

MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MODELAGEM COMPUTACIONAL

**SISTEMAS DINÂMICOS COM DERIVADAS FRACIONÁRIAS
APLICADO A PROBLEMAS DE POPULAÇÕES
INTERAGENTES**

por

Cibelle Abelenda Tavares

Dissertação para obtenção do Título de
Mestre em Modelagem Computacional

Rio Grande, Fevereiro, 2021

Cibelle Abelenda Tavares

“Sistemas Dinâmicos com Derivadas Fracionárias Aplicado a Problemas de Populações Interagentes”

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional da Universidade Federal do Rio Grande - FURG, como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestra. Área de concentração: Modelagem Computacional.

Aprovada em:

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Matheus Jatkoske Lazo (Orientador – FURG)

Prof. Dr. Adriano de Cezaro (FURG)

Profa. Dra. Daniela dos Santos de Oliveira (UTFPR)

Rio Grande - RS
2022

Ficha Catalográfica

T231s Tavares, Cibelle Abelenda.
 Sistemas dinâmicos com derivadas fracionárias aplicado a
 problemas de populações interagentes / Cibelle Abelenda Tavares. –
 2021.
 89 f.

 Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Rio Grande –
 FURG, Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional,
 Rio Grande/RS, 2021.
 Orientador: Dr. Matheus Jatkoske Lazo.

 1. Dinâmica de Populações 2. Equações Diferenciais Fracionárias
 3. Modelo SIRD 4. Coronavírus (COVID-19) I. Lazo, Matheus Jatkoske
 II. Título.

CDU 519.62

Catálogo na Fonte: Bibliotecário José Paulo dos Santos CRB 10/2344

À minha família

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me dar força e saúde para que este momento tão importante fosse realizado.

Agradeço aos meus queridos pais, Ademir e Regina, que nunca mediram esforços para o bem de seus filhos, por me educar e me proporcionar uma formação pessoal, sem vocês eu nada seria. As minhas irmãs, Rochele e Michelle, e as minhas sobrinhas Júlia e Isabella, que sempre estiveram ao meu lado, me motivando e apoiando, se alegrando com todas as minhas vitórias.

Ao meu amado amigo e querido filho Miguel, que viveu intensamente essa jornada comigo, embarcamos juntos e saímos juntos, e sobre tudo vitoriosos. Te amo imensamente. Ao Michel pai do Miguel meu carinho e obrigado por ser presente, me motivar e por sempre segurar minha mão nos momentos de desânimo, pra você todo meu carinho.

Ao meu orientador, Matheus Jatkoske Lazo, que nunca mediu esforços para que eu pudesse desenvolver este trabalho. Sempre muito atencioso e dedicado, obrigada de coração, por todos os conselhos e ensinamentos.

À banca examinadora por aceitar discutir esse trabalho, a fim de contribuir para a melhoria do mesmo.

À Universidade Federal do Rio Grande (FURG), ao Programa de Pós-Graduação em Modelagem computacional (PPGMC) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo apoio prestado à realização desse trabalho.

RESUMO

O presente trabalho tem como objetivo principal investigar o uso do cálculo fracionário na modelagem de epidemias de populações interagentes. Primeiro, propomos um modelo SIRD para duas cidades em interação com derivadas fracionárias. Depois investigamos o problema de reinfecção através de um modelo SIRS com e sem vacinação. Em todos os modelos propostos analisamos a existência de pontos fixos e sua estabilidade. Para investigar os efeitos introduzidos na dinâmica pelas derivadas fracionárias, resultados numéricos foram obtidos e comparações foram realizadas entre modelos com derivadas fracionárias e modelos de derivada inteira. Além disso, como exemplo de aplicações, fizemos uma comparação do modelo SIRD proposto com dados reais de Rio Grande e Pelotas.

Palavras-chaves: Dinâmica de Populações; Equações Diferenciais Fracionárias; Modelo SIRD; Coronavírus (COVID-19).

ABSTRACT

The present work has as main objective to investigate the use of fractional calculus in the modeling of epidemics of interacting populations. First, we propose a SIRD model for two interacting cities with fractional derivatives. We then investigated the problem of reinfection using a SIRS model with and without vaccination. In all the proposed models, we analyzed the existence of fixed points and their stability. To investigate the effects introduced in the dynamics by the fractional derivatives, numerical results were obtained and comparisons were made between models with fractional derivatives and models with integer derivatives. Furthermore, as an example of applications, we compared the proposed SIRD model with real data from Rio Grande and Pelotas.

