



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO TECNOLÓGICO
DEPARTAMENTO DE INFORMÁTICA E ESTATÍSTICA
SISTEMAS DE INFORMAÇÃO

Relatório de Progresso

Pedro Guimarães Caninas
Orientador - Álvaro Junio Pereira Franco

Florianópolis
2022

Sumário

| | | |
|----------|-----------------------------------------------|----------|
| 1 | Introdução e motivações | 2 |
| 2 | Desenvolvimento | 2 |
| 2.1 | Grafos | 2 |
| 2.2 | Modelos Epidemiológicos | 3 |
| 2.2.1 | Conceitos Iniciais | 3 |
| 2.2.2 | O modelo SIS | 4 |
| 2.2.3 | O modelo SIR sem dinâmicas vitais | 5 |
| 2.2.4 | O modelo SIR com dinâmicas vitais | 6 |
| 2.2.5 | Imunização de rebanho | 6 |
| 2.2.6 | Definição do modelo para o problema | 6 |
| 2.3 | Cálculo | 9 |
| 2.3.1 | Limites | 9 |
| 2.3.2 | Derivadas | 11 |

1 Introdução e motivações

Esse relatório tem como objetivo detalhar os aprendizados que foram necessários para o entendimento da problemática do projeto de pesquisa e para a futura representação computacional do modelo e suas simulações.

O estudo sobre os conceitos básicos e definições sobre a Teoria dos Grafos (2.1) é essencial para que se consiga entender e modelar computacionalmente o problema descrito. Logo depois já é possível estudar com mais detalhes os modelos epidemiológicos básicos (2.2.1 - 2.2.5) e a partir deles seguir com as definições necessárias para se modelar o problema, utilizando-se diferentes topologias de rede hipotéticas ou baseadas em abstrações do mundo real (2.2.6). Em seguida é necessário o estudo da parte inicial do cálculo (2.3) para compreender melhor as formulações que serão dadas para o modelo futuro.

2 Desenvolvimento

2.1 Grafos

Um grafo é composto por dois componentes, os vértices e as arestas. Sendo elas V e A respectivamente, temos que um grafo G é representado por $G = (V, A)$, ou seja, um grafo é um par de conjuntos de vértices e arestas. Suas arestas são representadas como um subconjunto de seus vértices $\{v, w\}$, onde v e w são vértices distintos e pontas da aresta.

Um vértice v é adjacente a outro quando existe um subconjunto $\{v, w\}$ de A ligando eles. $V(2)$ é o conjunto dos pares não ordenados de V . O grafo complementar de um grafo $G(V, A)$ é definido por $(V, V(2)/A)$, em outras palavras, são todas as arestas possíveis entre os vértices menos as arestas já existentes no grafo.

A ordem de um grafo é a sua cardinalidade, definida pelo número de vértices contidos nele. O grau de um vértice é o número de arestas que incidem nele. A soma dos graus dos vértices é sempre igual ao dobro do número de arestas.

Um subgrafo é qualquer grafo H derivado de outro grafo G , ou seja, que ambos seus vértices e suas arestas estão contidas respectivamente no conjunto dos vértices e arestas do grafo “pai” ($V(H) \subseteq V(G)$ e $A(H) \subseteq A(G)$). Os grafos podem ser conexos, isto é, para todos os seus pares de vértices existem arestas os ligando.

Um grafo também pode ser orientado (direcionado), onde seu conjunto de arestas são pares ordenados, portanto, uma aresta $\{v, w\}$ difere de $\{w, v\}$.

Os grafos podem ser representados computacionalmente através de 2 estruturas, a matriz de adjacência e a lista de adjacência.

A **matriz de adjacência** é representada por um array bidimensional de tamanho $[V][V]$ ou equivalentes, sendo V o número de vértices do grafo com cada linha representando um deles e cada coluna as suas arestas, representadas por 1 caso exista uma aresta ligando um vértice da linha n com o vértice de uma coluna m , ou 0 se a conexão não existe. Outros números podem ser usados para representar a existência da aresta se o grafo é ponderado.

