação é a ordem da equação. Por exemplo,

$$\frac{d^2 y}{dx^2} + 5 \left(\frac{dy}{dx} \right)^3 - 4y = e^x$$

é uma equação diferencial ordinária de segunda ordem. No entanto,

$$4x \frac{dy}{dx} + y = x$$

trata-se de uma equação diferencial ordinária de primeira ordem.

Definição II – Qualquer função f definida em algum intervalo I , que, quando substituída na equação diferencial, reduz a equação a uma identidade é denominada de solução para a equação no intervalo.

Exemplo: A função $y = xe^x$ é uma solução para a equação

$$\frac{d^2 y}{dx^2} - 2 \frac{dy}{dx} + y = 0$$

no intervalo $(-\infty, \infty)$. Para verificar essa afirmação, calculamos

$$\frac{dy}{dx} = xe^x + e^x \text{ e } \frac{d^2 y}{dx^2} = xe^x + 2e^x.$$

Note que

$$\frac{d^2 y}{dx^2} - 2 \frac{dy}{dx} + y = (xe^x + 2e^x) - 2(xe^x + e^x) + xe^x = 0$$

para todo número real.

Vale ressaltar que nem toda equação diferencial possui necessariamente uma solução.

2.1.4 Modelos Epidemiológicos

Modelos epidemiológicos são modelos matemáticos que buscam descrever e facilitar a compreensão do desenvolvimento de doenças infecciosas. Nesse sentido, a modelagem epidemiológica é uma ferramenta para auxiliar no estudo sobre tipos, formas de infecção e controle de doenças.

Estudos relativos a doenças epidemiológicas surgiram da necessidade de entender diversas doenças ao longo da história. Um desses primeiros estudos de que se tem registro foi realizado por Daniel Bernolli em 1760.

Ao longo da história vários estudos foram realizados com o objetivo de criar modelos matemáticos epidemiológicos para entender o comportamento de doenças. No entanto, de acordo com Paiva Júnior et al (2021), os modelos epidemiológicos mais usados no estudo de doenças transmissíveis são os do tipo compartimental, no qual a população total pode ser dividida em compartimentos que representam a situação em que se encontram o indivíduo em relação à doença, como segue:

- Suscetíveis (S): formado por pessoas que estão expostas a doença e podem serem infectadas;
- Infectados (I): composto por indivíduos infectados que podem transmitir a doença caso haja contato com pessoas suscetíveis.
- Removidos ou Recuperados (R): Inclui os indivíduos que deixam de serem infecciosos porque obtêm cura, são isolados ou morrem.

Assim, a população total (N) é uma constante suficientemente grande de modo que pode ser descrita como a soma desses compartimentos, ou seja, $N = S + I + R$. Além disso, vale mencionar que um indivíduo não pode participar de mais de um compartimento ao mesmo tempo.

Segundo Paiva Júnior et al (2021), diante da existência de diversos modelos atualmente, o mais adequado a ser empregado depende das características da enfermidade, dos dados existentes e dos objetivos que se pretende alcançar, sendo eles:

- SI – suscetível, infectado;
- SIS - suscetível, infectado, suscetível;
- SIV - suscetível, infectado, vacinado;
- SIR - suscetível, infectado, recuperado;
- SIRS - suscetível, infectado, recuperado, suscetível;
- SEIR - suscetível, exposto, infectado, recuperado.

A seguir apresentamos os modelos SI e SIR, conforme Paiva Júnior et al (2021). Nesses modelos considera-se a hipótese de que o tamanho da população (N) é fixo; não há imigração nem emigração; as taxas de natalidade e mortalidade são iguais, bem como o indivíduo já nasce pertencente ao grupo dos suscetíveis. Ademais, leva-se em consideração que um infectado ao ser introduzido em uma população de suscetíveis tem contato com todos esses indivíduos, do mesmo que eles têm contato entre si; uma pessoa suscetível se torna infectada ao ter contato com outra infectada; todos os infectados possuem o mesmo poder de infecção e os indivíduos infectados tornam-se imediatamente infecciosos.

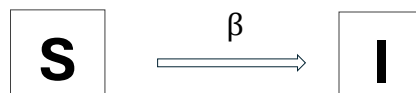
2.1.5 Modelo SI

O modelo SI é um dos mais simples, no qual a população se constitui apenas pelos indivíduos suscetíveis e infectados. Nele infectados não retornam ao compartimento dos suscetíveis e não se considera a recuperação deles. Esse modelo é aplicado apenas em períodos pequenos, uma vez que em períodos longos espera-se a implementação de medidas capazes de modificar essa dinâmica, como medicamentos e vacinas.

2.1.5.1 Modelo SI sem dinâmica vital

O modelo SI sem dinâmica vital é aquele em que a população é constante, não havendo nascimentos e mortes. Ele é representado pelo sistema compartimental na figura 1.

Figura 1 – Diagrama que representa o modelo compartimental SI sem dinâmica vital



Fonte: Autores

O parâmetro $\beta > 0$ representa o coeficiente de transmissão, ou coeficiente de infecção.

Esse modelo pode ser descrito pelo sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI \end{cases} \quad (1)$$

sujeito a condições iniciais $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$. Além disso, tomemos $N = 1$, o qual equivale a 100% da população total.

A população total é uma constante dada por $N(t) = S(t) + I(t)$, de modo que $S(t)$ expressa o número de suscetíveis e $I(t)$ a quantidade de infectados no instante de tempo t . Portanto tomando $N = 1$ equivalente a 100% da população total, temos que:

$$S(t) = 1 - I(t), \forall t \geq 0 \quad (2)$$

Substituindo S na segunda equação do sistema (1) obtemos:

$$\frac{dI}{dt} = \beta(1 - I)I \quad (3)$$

Pelo método de separação de variáveis temos:

$$\int \frac{1}{(1-I)I} dI = \int \beta dt \quad (4)$$

Usando frações parciais para reescrever $\frac{1}{(1-I)I}$, encontramos:

$$\frac{1}{(1-I)I} = \frac{A}{1-I} + \frac{B}{I} = \frac{(A-B)I + B}{(1-I)I}$$

Daí,

$$\begin{cases} A - B = 0 \\ B = 1 \end{cases}$$

Logo, $A = 1$ e $B = 1$. Ou seja,

$$\frac{1}{(1-I)I} = \frac{1}{1-I} + \frac{1}{I} \quad (5)$$

Assim, podemos solucionar (4) utilizando (5):

$$\begin{aligned} \int \frac{1}{1-I} dI + \int \frac{1}{I} dI &= \int \beta dt \\ -\ln(1-I) + \ln I &= \beta t + c \\ \ln \frac{I}{(1-I)} &= \beta t + c \end{aligned}$$

Com efeito, aplicando o exponencial em ambos os membros:

$$\begin{aligned} \frac{I}{(1-I)} &= e^{\beta t + c} \\ I &= (1-I) e^{\beta t + c} \\ I &= e^{\beta t + c} - I e^{\beta t + c} \\ I(1 + e^{\beta t + c}) &= e^{\beta t + c} \\ I &= \frac{e^{\beta t + c}}{1 + e^{\beta t + c}} \end{aligned} \quad (6)$$

em que c é a constante de integração.