Palavras-chaves: Population Dynamics; Fractional Differential Equations; SIRD Model; Coronavirus (COVID-19).

ÍNDICE

1	Introdução	16
2	Modelo SIR	21
2.1	Pontos de Equilíbrio e Estabilidade Local	24
2.1.1	Pontos de Equilíbrio	24
2.1.2	Estabilidade	26
2.2	Número de Reprodução Básica	30
3	O Cálculo Fracionário	33
3.1	A Origem do Cálculo Fracionário	33
3.2	As Principais Definições de Derivadas Fracionárias	34
3.3	O Cálculo Fracionário de Riemann-Liouville	35
3.3.1	Integrais Fracionárias de Riemann-Liouville	35
3.3.2	Derivadas Fracionárias de Riemann-Liouville	37
3.4	Derivadas Fracionárias de Caputo	39
4	Um Modelo SIRD Fracionário Para a Dinâmica de Populações Interagentes	42
4.1	O Modelo	42
4.2	Pontos de Equilíbrio e Estabilidade Para o Caso Simétrico	43
4.3	Resultados Numéricos e Discussão	48
4.3.1	Uma Única População Isolada: Modelo Sem a Interação Entre Cidades	50
4.3.2	Populações Interagentes	55
4.3.3	Uma Comparação com Dados Reais	58
5	Modelo SIR com Reinfecção e Vacinação	61
5.1	O Modelo SIRS com Reinfecção	61
5.1.1	Pontos de Equilíbrio e Estabilidade Para o Caso Simétrico	63

5.1.2	Resultados Numéricos	66
5.2	Modelo SIRS com Vacinação	73
5.2.1	Um Modelo SIRS Para Populações Interagentes com Vacinação à Taxa Constante	74
5.2.2	Pontos de Equilíbrio e Estabilidade Para o Caso Simétrico	75
5.2.3	Resultados Numéricos	79
6	Conclusão	86
7	REFERÊNCIAS	87

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1: Representação de Fluxo do modelo SIR.	22
Figura 2.2: Evolução temporal das variáveis de compartimento do modelo SIR.	23
Figura 4.1: Comparação entre os dados reais da população de Rio Grande (Fonte: Prefeitura do Rio Grande) e a solução numérica do modelo sem interações e derivada de ordem $\alpha = 1$	51
Figura 4.2: Solução numérica do modelo sem interação para derivadas de ordem $\alpha = 1$, $\alpha = 0.75$ e $\alpha = 0.5$	52
Figura 4.3: Solução numérica do modelo sem interação para derivadas de ordem $\alpha = 1$, $\alpha = 0.75$ e $\alpha = 0.5$	53
Figura 4.4: Solução numérica do modelo sem interações para derivadas de ordem $\alpha = 1$ e $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.	54
Figura 4.5: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada de ordem inteira $\alpha = 1$; Gráfico da população total infectada por dia (b).	55
Figura 4.6: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada fracionária de ordem $\alpha = 0.75$; Gráfico da população total infectada por dia (b).	56
Figura 4.7: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 1$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.	56

- Figura 4.8: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente. 57
- Figura 4.9: Gráfico da população infectada e do número de mortes para as cidades interagentes de Rio Grande e Pelotas (Fonte: Prefeitura do Rio Grande e Prefeitura de Pelotas). Em (a) o número acumulado de infectados para derivada inteira ($\alpha = 1$), e em (b) o número de mortes. 59
- Figura 4.10: Gráfico da população infectada e do número de mortes para as cidades interagentes de Rio Grande e Pelotas (Fonte: Prefeitura do Rio Grande e Prefeitura de Pelotas). Em (a) o número acumulado de infectados para derivada fracionária de ordem ($\alpha = 0.8$), e em (b) o número de mortes. . . 59
- Figura 4.11: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 1$ (gráfico (a)) e $\alpha = 0,8$ (gráfico (b)) 60
- Figura 5.1: Representação de fluxo do modelo SIRS. 62
- Figura 5.2: Solução numérica do modelo SIRS sem interação para derivadas de ordem $\alpha = 1$, $\alpha = 0.75$ e $\alpha = 0.5$ 67
- Figura 5.3: Gráfico da fração da população infectada (a) para derivada de ordem inteira $\alpha = 1$ e (b) com derivada de ordem fracionária $\alpha = 0.5$ 68
- Figura 5.4: Solução numérica do modelo sem interações para derivadas de ordem $\alpha = 1$ e $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente. 69
- Figura 5.5: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada de ordem inteira $\alpha = 1$; Gráfico da população total infectada por dia (b). 70