Já na **lista de adjacência** a ideia é parecida. Uma lista tem tamanho V e em cada

posição há um conjunto não ordenado de arestas pertencentes ao vértice correspondente ao índice. Esse conjunto de arestas pode ser implementado através de um array, lista (python) ou até uma lista encadeada. Há diversas formas de se implementar a conexão (correspondência) entre um vértice e um índice na lista, como por exemplo utilizando-se um Hash que contém os conjuntos citados anteriormente e uma função para corresponder um vértice a uma posição. Um dicionário em python, que é implementado com base na estrutura de um Hash, pode ser usado para esta finalidade também.

2.2 Modelos Epidemiológicos

2.2.1 Conceitos Iniciais

Uma epidemia é caracterizada por um espalhamento acima do esperado em um curto período de tempo, dificilmente de grande porte. Uma endemia é um espalhamento em pequena escala em uma população, pode se tornar uma epidemia. Uma pandemia é uma epidemia mundial, em larga escala.

A disseminação de uma doença infecciosa envolve não só fatores relacionados à doença em si como o agente infeccioso, modo de transmissão, período latente (infecção até ser possível transmitir), período de infecção, suscetibilidade e resistência, mas também fatores sociais, culturais, demográficos, econômicos e geográfico.

Existem 3 modelos determinísticos (onde a aleatoriedade não faz parte) que podem ser utilizados para doenças transmitidas de pessoa \rightarrow pessoa, O SIS e o SIR com e sem dinâmicas vitais. Para outros modos de transmissão (Ex. pessoa \rightarrow vetor \rightarrow pessoa) modelos mais complexos são necessários. Tais modelos são úteis para comparar efeitos de prevenção e procedimentos de controle, além de identificar dados cruciais que precisam ser coletados para um melhor entendimento do problema.

Algumas definições:

- Suscetíveis $S_{(t)}$ - podem adquirir a doença mas ainda não estão infectados.
- Infectados $I_{(t)}$ - Estão transmitindo a doença para outros.
- Removidos $R_{(t)}$ - Removidos da interação suscetível-infectado por imunidade, isolamento ou morte.
- Reservatório natural - habitat em que o agente infeccioso vive, cresce e multiplica.
- Vetor - transmite a doença de um Reservatório natural para uma pessoa.
- μ - taxa de remoção diária por morte
- γ - taxa de remoção diária por recuperação
- $\mu + \gamma$ - taxa de remoção total da classe de infectados
- $\frac{1}{\gamma + \mu}$ - tempo médio de infectividade (duração da infecção)
- λ - taxa de contato diária

- λS - média de suscetíveis infectados por um infectado
- λSNI - número médio de suscetíveis infectados por uma população de infectados (indecência / casos diários)
- $\sigma = \frac{\lambda}{\gamma + \mu}$ - número médio de contatos adequados (número de contatos)

Os modelos que serão descritos a seguir precisam de suposições para a correta modelagem do problema:

1 - A população tem tamanho constante N e é grande o suficiente para que cada classe (S , I , R) possa ser considerada uma variável contínua. Se consideradas dinâmicas vitais, é assumido que os nascimentos e mortes ocorrem em taxas iguais e todos nascidos são suscetíveis. Indivíduos são removidos por morte de cada classe a uma taxa proporcional ao tamanho da classe com taxa μ (daily death removal rate). Isso corresponde a um exponencial negativo de estrutura de idade com tempo médio de vida de $\frac{1}{\mu}$.

2 - A população é homogeneamente misturada. A taxa de contato diária λ é o número médio de contatos adequados por dia (em que o infectado efetivamente infecta o suscetível). Portanto a média de suscetíveis infectados por um infectado por dia é λS , sendo assim, a média de suscetíveis infectados por uma classe de infectados com tamanho NI por dia é λSNI . A taxa de contato diária é fixa e não muda conforme as estações. O tipo de contato adequado (direto ou indireto) depende da doença. O número de casos por dia λSNI , chamado de incidência, é uma lei de ação de massas, já que envolve o produto de S e I .