A partir das condições iniciais $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, obtemos:

$$\begin{aligned} I_0 &= \frac{e^c}{(1 + e^c)} \\ I_0 + I_0 e^c &= e^c \\ I_0 &= e^c(1 - I_0) \\ e^c &= \frac{I_0}{(1 - I_0)} \end{aligned}$$

$$e^c = \frac{I_0}{S_0}$$

Substituindo e^c em (6), encontramos a seguinte solução para os infectantes:

$$\begin{aligned} I(t) &= \frac{e^{\beta t} e^c}{1 + e^{\beta t} e^c} \\ &= \frac{e^{\beta t} \frac{I_0}{S_0}}{1 + e^{\beta t} \frac{I_0}{S_0}} \\ &= \frac{I_0 e^{\beta t}}{S_0 + I_0 e^{\beta t}} \end{aligned} \quad (7)$$

Por outro lado, substituindo (7) em (2) obtemos a seguinte solução para os suscetíveis:

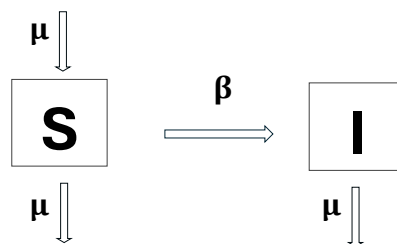
$$\begin{aligned} S(t) &= 1 - \frac{I_0 e^{\beta t}}{S_0 + I_0 e^{\beta t}} \\ &= \frac{S_0}{S_0 + I_0 e^{\beta t}} \end{aligned} \quad (8)$$

Logo, as equações (7) e (8) são soluções analíticas do modelo SI sem dinâmica vital descrito pelo sistema (1). Dessas soluções temos as curvas que descrevem a variação temporal do número de suscetíveis e de infectados.

2.1.5.2 Modelo SI com dinâmica vital

O modelo SI com dinâmica vital é aquele em que se consideram nascimentos e mortes na população. Por questão de simplicidade assume-se a hipótese de que as taxas de natalidade e mortalidade são iguais. A figura 2 a seguir descreve esse modelo.

Figura 2 – Diagrama que representa o modelo compartimental SI com dinâmica vital, sendo μ a taxa de natalidade/mortalidade



Fonte: Autores

Dessa forma, esse modelo é representado pelo sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu - \beta SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I \end{cases} \quad (9)$$

sujeito a condições iniciais $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, sendo $\beta > 0$ a taxa de transmissão e $\mu > 0$ a taxa de natalidade/mortalidade.

Em relação a solução desse sistema, embora ele não seja linear, é possível substituir (2) na sua segunda equação, obtendo:

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= \beta(1 - I)I - \mu I \\ &= \beta I - \beta I^2 - \mu I \end{aligned}$$

$$= \beta I \left[\left(1 - \frac{\mu}{\beta} \right) - I \right] \quad (10)$$

Pelo método da separação de variáveis, temos:

$$\int \frac{1}{\beta I \left[\left(1 - \frac{\mu}{\beta} \right) - I \right]} dI = \int dt \quad (11)$$

Reescrevendo $\frac{1}{\beta I \left[\left(1 - \frac{\mu}{\beta} \right) - I \right]}$ usando frações parciais, obtemos:

$$\begin{aligned} \frac{1}{\beta I \left[\left(1 - \frac{\mu}{\beta} \right) - I \right]} &= \frac{A}{\beta I} + \frac{B}{\left(1 - \frac{\mu}{\beta} \right) - I} \\ &= \frac{A - \frac{\mu}{\beta} - AI + B\beta I}{\beta I \left[\left(1 - \frac{\mu}{\beta} \right) - I \right]} \\ &= \frac{\frac{A(\beta - \mu)}{\beta} + (B\beta - A)I}{\beta I \left[\left(1 - \frac{\mu}{\beta} \right) - I \right]} \end{aligned} \quad (12)$$

que gera o sistema

$$\begin{cases} \frac{A(\beta - \mu)}{\beta} = 1 \\ B\beta - A = 0 \end{cases}$$

cuja solução é $A = \frac{\beta}{\beta - \mu}$ e $B = \frac{1}{\beta - \mu}$.

Assim, substituindo A e B em (12) podemos resolver (11):

$$\begin{aligned} \int \frac{\frac{\beta}{\beta - \mu}}{\beta I} dI + \int \frac{\frac{1}{\beta - \mu}}{\left(1 - \frac{\mu}{\beta} \right) - I} dI &= \int dt \\ \int \frac{1}{(\beta - \mu)I} dI + \int \frac{\beta}{(\beta - \mu)(\beta - \mu - \beta I)} dI &= \int dt \\ \frac{1}{\beta - \mu} \ln I + \frac{\beta}{\beta - \mu} \left(-\frac{1}{\beta} \right) \ln(\beta - \mu - \beta I) &= t + c \\ \frac{1}{\beta - \mu} [\ln I - \ln(\beta - \mu - \beta I)] &= t + c \\ \ln \left(\frac{I}{\beta - \mu - \beta I} \right) &= (t + c) (\beta - \mu) \end{aligned}$$

Com efeito, aplicando o exponencial, temos:

$$\begin{aligned} \frac{I}{\beta - \mu - \beta I} &= e^{(t+c)(\beta - \mu)} \\ I &= (\beta - \mu - \beta I) e^{(t+c)(\beta - \mu)} \\ I &= \beta e^{(t+c)(\beta - \mu)} - \mu e^{(t+c)(\beta - \mu)} - \beta I e^{(t+c)(\beta - \mu)} \\ I(1 + \beta e^{(t+c)(\beta - \mu)}) &= (\beta - \mu) e^{(t+c)(\beta - \mu)} \\ I &= \frac{(\beta - \mu) e^{(\beta - \mu)t} e^{(\beta - \mu)c}}{1 + \beta e^{(\beta - \mu)t} e^{(\beta - \mu)c}} \end{aligned} \quad (13)$$

Da condição inicial $I(0) = I_0$, obtemos:

$$\begin{aligned}
 I_0 &= \frac{(\beta - \mu)e^{(\beta - \mu)c}}{1 + \beta e^{(\beta - \mu)c}} \\
 I_0 + I_0\beta e^{(\beta - \mu)c} &= (\beta - \mu)e^{(\beta - \mu)c} \\
 I_0\beta e^{(\beta - \mu)c} - (\beta - \mu)e^{(\beta - \mu)c} &= -I_0 \\
 (I_0\beta - \beta + \mu)e^{(\beta - \mu)c} &= -I_0 \\
 e^{(\beta - \mu)c} &= \frac{-I_0}{I_0\beta - \beta + \mu} \\
 e^{(\beta - \mu)c} &= \frac{I_0}{\beta - I_0\beta - \mu} \tag{14}
 \end{aligned}$$