Figura 5.6: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada fracionária $\alpha = 0.75$; Gráfico da população total infectada por dia (b).	71
Figura 5.7: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 1$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.	72
Figura 5.8: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.	73
Figura 5.9: Representação de Fluxo do modelo SIRS com campanha de vacinação à taxa constante, onde μ , β , γ , ϕ e v , representam as taxas de natalidade/mortalidade, transmissão, recuperação, reinfeção e vacinação, respectivamente.	75
Figura 5.10 Solução numérica do modelo SIRS sem interação com taxa de vacinação $v = 0.01$ para derivadas de ordem $\alpha = 1$, $\alpha = 0.75$ e $\alpha = 0.5$.	79
Figura 5.11 Gráfico da fração da população infectada (a) para derivada de ordem inteira $\alpha = 1$ e (b) com derivada de ordem fracionária $\alpha = 0.75$.	80
Figura 5.12 Solução numérica do modelo sem interações para derivadas de ordem $\alpha = 1$ e $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.	81
Figura 5.13 Solução numérica do modelo SIRS com interação com taxa de vacinação $v = 0.01$ para derivadas de ordem $\alpha = 1$ (a). Gráfico da população total infectada por dia (b).	82

Figura 5.14: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagen-

tes (a) para derivada fracionária $\alpha = 0.75$; Gráfico da população total

infectada por dia (b). 82

Figura 5.15: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para

derivadas de ordem $\alpha = 1$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq}

representam os valores de equilíbrio, respectivamente. 83

Figura 5.16: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para

derivadas de ordem $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq}

representam os valores de equilíbrio, respectivamente. 84

LISTA DE SÍMBOLOS

N	População total.
S	Compartimento Suscetível.
I	Compartimento Infectado.
R	Compartimento Recuperado.
D	Compartimento Morte.
μ	Taxa de natalidade e mortalidade.
β	Taxa de transmissão da doença.
γ	Taxa de recuperação.
κ	Taxa de mortes da população infectada.
ϕ	Taxa de reinfecção.
v	Taxa de vacinação.
v_c	Proporção mínima de vacinação.
R_0	Taxa básica de reprodução.
R_e	Taxa de reprodução efetiva.

LISTA DE ABREVIATURAS

SIR Suscetível Infectado Recuperado

SIRS Suscetível Infectado Recuperado Suscetível

SIRD Suscetível Infectado Recuperado Mortes.

1 INTRODUÇÃO

O Cálculo Fracionário, também conhecido como cálculo de ordem não inteira, é uma generalização do Cálculo Diferencial e Integral (o cálculo geralmente estudado no início da graduação de cursos na área de ciências exatas e da terra). Desde o início da história do Cálculo Diferencial e Integral, grandes matemáticos como Leibniz, L'Hospital, Euler e Liouville, entre outros, desenvolveram suas ideias sobre o cálculo de derivadas e integrais de ordem não inteiras. Em especial, o Cálculo Fracionário teve origem a partir de uma sucessão de trocas de cartas entre L'Hospital (1661 - 1704) e Leibniz (1646 - 1716) em 1695. Em uma dessas cartas, L'Hospital pergunta a Leibniz qual seria o significado se tomar $n = \frac{1}{2}$ em $\frac{d^n y}{dx^n}$. Leibniz respondeu a carta com uma proposta de derivada de ordem $\frac{1}{2}$ e concluiu: "Um dia isso trará consequências úteis" (Oldham and Spanier, 1974).