3 - Indivíduos se recuperam e são removidos da classe de infectados a uma taxa proporcional ao número de infectados com proporcionalidade constante γ , chamada de taxa de recuperação/remoção diária. O período de latência é 0 (período entre a infecção e o aparecimento dos sintomas), portanto a proporção de indivíduos expostos (e imediatamente infectados) em tempo t_0 que ainda estão infectados em tempo $t_0 + t$ é $\exp(-\gamma t)$ e o período médio de infectividade é $\frac{1}{\gamma}$. A taxa de remoção da classe de infectados, tanto por recuperação ou por morte, é $\gamma + \mu$ (recuperados + mortos), portanto a média ajustada por morte do período de infectividade é $\frac{1}{\gamma + \mu}$.

Se a recuperação não confere imunidade então o modelo utilizado é o SIS, Suscetível \rightarrow Infectado \rightarrow Suscetível. Já se a recuperação confere imunidade permanente então o modelo é o SIR, Suscetível \rightarrow Infectado \rightarrow Recuperado. Se o indivíduo se recupera com imunidade temporária, então se utiliza o modelo SIRS, Suscetível \rightarrow Infectado \rightarrow Recuperado \rightarrow Suscetível. E ainda existe o modelo SI, utilizado quando não há recuperação. Normalmente doenças virais são SIR, enquanto doenças bacterianas são SIS.

2.2.2 O modelo SIS

Um problema de valor inicial (IVP) é uma equação diferencial ordinária junto com uma condição inicial que especifica o valor da função desconhecida em um dado ponto no domínio.

O IVP em termos do tamanho das classes (N):

$$\begin{aligned}
(NS_{(r)})' &= -\lambda SNI + \gamma NI + \mu N - \mu NS \\
(NI_{(t)})' &= \lambda SNI - \gamma NI - \mu NI \\
NS_{(0)} &= NS_0 > 0, NI_{(0)} = NI_0 > 0, NS_{(t)} + NI_{(t)} = N
\end{aligned}$$

IVP básicas em termos de frações das classes:

$$\begin{aligned}
S'_{(t)} &= -\lambda IS + \gamma I + \mu - \mu S \\
I'_{(r)} &= \lambda IS - \gamma I - \mu I \\
S_{(0)} &= S_0 > 0, I_{(0)} = I_0 > 0, S_{(t)} + I_{(r)} = 1.
\end{aligned}$$

Já que S pode ser encontrado a partir de I usando $S_{(t)} = 1 - I_{(t)}$:

$$\begin{aligned}
I'_{(t)} &= [\lambda - (\gamma + \mu)]I - \lambda I^2 \\
I_{(0)} &= I_0 > 0
\end{aligned}$$

Teorema 1: A solução da equação acima se aproxima de $1 - \frac{1}{\sigma}$ conforme $t \rightarrow \infty$ se $\sigma > 1$ e aproxima-se de 0 conforme $t \rightarrow \infty$ se $\sigma \leq 1$. Esse teorema mostra que para uma doença sem imunidade com qualquer valor fracionário infeccioso inicial, a fração infecciosa se aproxima de um valor constante endêmico se o número de contatos excede 1, se não a doença some.

2.2.3 O modelo SIR sem dinâmicas vitais

O modelo não utiliza dinâmicas vitais quando é uma epidemia (curta duração). Influenza é um exemplo de doenças desse tipo.