Substituindo (14) em (13), teremos a seguinte solução para os infectantes:

$$\begin{aligned}
 I(t) &= \frac{(\beta - \mu)e^{(\beta - \mu)t} \frac{I_0}{\beta - I_0\beta - \mu}}{1 + \beta e^{(\beta - \mu)t} \frac{I_0}{\beta - I_0\beta - \mu}} \\
 &= \frac{\frac{(\beta - \mu)e^{(\beta - \mu)t} I_0}{\beta - I_0\beta - \mu}}{\frac{\beta - I_0\beta - \mu + \beta e^{(\beta - \mu)t} I_0}{\beta - I_0\beta - \mu}} \\
 &= \frac{(\beta - \mu)e^{(\beta - \mu)t} I_0}{\beta e^{(\beta - \mu)t} I_0 + \beta - \mu - \beta I_0} \\
 &= \frac{(\beta - \mu)I_0}{\beta I_0 + (\beta - \mu - \beta I_0)e^{-(\beta - \mu)t}} \tag{15}
 \end{aligned}$$

Desse modo, podemos obter $S(t)$ substituindo $I(t)$ em (2), como segue:

$$S(t) = 1 - \frac{(\beta - \mu)I_0}{\beta I_0 + (\beta - \mu - \beta I_0)e^{-(\beta - \mu)t}}$$

Sabendo que $I_0 = 1 - S_0$ e considerando a condição inicial $S(0) = S_0$, temos:

$$\begin{aligned}
 S(t) &= 1 - \frac{(\beta - \mu)(1 - S_0)}{\beta(1 - S_0) + (\beta - \mu - \beta(1 - S_0))e^{-(\beta - \mu)t}} \\
 &= \frac{\beta - \beta S_0 + (\beta S_0 - \mu)e^{-(\beta - \mu)t} - \beta + \mu + \beta S_0 - \mu S_0}{\beta(1 - S_0) + (\beta S_0 - \mu)e^{-(\beta - \mu)t}} \\
 &= \frac{(1 - S_0)\mu + (\beta S_0 - \mu)e^{-(\beta - \mu)t}}{(1 - S_0)\beta + (\beta S_0 - \mu)e^{-(\beta - \mu)t}} \tag{16}
 \end{aligned}$$

Logo, as equações (15) e (16) são soluções analíticas do modelo SI com dinâmica vital expresso pelo sistema (9). Assim, obtemos as curvas que descrevem a variação temporal do número de suscetíveis e de infectados.

É importante ressaltar que, diferente do modelo SI sem dinâmica vital, no modelo SI com dinâmica vital há possibilidade de a doença desaparecer, desde que a taxa de mortalidade seja maior que coeficiente de infecção, ou seja, $\mu > \beta$, pois à medida que os valores de μ e β se aproximam a variação dos infectados diminui, fazendo com que essa variação se aproxime de zero.

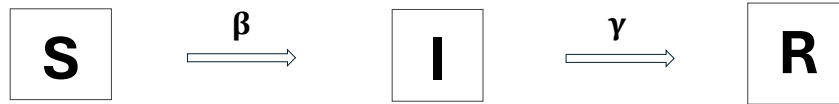
2.1.6 Modelo SIR

No modelo SIR os indivíduos ao serem infectados não retornam ao compartimento dos suscetíveis, mas podem se recuperar da doença. Ele foi proposto por Kermanck e McKendrick em 1927, na época eles buscavam entender um surto de malária.

2.1.6.1 Modelo SIR sem dinâmica vital

No modelo SIR sem dinâmica vital desconsidera-se as taxas de natalidade e de mortalidade. A figura 3 descreve o esquema desse modelo.

Figura 3 – Diagrama que representa o modelo compartimental SIR sem dinâmica vital



Fonte: Autores

O modelo SIR pode ser expresso pelo sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (17)$$

sujeito a condições iniciais $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$ e $R(0) = 0$. Além disso, o parâmetro $\beta > 0$ é a taxa de infecção, $\gamma > 0$ é a taxa de recuperação e $N=1$ equivalente a 100% da população total.

Para solucionar o sistema acima, vamos resolver primeiramente a segunda equação:

$$\frac{dI}{dt} = (\beta S - \gamma)I$$

Pelo método da separação de variáveis, temos:

$$\begin{aligned} \int \frac{1}{(\beta S - \gamma)I} dI &= \int dt \\ \frac{1}{\beta S - \gamma} \ln(\beta S - \gamma)I &= t + c \\ \ln(\beta S - \gamma)I &= (t + c)(\beta S - \gamma) \\ I &= \frac{e^{(\beta S - \gamma)t} e^{(\beta S - \gamma)c}}{\beta S - \gamma} \end{aligned} \quad (18)$$

com c sendo a constante de integração.

Das condições iniciais $S(0) = S_0$ e $I(0) = I_0$, temos:

$$\begin{aligned} I_0 &= \frac{e^{(\beta S_0 - \gamma)c}}{\beta S_0 - \gamma} \\ e^{(\beta S_0 - \gamma)c} &= I_0(\beta S_0 - \gamma) \\ e^{(\beta S - \gamma)c} &= I_0(\beta S - \gamma) \end{aligned}$$

Substituindo $e^{(\beta S - \gamma)c}$ em (18), temos a seguinte solução analítica dos infectado:

$$\begin{aligned} I &= \frac{e^{(\beta S - \gamma)t} I_0(\beta S - \gamma)}{\beta S - \gamma} \\ I(t) &= I_0 e^{(\beta S - \gamma)t} \end{aligned} \quad (19)$$

Tomemos agora a primeira equação do sistema (17) e utilizemos o método da separação de variáveis, obtendo:

$$\int \frac{1}{\beta SI} dS = -\int dt$$

$$\frac{1}{\beta I} \ln(\beta SI) = -t + c$$

$$\beta SI = e^{-\beta It} e^{\beta Ic}$$

$$S = \frac{e^{-\beta It} e^{\beta Ic}}{\beta I}$$

onde c é a constante de integração.