Apesar de ter uma história de mais de três séculos, só nas últimas três décadas o Cálculo Fracionário despertou mais atenção devido as suas aplicações nas mais diversas áreas. Isso se deve ao fato de que a modelagem realista de um fenômeno físico não depende apenas do tempo instantâneo, mas também da história do tempo anterior. Ultimamente, uma grande quantidade de estudos foi desenvolvida sobre a aplicação de equações diferenciais fracionárias, em várias áreas das ciências aplicadas, tais como mecânica de fluidos, viscoelasticidade, biologia, física, engenharia, etc (Varalta, 2014).

Dentre as áreas de aplicação do Cálculo Fracionário, pode-se destacar a necessidade de compreender a proliferação de doenças infecciosas do ponto de vista dinâmico. A área da ciência conhecida como Epidemiologia Matemática propõe modelos que possam ajudar a traçar políticas de controle dessas doenças. O fator mais importante no estudo de doenças infecciosas está relacionado com a melhoria do controle epidêmico de forma a erradicá-las o mais rápido

possível. Com isto surgem os modelos matemáticos, ferramentas poderosas nesta abordagem, que nos permitem otimizar o uso de recursos ou simplesmente direcionar para medidas de controle mais eficientes.

Um dos modelos mais estudados é o modelo compartimental denominado SIR (onde os indivíduos de uma população são divididos nas categorias/compartimentos de Suscetível, Infectado e Recuperado). Este modelo SIR nos permite analisar determinadas características de diversas doenças infecciosas, tais como, a fase epidêmica, o patamar endêmico em que a doença se encontra e a existência de limiares nas taxas de propagação para possibilitar a erradicação de doenças infecciosas pelo mecanismo de extinção (por exemplo, através de vacinação) dos pontos fixos não-nulos.

Com base nessa premissa, e em virtude do cenário atual onde o mundo enfrenta a pandemia causada pelo coronavírus (COVID-19), uma doença infecciosa causada pelo vírus da síndrome respiratória aguda severa 2 (SARS CoV-2) pertencente à classe da SARS, a modelagem matemática de epidemias nunca se fez tão necessária. Embora o surto de coronavírus SARS (SARS-CoV) em 2003 tenha sido fatal para 9% dos indivíduos infectados, ele não se tornou uma pandemia global, pois apesar de ter se espalhado para 26 países, foram reportados apenas 8.000 casos. O novo surto de coronavírus, no entanto, tornou-se uma ameaça sem precedentes à saúde pública em todo o mundo (Owusu-Mensah, 2020).

Os primeiros casos de infecção por Covid-19 ocorreram em dezembro de 2019 na cidade chinesa de Wuhan, província de Hubei, na China, foi declarado uma emergência de saúde pública de importância internacional pela Organização Mundial da Saúde (OMS) no dia 30 de janeiro de 2020. Posteriormente, no dia 11 de março de 2020, a OMS declarou a pandemia de COVID-19 (Morais et.al, 2021). No Brasil o primeiro caso confirmado foi em 26 de fevereiro de 2020, o registro do primeiro óbito se deu em 17 de março, levando o Ministério da saúde a

propor o isolamento social em 18 de março.

Decorrente da importância de compreender a proliferação de doenças infecciosas no estudo da dinâmica de populações, encontra-se na literatura uma quantidade significativa de trabalhos que abordam o assunto. Em especial, apontamos alguns estudos relacionados à dinâmica da COVID-19 no Brasil e uma proposta de abordagem para populações distintas interagentes.

O artigo de (Almeida, 2018) têm como ideia principal focar em modelos que consistem em equações diferenciais fracionárias para descrever a dinâmica de certas epidemias. Para o trabalho, a população foi dividida em quatro partes, suscetíveis, exposta, infecciosa e recuperada (SEIR). O autor apresenta um estudo analítico, mostrando que o modelo possui dois pontos de equilíbrio (equilíbrio livre de doença e equilíbrio epidêmico).

Em (Silva, 2020), foram analisados dados referentes ao número de casos confirmados e mortes causadas pela COVID-19 nos estados do Paraná (PR), Rio Grande do Sul (RS) e Santa Catarina (SC). O objetivo do estudo é compreender alguns aspectos da disseminação da doença na região Sul do Brasil a partir da obtenção do Número Efetivo de Reprodução (NER) R_e de cada estado, usou-se para isso o modelo SIRD, que é uma generalização do conhecido modelo compartimental SIR que inclui a taxa de mortes da população, denotada por D . Mostrou-se que esse modelo, apesar da sua simplicidade, descreve com precisão os dados do passado e possibilita fazer projeções confiáveis para as tendências da epidemia em cada localidade. Para os resultados mostrou-se que, até o dia 6 de junho de 2020, SC era o único estado da região Sul com $R_e < 1$, o que indica que o número de novos casos tende a diminuir na hipótese desse cenário ser mantido. Por outro lado, PR e RS apresentam $R_e > 1$, de forma que o crescimento do número de infectados pode continuar por algumas semanas caso novas medidas não sejam tomadas.