IVP em termos do tamanho das classes (N):

$$\begin{aligned}
(NS_{(t)})' &= -\lambda SNI \\
(NI_{(t)})' &= \lambda SNI - \gamma NI \\
(NR_{(t)})' &= \gamma NI \\
NS_{(0)} &= NS_0 > 0, NI_{(0)} = NI_0 > 0, NR_{(0)} = NR_0 \geq 0 \\
NS_{(t)} + NI_{(t)} + NR_{(t)} &= N
\end{aligned}$$

IVP básicas em termos de frações das classes:

$$\begin{aligned}
S'_{(t)} &= -\lambda SI \\
I'_{(t)} &= \lambda SI - \gamma I \\
S_{(0)} &= S_0 > 0, I_{(0)} = I_0 > 0.
\end{aligned}$$

Já que $R_{(t)}$ pode ser encontrado através de $S_{(t)}$ e $I_{(t)}$ usando $R_{(t)} = 1 - S_{(t)} - I_{(t)}$. A região epidemiologicamente razoável no plano SI é o triângulo dado por:

$$T = (S, I) \mid S \geq 0, I \geq 0, S + I \leq 1$$

teorema...

2.2.4 O modelo SIR com dinâmicas vitais

O modelo é utilizado em doenças em uma população durante um longo período. Uma doença é chamada endêmica se está presente em uma população por mais de 10 ou 20 anos.

IVP em termos do tamanho das classes (N):

$$\begin{aligned}(NS_{(t)})' &= -\lambda SNI + \mu N - \mu NS \\(NI_{(t)})' &= \lambda SNI - \gamma NI - \mu NI \\(NR_{(t)})' &= \gamma NI - \mu NR \\NS_{(0)} &= NS_0 > 0, NI_{(0)} = NI_0 \geq 0, NR_{(0)} = NR_0 \geq 0 \\NS_{(t)} + NI_{(t)} + NR_{(t)} &= N\end{aligned}$$

IVP básicas em termos de frações das classes:

$$\begin{aligned}S'_{(t)} &= -\lambda SI + \mu - \mu S \\I'_{(t)} &= \lambda SI - \gamma I - \mu I \\S_{(0)} &= S_0 > 0, I_{(0)} = I_0 \geq 0. \\R_{(t)} &= 1 - S_{(t)} - I_{(t)}\end{aligned}$$

Teorema 1 Se $\sigma \leq 1$, então o triângulo T é uma região de estabilidade assintótica para o ponto de equilíbrio $(1,0)$. Se $\sigma > 1$, então $T - (S, 0) \mid 0 \leq S \leq 1$ é a região de estabilidade assintótica para o ponto de equilíbrio $(\frac{1}{\sigma}, \frac{\mu(\sigma-1)}{\lambda})$

$$T = (S, I) \mid S \geq 0, I \geq 0, S + I \leq 1$$

2.2.5 Imunização de rebanho

Uma população é dita ter imunidade de rebanho quando para uma certa doença há pessoas imunes em quantidade suficiente para que a doença não se espalhe mais se ela fosse introduzida em qualquer lugar da população.

Para prevenir a disseminação de uma infecção, pessoas o suficiente devem ser imunes para que o número de reposições satisfaça $\sigma S < 1$. Sendo assim a fração suscetível tem que ser pequena o suficiente para que o infectado infecte menos de uma pessoa durante o período de infectividade.

2.2.6 Definição do modelo para o problema

Para representar o nosso problema precisamos juntar os conhecimentos de grafos e dos modelos epidemiológicos, começando pelas definições básicas utilizando-se o modelo SIS e avançando para o modelo SIR final. Como citado anteriormente, uma pessoa suscetível pode ser infectada se tiver contato com um infectado, sendo a quantidade total desses encontros denotada por X e existe uma taxa de virulência $v \in [0, 1]$ atrelada que dita quantos desses encontros de fato resultarão em uma infecção de um suscetível. As pessoas

infectadas podem se recuperar e voltar a serem suscetíveis a uma taxa $\epsilon \in [0, 1]$. Essas taxas estão relacionadas a t , ou seja:

$$\begin{aligned} |S^t| &= |S^{t-1}| + \epsilon |I^{t-1}| - v |X^{t-1}| \\ |I^t| &= |I^{t-1}| - \epsilon |I^{t-1}| + v |X^{t-1}| \end{aligned} \quad (1)$$

(FRANCO, 2020)

O número total de pessoas no modelo é constante e o número de infectados e suscetíveis são representados por números inteiros.