Aplicando as condições iniciais $S(0) = S_0$ e $I(0) = I_0$, obtemos:

$$S_0 = \frac{e^{\beta I_0 c}}{\beta I_0}$$

$$e^{\beta I_0 c} = S_0 \beta I_0$$

$$e^{\beta Ic} = S_0 \beta I$$

Substituindo $e^{\beta Ic}$ na equação anterior encontramos a solução para os suscetíveis:

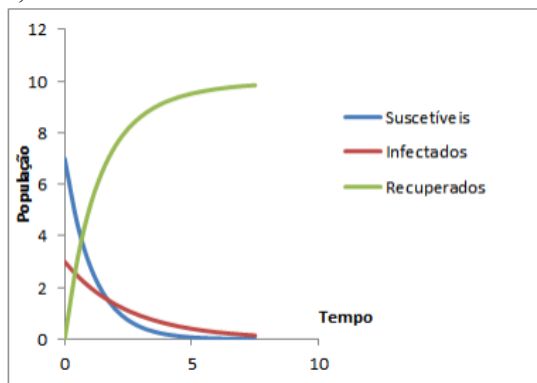
$$S(t) = S_0 e^{-\beta It} \quad (20)$$

Portanto, sendo $R = N - (S + I)$, a solução analítica para os suscetíveis $S(t)$ é dada por:

$$R(t) = N - (S_0 e^{-\beta It} + I_0 e^{(\beta S - \gamma)t}) \quad (21)$$

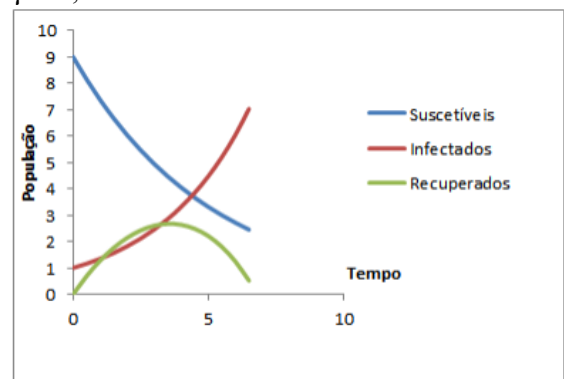
Fixando valores numéricos para os parâmetros β , γ e as populações podemos observar se o número de infectados está decrescendo ou não. A seguir, as figuras 4 e 5 elaboradas por Marcolino (2016), mostram o comportamento gráfico das soluções (19), (20) e (21) atribuindo valores numéricos para os parâmetros e as populações. Na figura 4, com $N = 10$, $S(0) = 7$, $I(0) = 3$ e $R(0) = 0$ considerando $\beta = 0,3$ e $\gamma = 2,5$ tem-se a doença tendendo a extinção, pois nesse caso $\beta S_0 - \gamma < 0$. Por outro lado, na figura 5, com $N = 10$, $S(0) = 9$, $I(0) = 1$ e $R(0) = 0$, tomando $\beta = 0,2$ e $\gamma = 1,5$ o que implica em $\beta S_0 - \gamma > 0$, ocorre um equilíbrio endêmico.

Figura 4 – Doença tendendo a extinção, com $N = 10$, $S(0) = 7$, $I(0) = 3$, $R(0) = 0$ e $\beta = 0,3$ e $\gamma = 2,5$



Fonte: Marcolino (2016)

Figura 5 – Doença em equilíbrio endêmico, com $N = 10$, $S(0) = 9$, $I(0) = 1$, $R(0) = 0$ e $\beta = 0,2$ e $\gamma = 1,5$



Fonte: Marcolino (2016)

É possível perceber que os parâmetros β e γ são responsáveis por controlar o crescimento ou decrescimento da quantidade infecciosos. Para tanto, sabendo que $I =$

$I_0 e^{(\beta S - \gamma)t}$ e assumindo que inicialmente o número de suscetíveis é um valor muito próximo da quantidade da população total, ou seja, $N \cong S \cong 1$, podemos considerar:

$$I = I_0 e^{(\beta - \gamma)t}$$

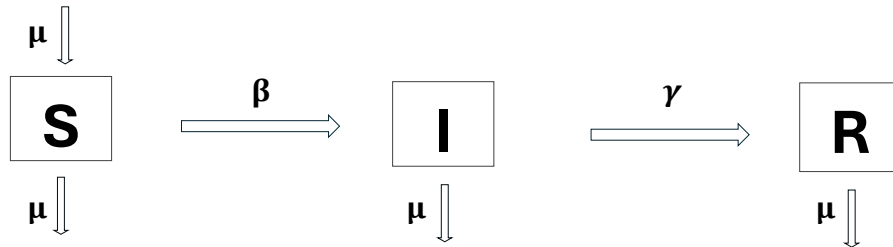
Daí, observamos que se:

- $\beta > \gamma$, implica que $\beta - \gamma > 0$, fazendo com que haja um crescimento exponencial do número de infectados.
- $\beta < \gamma$, implica em $\beta - \gamma < 0$, provocando um decrescimento exponencial da quantidade dos infectados.

2.1.6.2 Modelo SIR com dinâmica vital

No modelo SIR com dinâmica vital são considerados nascimentos e mortes na população. Nele supõe-se que as taxas de natalidade e mortalidade são iguais e não há imigração nem emigração. A figura 6 descreve esse modelo.

Figura 6 - Diagrama que representa o modelo compartimental SIR com dinâmica vital



Fonte: Autores

O modelo SI com dinâmica vital pode ser expresso pelo sistema:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases} \quad (22)$$

sujeito a condições iniciais $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, $R(0) = 0$ e a população total $N = N(0) = S(t) + I(t) + R(t)$, o que implica em $R(t) = N(t) - S(t) - I(t)$.

Daí encontramos o sistema equivalente:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta SI - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I - \gamma I \end{cases} \quad (23)$$

Para encontrar a solução dos infectados tomemos a segunda equação do sistema (23):

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I - \gamma I$$

Pelo método da separação de variáveis, temos:

$$\begin{aligned} \int \frac{1}{(\beta S - \mu - \gamma)I} dI &= \int dt \\ \frac{1}{\beta S - \mu - \gamma} \ln(\beta S - \mu - \gamma)I &= t + c \\ \ln(\beta S - \mu - \gamma)I &= (t + c)(\beta S - \mu - \gamma) \end{aligned}$$

Aplicando o exponencial, obtém-se

$$\begin{aligned}
 (\beta S - \mu - \gamma)I &= e^{(t+c)(\beta S - \mu - \gamma)} \\
 (\beta S - \mu - \gamma)I &= e^{(\beta S - \mu - \gamma)t + (\beta S - \mu - \gamma)c} \\
 I &= \frac{e^{(\beta S - \mu - \gamma)t} e^{(\beta S - \mu - \gamma)c}}{\beta S - \mu - \gamma}
 \end{aligned} \tag{24}$$

onde c é a constante de integração.