Finalmente, no contexto de populações interagentes, no trabalho (Lazo; Cezaro, 2020) é proposto um modelo SEIR (Suscetível, Exposto, Infectado e Recuperado) estruturado de interação de n populações distintas para descrever a propagação de doenças pandêmicas como a COVID-19. Para os autores o modelo proposto tem a flexibilidade de incluir comunidades geograficamente separadas, bem como levar em consideração o envelhecimento dos grupos da população e suas interações. Foram mostrados suposições distintas sobre a dinâmica do modelo proposto que levam a uma curva semelhante a um platô da população infectada, refletindo dados coletados em grandes países como o Brasil. Tais observações apontam para a seguinte conjectura: "A difusão da doença COVID-19 das capitais para o interior do Brasil pode ser responsável pelo surgimento de um platô na curva de infectados".

Neste trabalho, com o objetivo de entender o processo de difusão de doenças entre populações vizinhas, e também compreender o papel da modelagem com Cálculo Fracionário deste problema, vamos estudar modelos estruturados de epidemia compartimental do tipo SIR (os indivíduos da população dividem-se em três categorias, os suscetíveis, os infectados e os recuperados/removidos) para populações interagentes. Mais precisamente, vamos estudar dois tipos de modelos. Primeiro vamos estudar um modelo SIRD, depois estudaremos modelos do tipo SIRS, sem e com vacinação, onde indivíduos recuperados tornam-se suscetíveis novamente. Como aplicação, faremos uma comparação dos resultados obtidos pelo modelo SIRD de populações interagentes com os dados referentes ao número de casos confirmados e mortes causadas pela COVID-19 nos municípios de Pelotas e Rio Grande. A solução do modelo será obtida através do software Python, e os dados relativos as populações empregados neste trabalho foram extraídos do site da Prefeitura do Rio Grande e da Prefeitura de Pelotas.

Parte dos resultados apresentados neste trabalho foram aceitos para publicação na revista Trends in Computational Applied Mathematics-TEMA, e também foram apresentados

em eventos como: X ERMAC RS, XL CNMAC - 2021 e 20^a Mostra da Produção Universitária da Universidade Federal do Rio Grande - FURG.

Para atingir os objetivos propostos, esse trabalho está organizado em capítulos: sendo que o primeiro contempla esta introdução. No segundo faz-se uma breve revisão das características e propriedades do modelo epidemiológico SIR. No terceiro capítulo, apresenta-se um breve apanhado histórico do Cálculo Fracionário, bem como suas definições para integrais e derivadas de ordem fracionária. No quarto, discute-se o modelo fracionário para a dinâmica de populações interagentes SIRD. No quinto capítulo, será apresentado uma generalização do modelo SIR, considerando a possibilidade de reinfecção, e a introdução da campanha de vacinação à taxa constante. Por fim, no sexto capítulo, apresenta-se as conclusões a respeito dos modelos fracionários de interação entre populações.

2 MODELO SIR

Neste capítulo apresentaremos uma breve revisão das principais características e propriedades do modelo epidemiológico SIR. Este modelo, proposto por Kermack e McKendrick em 1927, é um modelo de compartimentos que caracteriza o estado do indivíduo ao longo do desenvolvimento de uma doença, relacionando-os por meio de um sistema não-linear de equações diferenciais (Hethcote, 2000; Keeling, 2008; Kretzschmar, 2009).

No modelo SIR os indivíduos são divididos em três compartimentos (ou classes) disjuntas, cada compartimento indica o estado atual da doença nos indivíduos da população, denotados por:

- a) **Suscetíveis** $S(t)$: indivíduos saudáveis que estão expostos a uma eventual infecção.
- b) **Infectados** $I(t)$: indivíduos que estão infectados e que são possíveis causadores de novas infecções.
- c) **Recuperados** $R(t)$: indivíduos recuperados da doença, passando assim a se tornar imune a uma nova infecção.