Um grafo é utilizado para representar o relacionamento entre as pessoas, então temos um grafo G composto de vértices $V \in \mathbb{N}^*$ (bairros) e arestas $A = \{v, w\}$. O número de vértices adjacentes a um certo vértice i é denotado por $\chi(i)$. Para cada vértice existe um grupo de pessoas que nele estão e um valor real associado no intervalo de 0 e 1, ele representa o fator de distanciamento social do vértice i no tempo t (α_i^t). Há uma aresta ligando os vértices se estes são vizinhos no mundo real, ou seja, se existe uma conexão física ligando ambos os bairros.

No modelo existem dois grupo de pessoas: as que respeitam o distanciamento social (\dot{S}_i^t, \dot{I}_i^t) e as que não respeitam ($\ddot{S}_i^t, \ddot{I}_i^t$). Ele supõe que as que não respeitam podem sair de seu próprio vértice e ir para seus adjacentes (χ), mas não além deles. É assumido também que o fator de distanciamento social é aplicado igualmente em S_i^t e I_i^t , ou seja:

$$\begin{aligned} |\dot{S}_i^t| &= \lfloor \alpha_i^t |S_i^t| \rfloor, \quad |\ddot{S}_i^t| = |S_i^t| - |\dot{S}_i^t|, \\ |\dot{I}_i^t| &= \lfloor \alpha_i^t |I_i^t| \rfloor \text{ e } |\ddot{I}_i^t| = |I_i^t| - |\dot{I}_i^t|. \end{aligned} \quad (2)$$

(FRANCO, 2020)

Pessoas que respeitam o distanciamento social podem se tornar infectadas por causa de situações que obrigam ela a sair de casa, como ir ao mercado. Essa fração de pessoas é representada por ($\lfloor \lambda_{\dot{S}} |\dot{S}_i^t| \rfloor$ e $\lfloor \lambda_{\dot{I}} |\dot{I}_i^t| \rfloor$). Todas as pessoas que não respeitam o distanciamento podem ser infectadas.

O números de pessoas que saem de um vértice i para seus vizinhos $\chi(i)$ é representado por $\beta_{i \rightarrow j}^t = \frac{1}{\chi(i)+1}$, ou seja, as pessoas são distribuídas igualmente entre os vértices vizinhos e o próprio vértice i . A partir disso podemos dizer que as pessoas circulando em um certo vértice i no tempo t é $(\sum_{j \in \chi(i)} \beta_{j \rightarrow i}^t \ddot{N}_j^t) + \beta_{i \rightarrow i}^t \ddot{N}_i^t + \dot{N}_i^t$

| Caso geral | Caso experimental |
|----------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------|
| $\dot{S}_i^t : \lambda_{\dot{S}} \dot{S}_i^t $ | $\lfloor \lambda_{\dot{S}} \dot{S}_i^t \rfloor$ |
| $\dot{I}_i^t : \lambda_{\dot{I}} \dot{I}_i^t $ | $\lfloor \lambda_{\dot{I}} \dot{I}_i^t \rfloor$ |
| $\ddot{S}_i^t : \ddot{S} (1 - \sum_{j \in \chi(i)} \beta_{i \rightarrow j}^t)$ | $\lfloor \frac{ \ddot{S} }{ \chi(i) +1} \rfloor + (\ddot{S} \bmod (\chi(i) + 1))$ |
| $\ddot{I}_i^t : \ddot{I} (1 - \sum_{j \in \chi(i)} \beta_{i \rightarrow j}^t)$ | $\lfloor \frac{ \ddot{I} }{ \chi(i) +1} \rfloor + (\ddot{I} \bmod (\chi(i) + 1))$ |
| $\ddot{\ddot{S}}_i^t : \sum_{j \in \chi(i)} \ddot{\ddot{S}}_i^t \beta_{j \rightarrow i}^t$ | $\sum_{j \in \chi(i)} \lfloor \frac{ \ddot{\ddot{S}}_i^t }{ \chi(j) +1} \rfloor$ |
| $\ddot{\ddot{I}}_i^t : \sum_{j \in \chi(i)} \ddot{\ddot{I}}_i^t \beta_{j \rightarrow i}^t$ | $\sum_{j \in \chi(i)} \lfloor \frac{ \ddot{\ddot{I}}_i^t }{ \chi(j) +1} \rfloor$ |

