

Material Complementar do Livro:  
*Introdução à Epidemiologia Matemática: Métodos em  
Estudos Transversais*

Outros materiais estão disponíveis em:  
<https://linktr.ee/livroepidmat>

## Informações de Exercícios

### Capítulo 1

8. Adaptado de [1], pág. 401. Considere a primeira e a terceira equações, do modelo SIR sem demografia (1.3.4). Podemos escrever tais equações como:

$$\frac{dS}{dR} = \frac{dS/dt}{dR/dt} = -\frac{\beta}{\nu}S.$$

Resolvendo para  $S$ , obtemos o seguinte:

$$S = S_0 e^{-\beta/\nu R}.$$

Usando na terceira equação do Sistema SIR sem demografia (1.3.4), o fato de que  $N = S(t) + I(t) + R(t)$ , para todo  $t \geq 0$ , segue que

$$\frac{dR}{dt} = \nu(N - R - S).$$

ou ainda que

$$\frac{dR}{dt} = \nu \left( N - R - S_0 e^{-\beta/\nu R} \right). \quad (1)$$

Tal equação não pode ser resolvida explicitamente, mas supondo que  $R$  seja suficientemente pequeno, podemos escrever

$$e^{-\beta/\nu R} \cong 1 - \frac{\beta}{\nu}R + \frac{\left(\frac{\beta}{\nu}R\right)^2}{2} + \dots$$

de modo que a Equação (1) é aproximadamente igual a

$$\begin{aligned} \frac{dR}{dt} &= \nu \left[ N - R - S_0 \left( 1 - \frac{\beta}{\nu}R + \frac{\beta^2}{2\nu^2}R^2 \right) \right] \\ &= \nu \left[ N - S_0 + \left( \frac{\beta}{\nu}S_0 - 1 \right) R - \frac{\beta^2 S_0}{2\nu^2} R^2 \right] \end{aligned}$$

Essa equação pode ser resolvida separando as variáveis e fazendo a integração por frações parciais. Ao considerar

$$a = \left[ \left( \frac{\beta}{\nu}S_0 - 1 \right)^2 + 2\frac{\beta^2}{\nu^2}S_0(N - S_0) \right]^{1/2}$$

e

$$\theta = \operatorname{tgh}^{-1} \frac{\left(\frac{\beta}{\nu} S_0 - 1\right)}{a}.$$

Então,

$$R(t) = \frac{\nu^2}{\beta^2 S_0} \left[ \frac{\beta}{\nu} S_0 - 1 + a \operatorname{tgh} \left( \frac{a\nu t}{2} - \theta \right) \right].$$

Com isso, teremos a derivada  $\frac{dR}{dt}$  dada por,

$$\begin{aligned} \frac{dR}{dt} &= \frac{\nu^3 a^2}{2\beta^2 S_0} \operatorname{sech}^2 \left( \frac{a\nu t}{2} - \theta \right) = \frac{\nu a^2}{2S_0} \frac{\nu^2}{\beta^2} \operatorname{sech}^2 \left( \frac{a\nu t}{2} - \theta \right) \\ &= \frac{\nu a^2 \rho^2}{2S_0} \operatorname{sech}^2 \left( \frac{a\nu t}{2} - \theta \right). \end{aligned}$$

Vejamos ainda que,

$$\frac{dR}{dt} = 0 \quad \text{se} \quad \frac{a\nu t}{2} - \theta = 0 \Rightarrow t = \frac{2\theta}{a\nu}.$$

Esse valor de  $t$  obtido é o ponto de máximo da curva epidêmica [3], como pode ser observado na Figura 1. Atenção ao fato de que para estes autores,  $\beta$  é o parâmetro  $\nu$  que utilizamos.

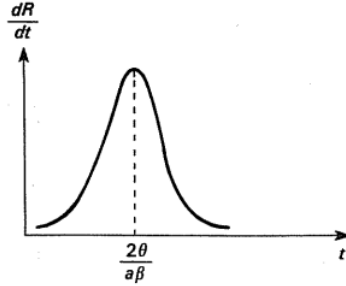


Figure 1: Pico da Curva Epidêmica. *Fonte:* [1].

Outros detalhes deste estudo também estão disponíveis em [4].

**9.** Adaptado de [2]. Para o que se pede é conveniente considerarmos  $W(t)$  como o seguinte:

$$W(t) = \frac{dR(t)}{dt} = \frac{\nu a^2 \rho^2}{2S(0)} \operatorname{sech}^2 \left( \frac{a\nu t}{2} - \theta \right).$$

Do exercício anterior, temos que esta equação expressa uma função que atinge seu valor máximo com o tempo  $t = \frac{2\theta}{a\nu}$ , e diminui simetricamente.