O número total de indivíduos em cada classe varia com o tempo e $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ são funções que dependem do tempo t . O número total N de indivíduos na população é a soma dos três compartimentos:

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t). \quad (2.1)$$

Para simplificar a modelagem das interações entre os compartimentos, assumimos as seguintes hipóteses:

- O tamanho da população N é constante.
- A taxa de natalidade e a taxa de mortalidade μ da população são iguais.
- Infectados que se recuperam, ganham imunidade total.
- A interação entre as populações dos compartimentos se dá de forma homogênea.

A Figura 2.1 apresenta o diagrama de fluxo do modelo. Neste diagrama, β é a taxa de infecção da doença (proporcional à taxa média de contato entre indivíduos na população total) e γ é a taxa de recuperação (proporcional ao inverso do período infeccioso médio). Assume-se que as taxas de natalidade e de mortalidade μ são iguais, de forma que o N total da população é constante durante a epidemia.

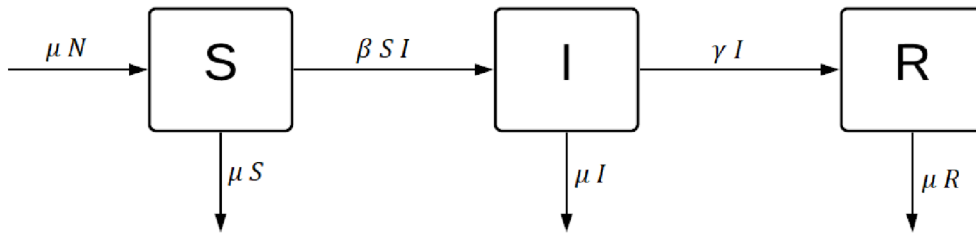


Figura 2.1: Representação de Fluxo do modelo SIR.

A dinâmica da epidemia, que é descrita pela evolução temporal das variáveis compartmentais $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$, é dada por um sistema de equações diferenciais não-lineares conhecido como modelo SIR (Hethcote, 2000; Keeling, 2008; Kretzschmar, 2009):

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \left(\beta \frac{I(t)}{N} + \mu \right) S(t) \\ \frac{dI}{dt} = \beta S(t) \frac{I(t)}{N} - (\mu + \gamma) I(t) \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I(t) - \mu R(t), \end{cases} \quad (2.2)$$

onde os valores iniciais são $S(0) \geq 0$, $I(0) \geq 0$ e $R(0) \geq 0 \in \mathbb{R}_+$, e $S(t) + I(t) + R(t) = N =$

constante. No sistema (2.2), o fator $\beta S(t) \frac{I(t)}{N}$, também conhecido como incidência da doença, representa o número de novos infectados por unidade de tempo. A forma deste fator se deve à hipótese de que a probabilidade de um indivíduo doente infectar um suscetível é proporcional ao contato entre suscetíveis e infectados na população. O fator $\gamma I(t)$ representa o número por unidade de tempo de indivíduos infectados que se curam, passando para o compartimento dos recuperados. Os fatores $\mu S(t)$, $\mu I(t)$ e $\mu R(t)$ são os números de indivíduos que morrem por unidade de tempo em cada compartimento, e o termo μN representa o número de nascimentos por unidade de tempo (os indivíduos nascem suscetíveis).