Tabela 1: (FRANCO, 2020)

$\ddot{\ddot{S}}_i^t$ e $\ddot{\ddot{I}}_i^t$ representam pessoas de vértices adjacentes que não respeitam o distanciamento social. A partir das novas definições de distanciamento, podemos utilizar ele como um fator dentro do modelo (1):

$$\begin{aligned} |S^t| &= |S^{t-1}| + \epsilon |I^{t-1}| - v(|\dot{X}^{t-1}| + |\ddot{X}^{t-1}|) \\ |I^t| &= |I^{t-1}| - \epsilon |I^{t-1}| + v(|\dot{X}^{t-1}| + |\ddot{X}^{t-1}|) \end{aligned} \quad (3)$$

(FRANCO, 2020)

$$\begin{aligned} |\dot{X}_i^t| &= \sum_{p=1}^{\dot{S}_i^t} \dot{Y}_{pi}^t \\ |\ddot{X}_i^t| &= \sum_{p=1}^{\ddot{S}_i^t} (\ddot{Y}_{pi \rightarrow i}^t) + \sum_{j \in \chi(i)} (\sum_{p=1}^{T_j} \ddot{Y}_{pi \rightarrow j}^t) \end{aligned}$$

Sendo $T_j = |\ddot{S}_i^t| \beta_{i \rightarrow j}^t$ (suscetíveis de i circulando em j)

Com esses conceitos esclarecidos podemos passar a considerar o modelo como SIR. A diferença no modelo é que a fração de recuperados dos Infectados vai para a classe de Recuperados em vez de ir para os Suscetíveis novamente:

$$\begin{aligned} |S^t| &= |S^{t-1}| - v(|\dot{X}^{t-1}| + |\ddot{X}^{t-1}|) \\ |I^t| &= |I^{t-1}| - \epsilon |I^{t-1}| + v(|\dot{X}^{t-1}| + |\ddot{X}^{t-1}|) \\ |R^t| &= |R^{t-1}| + \epsilon |I^{t-1}| \end{aligned} \quad (4)$$

(FRANCO, 2020)

Os fatores de distanciamento social são calculados da mesma forma que (2) mas com a adição da classe de Recuperados:

$$|\dot{R}_i^t| = \lfloor \alpha_i^t |R_i^t| \rfloor, \quad |\ddot{R}_i^t| = |R_i^t| - |\dot{R}_i^t|.$$

A ?? (Tabela 1) também pode ser atualizada com a nova classe de Recuperados:

| Caso geral | Caso experimental |
|----------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------|
| $\dot{R}_i^t : \lambda_{\dot{R}} \dot{R}_i^t $ | $\lfloor \lambda_{\dot{R}} \dot{R}_i^t \rfloor$ |
| $\ddot{R}_i^t : \ddot{R} (1 - \sum_{j \in \chi(i)} \beta_{i \rightarrow j}^t)$ | $\lfloor \frac{ \ddot{R} }{ \chi(i) +1} \rfloor + (\ddot{R} \bmod (\chi(i) + 1))$ |
| $\ddot{R}_i^t : \sum_{j \in \chi(i)} \ddot{R}_i^t \beta_{j \rightarrow i}^t$ | $\sum_{j \in \chi(i)} \lfloor \frac{ \ddot{R}_i^t }{ \chi(j) +1} \rfloor$ |

Tabela 2: (FRANCO, 2020)