Das condições iniciais $S(0) = S_0$ e $I(0) = I_0$, tem-se:

$$\begin{aligned}
 I_0 &= \frac{e^{(\beta S_0 - \mu - \gamma)c}}{\beta S_0 - \mu - \gamma} \\
 e^{(\beta S_0 - \mu - \gamma)c} &= I_0(\beta S_0 - \mu - \gamma) \\
 e^{(\beta S - \mu - \gamma)c} &= I_0(\beta S - \mu - \gamma)
 \end{aligned}$$

Substituindo $e^{(\beta S - \mu - \gamma)c}$ em (24), encontramos a solução para os infectados:

$$I(t) = I_0 e^{(\beta S - \mu - \gamma)t} \tag{25}$$

Podemos encontrar a solução para os suscetíveis tomando a primeira equação do sistema (23):

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \beta SI - \mu S$$

Utilizando o método da separação de variáveis e aplicando exponencial obtemos:

$$\begin{aligned}
 \int \frac{1}{\mu N - (\beta I + \mu)S} dS &= \int dt \\
 \frac{1}{-(\beta I + \mu)} \ln(\mu N - (\beta I + \mu)S) &= t + c \\
 \ln(\mu N - (\beta I + \mu)S) &= -(t + c)(\beta I + \mu) \\
 \mu N - (\beta I + \mu)S &= e^{-(t+c)(\beta I + \mu)} \\
 S &= \frac{\mu N - e^{-(\beta I + \mu)c} e^{-(\beta I + \mu)t}}{\beta I + \mu}
 \end{aligned} \tag{26}$$

com a constante de integração c .

Utilizando as condições iniciais $S(0) = S_0$ e $I(0) = I_0$, temos:

$$\begin{aligned}
 S_0 &= \frac{\mu N - e^{-(\beta I_0 + \mu)c}}{\beta I_0 + \mu} \\
 e^{-(\beta I_0 + \mu)c} &= \mu N - S_0(\beta I_0 + \mu) \\
 e^{-(\beta I + \mu)c} &= -S_0(\beta I + \mu) + \mu N
 \end{aligned}$$

Substituindo $e^{-(\beta I + \mu)c}$ na expressão (26), obteremos:

$$\begin{aligned}
 S &= \frac{\mu N - [-S_0(\beta I + \mu) + \mu N]e^{-(\beta I + \mu)t}}{\beta I + \mu} \\
 &= \frac{\mu N + S_0(\beta I + \mu)e^{-(\beta I + \mu)t} - \mu N e^{-(\beta I + \mu)t}}{\beta I + \mu}
 \end{aligned}$$

$$S(t) = \frac{\mu N + S_0(\beta I + \mu)e^{-(\beta I + \mu)t} - \mu N e^{-(\beta I + \mu)t}}{\beta I + \mu} \quad (27)$$

Assim, a solução analítica para os recuperados é dada por:

$$R(t) = N(t) - [S(t) + I(t)]$$

$$R(t) = N - \left[\frac{\mu N + S_0(\beta I + \mu)e^{-(\beta I + \mu)t} - \mu N e^{-(\beta I + \mu)t}}{\beta I + \mu} + I_0 e^{(\beta S - \mu - \gamma)t} \right] \quad (28)$$

2.1.7 Número de reprodutividade basal

Para Paiva Júnior et al (2021), o número de reprodutividade basal indica a quantidade de casos secundários que um indivíduo infectado pode produzir ao ser introduzido em uma população de suscetíveis. Essa taxa é de grande relevância quando se tem o objetivo de propor políticas de tratamento.

Para o modelo SI com dinâmica vital o número de reprodutividade basal pode ser determinado considerando que o número de novas infecções por unidade de tempo é dado por $\frac{\beta SI}{N}$, o que representa o quanto de infecções cada infectado $\frac{\beta S}{N}$ produz. Daí, supondo $N = S$, isto é, uma população totalmente suscetível, temos β infecções por unidade de tempo. Como a taxa de remoção dos infectados é μI , então o tempo médio da infecciosidade é de $\frac{\beta}{\mu}$ novos casos secundários da infecção. Assim, o número de reprodutividade basal pode ser dado por:

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu}$$

Por outro lado, sabendo que no modelo SIR sem dinâmica vital β é o número de infecção por unidade de tempo e $\frac{1}{\gamma}$, a taxa de remoção dos infectados, então em uma população onde todos os indivíduos sejam suscetíveis um infectado produz $\frac{\beta}{\gamma}$. Assim,

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

No modelo SIR com dinâmica vital o número de infecção por unidade de tempo também é β e a taxa de remoção dos infectados é $\frac{1}{\gamma + \mu}$, então um infeccioso é capaz de produzir $\frac{\beta}{\gamma + \mu}$ novas infecções. Logo, seu número de reprodutividade basal pode ser dado por:

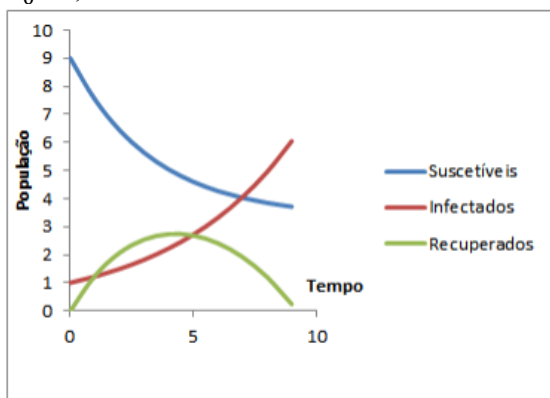
$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$$

Em suma, partir do valor de R_0 , temos que:

- quando $R_0 > 1$, a doença atinge seu nível epidêmico;
- se $R_0 < 1$, a população tende ficar livre da doença;
- Sendo, $R_0 = 1$, a doença atinge seu nível endêmico.

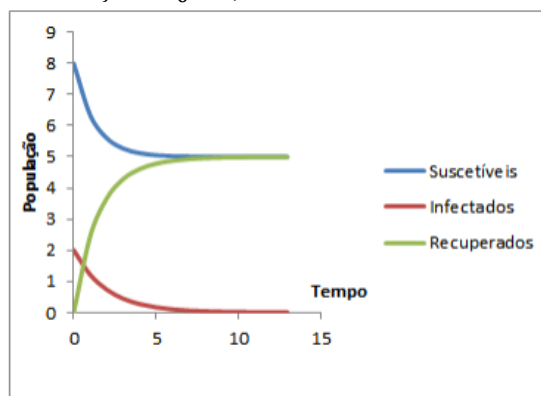
Nas figuras seguintes, de Marcolino (2016), são atribuídos valores para β , γ , μ e as populações, visando observar graficamente a influência do valor de R_0 nas soluções do modelo SIR com dinâmica vital. Na figura 7 são considerado $N(0) = 10$, $S(0) = 9$, $I(0) = 1$, $R(0) = 0$, $\beta = 0,2$, $\gamma = 1,5$ e $\mu = 0,1$, implicando em $R_0 = 1,25 > 1$ e assim, uma situação de equilíbrio endêmico. Já na figura 8 o autor considera $N(0) = 10$, $S(0) = 8$, $I(0) = 2$, $R(0) = 0$, $\beta = 0,2$, $\gamma = 1,7$ e $\mu = 0,4$, obtendo desse modo $R_0 = 0,95 < 1$ e nesse caso, a doença está tendendo para a erradicação.