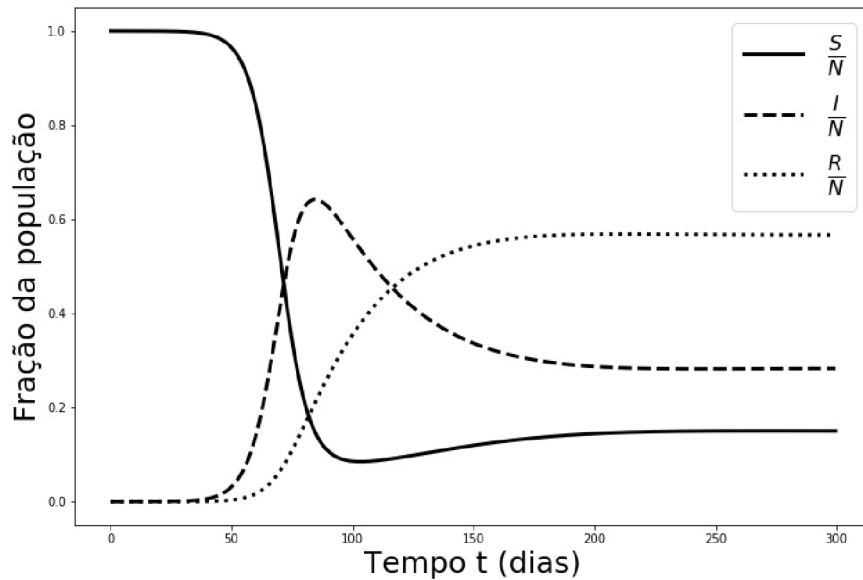


Figura 2.2: Evolução temporal das variáveis de compartimento do modelo SIR.

Na Figura 2.2 apresentamos a solução numérica do sistema (2.2) para $\beta = 0.2$, $\gamma = 0.02$ e $\mu = 0.01$. Foi considerada uma população total de $N = 211965$ (estimativa do valor da população de Rio Grande em 2020 obtidos através do site Prefeitura do Rio Grande), e consideramos que inicialmente haviam apenas dois indivíduos infectados $I(0) = 2$. Observamos nesta figura que a fração da população suscetível $\frac{S}{N}$ cai rapidamente em decorrência do rápido crescimento na fração de infectados $\frac{I}{N}$ e recuperados $\frac{R}{N}$. A epidemia atinge seu auge no instante

correspondente ao máximo da curva de infectados. Após esse máximo, as variáveis do modelo aproximam-se de assíntotas horizontais, que como veremos na próxima subseção, representam um estado de equilíbrio epidêmico da doença. Discutiremos a seguir algumas características do modelo SIR (2.2).

2.1 Pontos de Equilíbrio e Estabilidade Local

Nessa subseção discutiremos o estado (ou ponto) de equilíbrio do sistema (2.2) e sua estabilidade.

Por simplicidade, nesta e nas próximas seções trabalharemos com as variáveis do problema normalizadas, ou seja, com as frações suscetíveis $\frac{S}{N}$, infectadas $\frac{I}{N}$ e recuperada $\frac{R}{N}$, respectivamente. Isto equivale a fazer $N = 1$ em (2.2). Desta forma, as variáveis S , I e R representarão, a partir daqui, as frações da população total de suscetíveis, infectados e recuperados.

2.1.1 Pontos de Equilíbrio

Quanto a existência de pontos de equilíbrio (soluções independentes do tempo), temos que quando $t \rightarrow \infty$ a solução do modelo (2.2) tende a assíntotas horizontais que representam este ponto de equilíbrio. Quando este ponto de equilíbrio tem valor não nulo para a fração de infectados I , a doença nunca desaparece, tornando-se epidêmica. Para encontrar o ponto de equilíbrio, precisamos analisar sob quais condições as variáveis S , I e R tornam-se constantes. Chamaremos esses valores constantes de S^* , I^* e R^* , respectivamente. Para encontrar (S^*, I^*, R^*) , fazemos $\dot{S} = 0$ e $\dot{I} = 0$ (onde $\dot{S}$ e $\dot{I}$ representam a taxa de crescimento das popula-

ções de suscetíveis e infectados) nas primeiras duas equações de (2.2) (o valor de equilíbrio R^* pode ser obtido de S^* e I^* pois $N = 1 = S + I + R$). Então, da equação (2.2), temos:

$$\begin{cases} \mu - (\beta I^* + \mu)S^* = 0 \\ \beta S^* I^* - (\mu + \gamma)I^* = 0. \end{cases} \quad (2.3)$$

A partir da segunda equação do sistema (2.3), obtemos:

$$I^*(\beta S^* - \mu - \gamma) = 0,$$

logo, $I^* = 0$ (que chamaremos de caso 1) ou $\beta S^* - \mu - \gamma = 0$ (caso 2) que tem duas soluções:

Caso 1) Se $I^* = 0$, substituindo na primeira equação em (2.3) tem-se:

$$\mu(1 - S^*) = 0,$$

portanto:

$$S^* = 1.$$

Logo, temos $R^* = 1 - S^* - I^* = 0$. Assim, obtemos o ponto de equilíbrio $P_1(S^*, I^*, R^*) = (1, 0, 0)$, chamado de ponto de equilíbrio livre de doença.