2.3 Cálculo

2.3.1 Limites

O estudo de limites é a etapa inicial para se entender derivadas, além de ser interessante para se fazer análises matemáticas nos modelos epidemiológicos.

$$\lim_{x \rightarrow a} \frac{f(x)}{g(x)} \text{ limite de } f(x) / g(x) \text{ quando } x \text{ tende a } a$$

Existem diferentes casos para a análise e resolução de um limite. O primeiro deles é quando $f(a)$ e $g(a)$ são diferentes de zero, neste caso basta solucionar ambas as funções normalmente com o valor de a . Os próximos dois casos são quando numerador ($f(a)$) é igual a zero ou o denominador ($g(a)$) é igual a zero, sendo o primeiro sempre igual a zero e no segundo é preciso testar a igualdade entre os seus limites laterais, por exemplo:

$$\lim_{x \rightarrow 4} \frac{x+1}{x^2-6x+8}$$

A partir da substituição nota-se que $x^2 - 6x + 8$ é zero quando x tende a 4, ou seja, 4 é uma de suas raízes e sua outra raiz é 2. O teste pela direita é testar x quando este se aproxima “pela direita”:

$$\lim_{x \rightarrow 4+} \frac{x+1}{x^2-6x+8}$$

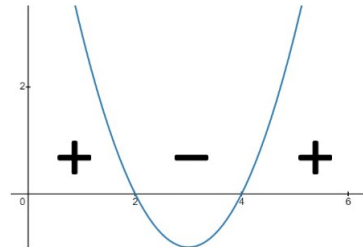


Figura 1: Gráfico da função $x^2 - 6x + 8$

Analisando o sinal de x no gráfico da equação do denominador (1) percebemos que quando x se aproxima de 4 pela direita seu valor tende a ser infinitamente próximo de zero positivamente (por causa do numerador ser dividido por um valor positivo infinitamente pequeno), portanto o limite pela direita é $+\infty$:

$$\lim_{x \rightarrow 4+} \frac{x+1}{x^2-6x+8} = +\infty$$

E a resolução do limite lateral pela esquerda é $-\infty$, já que quando x se aproxima de 4 pela esquerda o valor da função tende a ser infinitamente próximo de zero negativamente ($x = 3,9999$ por exemplo)

$$\lim_{x \rightarrow 4-} \frac{x+1}{x^2-6x+8} = -\infty$$

E a partir desses resultado nós descobrimos que a resolução deste limite não existe (\nexists), já que seus limites laterais são diferentes, se fossem iguais a resposta seria a própria resolução do limite encontrada.

O quarto caso é quando ambos numerador e denominador são iguais a zero:

$$\lim_{x \rightarrow a} \frac{f(x)}{g(x)} = \frac{0}{0}$$

Portanto a é a raiz de ambas as funções. Para solucionar este caso é preciso fatorar uma das funções, por exemplo:

$$\lim_{x \rightarrow -2} \frac{x^2+x-2}{x+2} = \frac{(x+2)(x-1)}{x+2}$$

Encontrando as raízes 2 e -1 podemos fatorar a função e em seguida “cortar” com a de baixo, sobrando o limite:

$$\lim_{x \rightarrow -2} x-1 = -3$$

Depois é só substituir o x (caso 1) e encontra-se a resposta.

Existe ainda um último caso, o limite no infinito, em que x tende a ∞ . Para solucioná-lo é preciso levar em conta apenas o termo de maior grau, por exemplo:

$$\lim_{x \rightarrow +\infty} \frac{x^2+2x-3}{x+2} = \frac{+\infty}{+\infty} = +\infty$$

$$\lim_{x \rightarrow -\infty} \frac{x^2+2x-3}{x+2} = \frac{+\infty}{-\infty} = -\infty$$