Figura 7 – Solução em equilíbrio endêmico: $R_0 = 1,25$



Fonte: Marcolino (2016)

Figura 8 – Solução em equilíbrio indo para a erradicação: $R_0 = 0,95$



Fonte: Marcolino (2016)

Portanto, no modelo SIR com ou sem dinâmica vital, da mesma forma que no modelo SI, o R_0 pode indicar a expansão ou diminuição de uma doença infecciosa. Se $R_0 > 1$ a quantidade de infectados aumenta, mas se $R_0 < 1$ essa quantidade decresce proporcionando que a doença tenda a ser extinta.

2.2 METODOLOGIA

A pesquisa tem abordagem quali-quantitativa, consistindo em um estudo de revisão sistemática de literatura. Foram analisados os resultados obtidos em produções acadêmico-científicas, de forma descritiva, visando mostrar como a aplicação da modelagem matemática pode contribuir na epidemiologia e qual o modelo mais adequado para ser usado conforme a situação em questão.

O trabalho foi desenvolvido em 5 etapas, a saber: Etapa 1) Identificação do tema e problema de pesquisa; Etapa 2) Seleção de material de estudo; Etapa 3) Definição das informações a serem extraídas do material de estudo selecionados e categorização; Etapa 4) Análise e interpretação dos resultados do material selecionado; Etapa 5) Explanação da síntese do conhecimento.

A coleta de dados para nortear a pesquisa deu-se por busca eletrônica nas ferramentas Google Acadêmico e Scientific Electronic Library Online (SCIELO), tomando como base os seguintes descritores: modelagem matemática, epidemiologia, modelos matemáticos epidemiológico. O material de estudo foi selecionado conforme os seguintes critérios: artigos e monografias publicados nos últimos 6 anos, escritos em Língua Portuguesa, em que abordassem conceitos referentes a modelos matemáticos epidemiológicos mencionados no resumo, resultados e conclusão da pesquisa. Foram eliminados os materiais que não atendiam aos critérios citados acima e os as publicações repetidas.

Desse modo, no levantamento bibliográfico foi selecionado um total de 08 (oito) produções acadêmico-científicas publicadas, tais como artigos desenvolvidos em conclusão de curso, monografias apresentadas em conclusão de curso de licenciatura ou pós-graduação Lato Sensu e publicações em revistas de ciências. Nessa pesquisa foram abordadas mais especificamente a infecção causada pelo HIV, e a COVID-19, provocada pelo SARS-CoV-2.

É oportuno ressaltar que os dados coletados na pesquisa foram organizados como base nos critérios propostos por Bardin (1977), que ressalta sobre a necessidade de um aprimoramento constante sobre o conjunto de métodos na análise de conteúdo, discutindo e colocando as informações em formas de categorias, adaptando da melhor maneira os assuntos investigados.

Procurou-se analisar a contribuição de modelos matemáticos no estudo de doenças infectocontagiosas, bem como entender qual o mais adequado a ser empregado, dependendo das características da infecção, dos dados existentes e dos objetivos que se pretende alcançar. Os principais aspectos observados nas produções investigadas foram: os modelos matemáticos epidemiológicos aplicados em cada situação, crescimento ou decréscimo da doença dados a partir de equações matemáticas e, finalmente o auxílio da modelagem matemática para entender o desenvolvimento de doenças e obter informações para criar medidas de controle.

2.3 ANÁLISE E DISCUSSÃO DOS RESULTADOS

Esta seção da pesquisa mostra uma análise de produções acadêmicas sobre modelagem matemática aplicada a epidemiologia, selecionadas no período de 2018-2023 organizadas em um quadro (Quadro 1), evidenciando-se a ordem de cada produção estudada intitulada pela letra “P”, o título, autores/ano e o objetivo de cada uma, em seguida é apresentada uma análise e discussão dos resultados a partir das categorias dispostas para o estudo.

2.3.1 Identificação do material de estudo e análise

Quadro 1 – Produções acadêmico-científicas selecionadas (2018-2023)

Produção	Título	Autores/ano	Objetivo
P-1 Monografia apresentada em conclusão de curso	Um estudo sobre equações diferenciais ordinárias aplicadas à epidemiologia	LIMA, Jucimeri Ismael de. 2018	Estudar Equações Diferenciais Ordinárias aplicado à Epidemiologia, em particular apresentar um modelo epidemiológico aplicado ao vírus HIV, o qual foi desenvolvido por meio de um modelo compartimental que considera que todo indivíduo infectado pelo vírus HIV terá AIDS.
P-2 Monografia apresentada em conclusão de curso	DINÂMICA DA COVID-19 DESCRITA PELO MODELO SIR: estudo de caso para três cidades brasileiras	NASCIMENTO, Mateus do. 2020	Descrever a evolução da pandemia da COVID-19, através do modelo epidemiológico SIR, em três cidades distintas: São Paulo/SP; Belo Horizonte/MG; e Varginha/MG
P-3 Artigo publicado em revista	Modelagem dinâmica da COVID-19 com aplicação a algumas cidades brasileiras	GOMES, Sebastião Cícero Pinheiro; Monteiro, Igor Oliveira; Rocha, Carlos Rodrigues. 2020	Compreender melhor a dinâmica de espalhamento da COVID-19, utilizando de um modelo dinâmico compartimental do tipo SIR.
P-4	Modelos matemáticos em epidemiologia	RODRIGUES, Renata Alves.	Apresentar e analisar qualitativamente os

Artigo apresentado em conclusão de curso		2021	modelos SI, SIS e SIR e, posteriormente apresentar uma aplicação do modelo SIR à COVID-19.
P-5 Artigo apresentado em conclusão de curso	Equações diferenciais aplicadas á epidemiologia	AZEVEDO, Kimberly de. 2021	Apresentar modelos matemáticos estudados na Epidemiologia, com enfoque em doenças transmissíveis, como as transmitidas pelos vírus HIV e SARS-CoV-2.
P-6 Artigo publicado em revista	Um Modelo Matemático Discreto do tipo SIR aplicado à dados de casos da COVID-19 no Estado de Mato Grosso	AZEVEDO, Jocenir Aureliano de; ASSIS, Luciana Mafalda Elias de; ASSIS, Raul Abreu de. 2022	Apresentar um modelo matemático discreto do tipo SIR em que são utilizados dados relativos ao número de casos da COVID-19 no Estado de Mato Grosso, Brasil, para elaborar simulações e previsões sobre o fenômeno de propagação da doença.
P-7 Artigo publicado em revista	Modelagem matemática da evolução da pandemia de COVID-19 no Brasil	Moreira, Luiz Henrique; Petry, Vitor José. 2022	Adaptar os modelos SIR e SIRS, que descrevem a dinâmica entre indivíduos suscetíveis, infectados e removidos, com a finalidade de simular o desenvolvimento da pandemia no Brasil.
P-8 Monografia apresentada em conclusão de curso	Análise do comportamento da COVID-19 no Brasil e em Sorocaba via modelagem matemática epidemiológica	ALMEIDA, Leonardo Alberto Freire de. 2023	Executar simulações do modelo, em linguagem Python, levantar dados reais da Covid19 no país e no município, estimar os parâmetros do sistema e plotar gráficos capazes de auxiliar na compreensão da dinâmica da pandemia.