Analisaremos o comportamento assintótico da epidemia, quando  $t \rightarrow \infty$ . Neste ponto, a epidemia já terá terminado e os indivíduos da população encontram-se ou no estado de suscetíveis ou removidos. Portanto, estamos interessados no limite,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) \equiv R(\infty) = \frac{\rho^2}{S(0)} \left[ \frac{S(0)}{\rho} - 1 + a \right].$$

Consideremos ainda que a epidemia iniciou-se com um número muito pequeno de infectantes, de modo que

$$2S(0)I(0)/\rho^2 \ll \frac{S(0)}{\rho} - 1 \quad : S(0) > \rho,$$

e segue da definição de  $a$  que

$$a \simeq \frac{S(0)}{\rho} - 1,$$

e

$$R(\infty) = 2\rho \left[ 1 - \frac{\rho}{S(0)} \right]. \quad (2)$$

Já sabemos que para esse modelo, a ocorrência de um surto epidêmico se dá quando  $S(0) > \rho$  (veja os cálculos anteriores). Consideremos então, um número muito pequeno,  $\varepsilon$ , de suscetíveis acima do limiar,  $\rho$ . Isto é,  $S(0) = \rho + \varepsilon$ , onde  $0 < \varepsilon \ll \rho$ . Substituindo isto na equação (2), obtemos o seguinte:

$$R(\infty) \simeq 2\rho \left[ \frac{\varepsilon}{\varepsilon + \rho} \right] \simeq 2\varepsilon.$$

Portanto, se uma população tem inicialmente  $S(0) = \rho + \varepsilon$  suscetíveis, após o término da epidemia ela terá  $S(\infty) = \rho - \varepsilon$  suscetíveis remanescentes. Em outras palavras, o número final de suscetíveis após a epidemia é tão menor que o limiar epidêmico, quanto o era acima deste no início do surto. Este é o famoso *Teorema do Limiar*, de Kermack-McKendrick.

## Capítulo 2

## Capítulo 3

2.(f) : Roteiro para reproduzir o gráfico da Figura 3.9 com o Matlab<sup>1</sup>:

- no arquivo “ResolveSIR\_ComDemografia.m” comente “close all” na linha 9, e os itens referentes à figura 1, a partir da linha 46. Já da linha 52 em diante, deixe sem comentar;
- compile o programa;

---

<sup>1</sup>Os referidos programas em Matlab estão disponíveis em <https://github.com/evandromarquesone/EpidMat>.

- na linha de comando do Matlab, digite “hold on” clique na tecla “ENTER”. Isso vai fazer com que a simulação seguinte irá produzir o gráfico junto dessa mesma figura;
- no arquivo “sir\_ComDemografia.m” acrescente na equação  $dy(2)$ , uma taxa de mortalidade  $a$  (pode ser escrito como “alpha”). Esse termo irá se juntar aos termos de saída desse compartimento, portanto, com sinal negativo;
- ainda no arquivo “sir\_ComDemografia.m”, na seção de declaração de valor dos parâmetros, declare “alpha=0.001” (a escrita deve se igual à escrita do parâmetro na equação  $dy(2)$ );
- clique em “Salvar” (sem fazer isso, o programa será compilado nas condições anteriores);
- compile o programa “ResolveSIR\_ComDemografia.m” (agora sim irá aparecer a figura com os dois gráficos);
- caso seja necessário retomar esse processo, considere  $\alpha = 0$ . Se preferir, acrescente em outra linha, e comente a linha que não irá usar na respectiva simulação.

## Capítulo 4

# Bibliografia

- [1] BASSANEZI, R. C.; JUNIOR, W. C. F. *Equações Diferenciais: com aplicações*. São Paulo-SP: Harbra, 1988.
- [2] COUTINHO, F. A. B. Métodos quantitativos em medicina. In: MASSAD, E.; ORTEGA, N. R. S.; SILVEIRA, P. S. P. (Ed.). São Paulo: Editora Manole Ltda, 2004. cap. A matemática das epidemias, p. 55–74.
- [3] HOPPENSTEADT, F. C. *Mathematical methods of population biology*. New York: Cambridge University Press, 1982. (Cambridge Studies in Mathematical Biology, 4).
- [4] WALTMAN, P. Deterministic threshold models in the theory of epidemics. In: LEVIN, S. (Ed.). New York: Springer-Verlag, 1974, (Lecture Notes in Biomathematics, v. 1).