O pensamento mais comum é achar que a solução desses limites é 1 ou -1, mas apesar de ambas funções tenderem ao infinito, a de maior grau tende “mais rápido”, portanto o resultado não é 1 na divisão, já que $\forall x > 0, f(x) > g(x)$. Quando o termo de maior grau está no denominador nós temos a seguinte situação:

$$\lim_{x \rightarrow +\infty} \frac{x^2+1}{x^3+2x-3} \approx \frac{x^2}{x^3} \approx \frac{1}{x}, x \rightarrow +\infty, \text{ portanto } = 0$$

E quando ambas são de mesmo grau:

$$\lim_{x \rightarrow +\infty} \frac{2x^3+1}{x^3+2x-3} \approx \frac{2x^3}{x^3} \approx \frac{2}{1} = 2$$

2.3.2 Derivadas

A derivada de uma função $f(x)$ é dada pelo limite a seguir:

$$f'(x) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{f(x+h) - f(x)}{h} \quad (5)$$

Uma derivada é, em termos mais simples, a taxa de variação entre dois pontos de uma função, com a distância entre eles (h) tendendo a 0.

Gráfico demonstração $\frac{f(x_1)-f(x_0)}{x_1-x_0}$ com $h = x_1 - x_0 \rightarrow 0$

Existem algumas notações para representar uma derivada:

- Notação de Lagrange: f'
- Notação de Leibniz: $\frac{dy}{dx}$
- Notação de Newton: \dot{y}

Para derivar uma função $f(x) = 2x^2 + 3x - 5$, por exemplo, basta colocá-la no limite (5):

$$f'(x) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{(2(x+h)^2 + 3(x+h) - 5) - (2x^2 + 3x - 5)}{h}$$
$$f'(x) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{2x^2 + 4xh + 2h^2 + 3x + 3h - 5 - 2x^2 - 3x + 5}{h}$$

Realizando as adições, subtrações e a divisão obtemos:

$$f'(x) = \lim_{h \rightarrow 0} 4x + 2h + 3$$

E como $h \rightarrow 0$ a derivada final é:

$$f'(x) = 4x + 3$$

Sempre que uma função de grau n é derivada, se obtêm uma função de grau $n - 1$, como no exemplo anterior. Um dos casos de uso prático da derivada é na função horária do espaço com aceleração uniformemente variada $S_{(t)} = S_0 + V_0t + \frac{at^2}{2}$. Derivando-a, ou seja, obtendo a taxa de variação instantânea entre dois pontos da função (a variação do espaço onde $t \rightarrow 0$), nós obtemos a expressão da velocidade $S'_{(t)} = V_{(t)} = V_0 + at$.

Existem algumas regras e "macetes" para a resolução de derivadas sem ter que utilizar a definição formal:

1. Os termos de uma função podem ser derivados separadamente.
2. Se $f(x) = x^b$, então $f'(x) = bx^{b-1}$.
3. Constantes que não estão associadas com x devem ser retiradas.

4. $f(x) = \text{sen}(x)$, então $f'(x) = \cos(x)$.
5. $f(x) = \cos(x)$, então $f'(x) = -\text{sen}(x)$.
6. $f(x) = \ln(x)$, então $f'(x) = \frac{1}{x}$.
7. $f(x) = e^x$, então $f'(x) = e^x$.
8. Existe ainda a regra da cadeia:

$$\begin{aligned}y &= f(g(x)) \\ y' &= f'(g(x))g'.\end{aligned}$$

Ela é utilizada quando queremos derivar um função que é composta por mais de uma função. Deriva-se a função externa e multiplicamos ela pela derivada da função interna. Por exemplo a função $f(x) = \text{sen}(x^2)$ é composta por 2 funções distintas $f(x) = \text{sen}(x)$ e $g(x) = x^2$, portanto:

$$y' = \cos(x^2)2x$$

Referências

FRANCO, Álvaro Junio Pereira. Epidemic Model with Restricted Circulation and Social Distancing on Some Network Topologies. In: SPRINGER. INTERNATIONAL Conference on Cellular Automata for Research and Industry. [S.l.: s.n.], 2020. p. 261–264.