Fonte: Autores

As informações obtidas nas produções mencionados acima apontam, com base em suas abordagens, a ampla aplicabilidade da modelagem matemática no estudo de doenças infectocontagiosas, destacando diversas contribuições dos modelos matemáticos para entender e prever a disseminação ou controle de doenças, contribuindo assim para o desenvolver políticas de saúde pública.

2.3.2 Modelos matemáticos aplicados, as doenças estudadas e escolha dos modelos

A fim de proporcionar uma melhor compreensão a respeito dos estudos desenvolvidos pelos autores das produções mencionadas nesse artigo o **Quadro 2** apresenta uma descrição dos modelos aplicados na pesquisa, das doenças estudadas, e motivos da escolha dos modelos utilizados para estudar as doenças infectocontagiosas nas referidas produções.

Quadro 2 – Modelos matemáticos, doenças, motivo da escolha dos modelos apresentados nas produções

Produções	Modelo matemático aplicado	Doença estudada	Motivo da escolha do modelo
P-1	Modelo epidemiológico com base no modelo SI sem dinâmica vital	HIV	Considera-se uma população formada apenas por indivíduos suscetíveis e infectados, desconsiderando-se nascimentos e mortes, além disso, ao ser infectado o indivíduo não obtém cura.
P-2	SIR com dinâmica vital	COVID-19	Tal modelo é capaz de descrever a propagação de doenças infecciosas cuja transmissão ocorre de forma direta, de indivíduo para indivíduo.
P-3	SIR sem dinâmica vital	COVID-19	Sua estrutura simples necessita de poucos parâmetros para serem estimados, minimizando desse modo a dificuldade de se estimar parâmetros da dinâmica epidêmica em uma determinada região destacada por diversos autores.
P-4	SIR sem dinâmica vital	COVID-19	A população é formada por indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados; não considera diretamente a aplicação de medidas de controle da epidemia, como a vacinação e, desconsidera nascimentos e mortes.
P-5	SI e SIR sem dinâmica vital	HIV e COVID-19	No modelo SI os indivíduos sucessivos ao serem infectados não adquirem imunidade; no SIR considera-se que o indivíduo pode passar pelo compartimento de suscetíveis (S), infecção (I) e removidos (R).
P-6	SIR com dinâmica vital	COVID-19	O contágio pela doença COVID-19 depende da interação entre uma pessoa

			infectada e pessoas suscetíveis, e os infectados podem obter cura.
P-7	SIR sem dinâmica vital	COVID-19	O trabalho leva em conta o fato de que no início dos casos de COVID-19 não eram conhecidos casos de reinfeção.
P-8	SIR sem dinâmica vital	COVID-19	A população total desse modelo é composta por suscetíveis, infectados e removidos, além disso, a COVID-19 é transmitida de pessoa para pessoa.

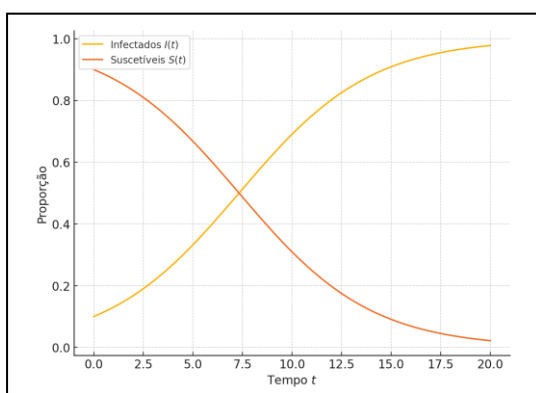
Fonte: Autores

Nota-se que em todas as produções mencionadas acima os modelos abordados foram SI ou SIR, com ou sem dinâmica vital, no qual a escolha de cada modelo se deu conforme as características da enfermidade, podendo ser modificado de acordo com os dados que o pesquisador dispõe e os objetivos que pretende alcançar.

2.3.3 Modelos matemáticos apresentados e suas contribuições no estudo de doenças infectocontagiosas

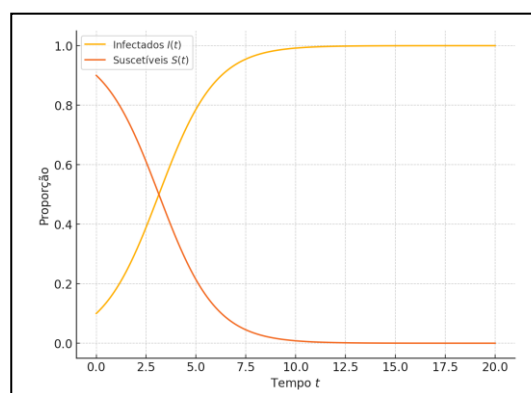
Analisando os trabalhos sobre o modelo SI sem dinâmica vital aplicados ao HIV, verifica-se que quanto maior for a taxa de infecção (β), mais rápido aumenta o número de indivíduos infectados e, conseqüentemente, diminui o de suscetíveis. Esse fato é observado facilmente considerando as equações (7) e (8) apontadas anteriormente e atribuindo valores para o parâmetro β . Nas figuras 9 e 10 consideremos $\beta = 0,3$ e $\beta = 0,7$, respectivamente. Vale ressaltar que inicialmente considera-se a inserção de um infectado em uma população de suscetíveis, isto é, $I(0) = 0,1$ e $S(0) = 0,9$.

Figura 9 - Variação temporal do número de suscetíveis $S(t)$ e de infectados $I(t)$, no modelo SI sem dinâmica vital, para $\beta = 0,3$, com $I(0) = 0,1$ e $S(0) = 0,9$.



Fonte: Autores

Figura 10 - Variação temporal do número de suscetíveis $S(t)$ e de infectados $I(t)$, no modelo SI sem dinâmica vital, para $\beta = 0,7$, com $I(0) = 0,1$ e $S(0) = 0,9$.



Fonte: Autores

Portanto, é perceptível que quando t tende ao infinito, $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = 0$, e consequentemente $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 1$, ou seja, toda população será infectada. Além disso, podemos observar que quanto maior o coeficiente de transmissão β , mais rapidamente o número de infectados cresce.

Ao analisar as produções que tratam da COVID-19, observa-se que em todas aplica-se o modelo SIR ou uma adaptação deste. Conforme exposto nos referidos estudos, o modelo, apesar de ser relativamente simples, pois considera a divisão total em apenas três compartimentos (Suscetíveis-Infectados-Recuperados), mostrou-se eficaz para prever a propagação e controle da doença.

É notório nos estudos referentes a aplicação do modelo SIR sem dinâmica vital na COVID-19 que os valores da taxa de infecção (β) e taxa de recuperação (γ) são essenciais para verificar o crescimento ou decrescimento da infecção. Aumentando o valor de β o número de infectados cresce exponencialmente, à medida que aumentando o valor de γ quantidade de infectados e diminui.

Nas produções relativas à utilização do modelo SIR com dinâmica vital, constata-se que o número de reprodução basal (R_0), é fundamental para o controle dos casos da doença. Atribuindo valores para R_0 percebe-se, por exemplo, o momento de pico da infecção.

Dessa forma, constata-se que os modelos SI e SIR se apresentam como importante ferramenta no estudo da infecção acarretada pelo HIV e da COVID-19, respectivamente. Esses modelos são simples, com poucos parâmetros e variáveis, o que permite que seja adaptado para diferentes contextos. Além disso, seus parâmetros são essenciais para verificar a dinâmica dessas doenças infectocontagiosas e servir para nortear a formulação de políticas de controle.

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante da análise das produções acadêmico-científicas apresentadas nesta pesquisa, constatou-se a extensa aplicabilidade da Matemática no campo da epidemiologia, sendo relevante compreender como a modelagem matemática pode contribuir nos estudos sobre doenças infectocontagiosas no contexto brasileiro, bem como a identificação do modelo mais adequado a ser aplicado conforme a doença estudada.

Perante o exposto, certifica-se que o objetivo geral foi atendido, pois com a análise conseguiu-se identificar a contribuição da modelagem matemática no estudo sobre a dinâmica de propagação e controle de doenças infectocontagiosa no contexto brasileiro, uma vez que modelos matemáticos podem descrever o crescimento ou decrescimento do HIV e da COVID-19, contribuindo para a tomada de decisões coerentes no campo da saúde pública.

O entendimento de conceitos básicos de modelagem matemática e modelos matemáticos epidemiológicos possibilitou visualizar a colaboração de equações matemáticas na investigação de doenças infectocontagiosas, sendo que quanto mais complexa for a equação mais precisos serão os resultados do estudo.

O presente trabalho consiste no estudo sistemático de produções acadêmico-científicas tratando da aplicação de modelos matemáticos no HIV e na COVID-19. Assim, percebe-se que a pesquisa poderia ser realizada com uma quantidade maior de produções, principalmente voltadas a infecção causada pelo HIV, no entanto não foi possível devido ao número limitado de publicações recentes relacionadas ao tema.

Em síntese, a Matemática, ciência de grande relevância na humanidade, através da ferramenta modelagem matemática pode contribuir significativamente no estudo de doenças infectocontagiosas no contexto brasileiro, possibilitando uma abordagem quantitativa confiável para compreender a dinâmica de tais doenças. Dessa forma, a modelagem matemática tanto favorece o campo da epidemiologia, quanto se mostra essencial norteadora para elaboração de políticas públicas eficazes para o controle de enfermidades.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, Leonardo Alberto Freire de. **Análise do comportamento da COVID-19 no Brasil e em Sorocaba via modelagem matemática epidemiológica**. 2023. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) – Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, 2023.
- ALMEIDA, P. R. d. **Modelos epidêmicos SIR, contínuos e discretos, e estratégias de vacinação**. 2014. Dissertação (Mestrado em Álgebra; Análise; Geometria e Topologia; Matemática Aplicada) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2014.
- AZEVEDO, Jocenir Aureliano de; ASSIS, Luciana Mafalda Elias de; ASSIS, Raul Abreu de. Um Modelo Matemático Discreto do tipo SIR aplicado à dados de casos da COVID-19 no Estado de Mato Grosso. **Intermaths**, Mato Grosso, v. 3, n 1, p. 50-69, jan-jun 2022.
- AZEVEDO, Kimberly de. **Equações diferenciais aplicadas à epidemiologia**. 2021. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Cornélio Procopio, 2021.
- BARDIN, L. **Análise do discurso**. Lisboa: Edições 70, 1977.
- BASSANEZI, R. C. **Ensino-aprendizagem com modelagem matemática: uma nova estratégia**. São Paulo: Contexto, 2002.
- BASSANEZI, R. C. **Modelagem matemática: teoria e prática**. São Paulo: Contexto, 2015.
- BIEMBENGUT, M. S. HEIN, N. **Modelagem matemática no ensino**. 5. ed. São Paulo: Contexto, 2022.
- BRASIL. **Diagnósticos do HIV**. TELELAB-Diagnóstico e tratamento. SUS-Secretaria de Vigilância em saúde, Departamento de DST, AIDS e Hepatites Virais, Universidade de Santa Catarina. Ministério da Saúde, 2014.
- BRASIL. Câmara dos Deputados. **Projeto de Lei Nº 3.755, de 2020**. Institui a campanha Março Vermelho para conscientizar a população acerca da prevenção do contágio de doenças infectocontagiosas. Brasília: Câmara dos deputados, 2020. Disponível em: <https://www.camara.leg.br>. Acesso em 08 abr. 24.
- BRASIL. Ministério da Saúde. **Covid 19**. 2021. Disponível em: <https://bvsmis.saude.gov.br/covid-19-2/>. Acesso em: 08 abr. 24.
- GOMES, Sebastião Cícero Pinheiro; Monteiro, Igor Oliveira; Rocha, Carlos Rodrigues. Modelagem dinâmica da COVID-19 com aplicação a algumas cidades brasileiras. **Revista Thema**. v. 18, p. 1-25, 2020.
- PAIVA JÚNIOR, F. P. de. et al. **Modelagem matemática e epidemiologia com aplicações**. 1. ed. Curitiba: Appris, 2021.
- LIMA, Jucimeri Ismael de. **Um estudo sobre equações diferenciais ordinárias aplicado à epidemiologia**. 2018. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) – Universidade Federal de Campina Grande, Cuité, 2018.

MOREIRA, Luiz Henrique; PETRY, Vitor José. Modelagem matemática da evolução da pandemia de COVID-19 no Brasil. **Revista Sergipana de Matemática e Educação Matemática**. v. 7, n. 2, p. 139-164, 2022.

NASCIMENTO, Mateus do. **Dinâmica da COVID-19 descrita pelo Modelo SIR**: estudo de caso para três cidades brasileiras. 2020. Trabalho de Conclusão de Curso (Especialização em Modelagem em Ciência e Tecnologia), Universidade Federal de Alfenas, Varginha, 2020.

RODRIGUES, Renata Alves. **Modelos matemáticos em epidemiologia**. 2021. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Matemática) – Universidade Federal do Pampa, Itaqui, 2021.

SEVERINO, A. J. **Metodologia do trabalho científico**. 23 ed. São Paulo: Cortez, 2007.

ZILL, D. G; CULLEN M. R. **Equações Diferenciais**. São Paulo: Pearson, 2007.