Caso 2) Se $S^* = \frac{\mu + \gamma}{\beta}$, substituindo na primeira equação, então teremos:

$$\mu - \beta I^* \left(\frac{\mu + \gamma}{\beta} \right) - \mu \left(\frac{\mu + \gamma}{\beta} \right) = 0,$$

de onde obtemos:

$$\beta\mu - \beta I^*(\mu + \gamma) - \mu(\mu + \gamma) = 0.$$

Isolando I^* , teremos:

$$I^* = \frac{\beta\mu - \mu(\mu + \gamma)}{\beta(\mu + \gamma)},$$

logo:

$$I^* = \frac{\mu}{\mu + \gamma} - \frac{\mu}{\beta}.$$

Portanto, $P_2(S^*, I^*, R^*) = \left(\frac{\mu+\gamma}{\beta}, \frac{\mu}{\mu+\gamma} - \frac{\mu}{\beta}, 1 - \frac{\gamma}{\beta} - \frac{\mu}{\mu+\gamma}\right)$, corresponde ao ponto de equilíbrio epidêmico. Neste caso, para tempos grandes, sempre haverá um número contante de pessoas infectadas na população.

2.1.2 Estabilidade

A ideia fundamental da teoria da estabilidade linear é linearizar o sistema dinâmico próximo a um ponto de equilíbrio para entender a dinâmica desse sistema através do comportamento das soluções que estejam próximas a esse determinado ponto (Strogatz, 2001). Como $R = 1 - S - I$, podemos reduzir o sistema (2.2) às duas primeiras equações:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu - (\beta I(t) + \mu)S(t) = f(S, I) \\ \frac{dI}{dt} = \beta S(t)I(t) - (\mu + \gamma)I(t) = g(S, I). \end{cases} \quad (2.4)$$

Supondo que S^* e I^* são valores de um ponto de equilíbrio do sistema, temos:

$$f(S^*, I^*) = g(S^*, I^*) = 0.$$

Se $U = S - S^*$ e $V = I - I^*$ são as amplitudes de pequenas perturbações em relação à solução do ponto de equilíbrio (funções S e I próximas de S^* e I^*), para determinar se essas perturbações crescem ou diminuem com o tempo, precisamos derivar as funções U e V . Vamos considerar

primeiro U :

$$\begin{aligned}
 \dot{U} &= \dot{S} = f(U + S^*, V + I^*) \\
 &= f(S^*, I^*) + U \frac{\partial f}{\partial S}(S^*, I^*) + V \frac{\partial f}{\partial I}(S^*, I^*) + O(U^2, V^2, UV) \\
 &= U \frac{\partial f}{\partial S}(S^*, I^*) + V \frac{\partial f}{\partial I}(S^*, I^*) + O(U^2, V^2, UV),
 \end{aligned} \tag{2.5}$$

onde expandimos em Taylor, e usamos $f(S^*, I^*) = 0$. De forma similar encontramos:

$$\dot{V} = \dot{I} = U \frac{\partial g}{\partial S}(S^*, I^*) + V \frac{\partial g}{\partial I}(S^*, I^*) + O(U^2, V^2, UV). \tag{2.6}$$

Como os termos quadráticos em (2.5) e (2.6) são pequenos, para pequenas perturbações podemos linearizar o sistema formado pelas equações (2.5) e (2.6) como:

$$\begin{pmatrix} \dot{U} \\ \dot{V} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\partial f}{\partial S}(S^*, I^*) & \frac{\partial f}{\partial I}(S^*, I^*) \\ \frac{\partial g}{\partial S}(S^*, I^*) & \frac{\partial g}{\partial I}(S^*, I^*) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} U \\ V \end{pmatrix}. \tag{2.7}$$

A matriz neste sistema (2.7) é chamada de matriz Jacobiana. A solução desse sistema linear descreve a evolução temporal de pequenas perturbações em relação à solução de equilíbrio do modelo original. Como as soluções de (2.7) são funções exponenciais que dependem dos autovalores da matriz Jacobiana, podemos utilizar esses autovalores para caracterizar os pontos de equilíbrio de um sistema dinâmico quanto a sua estabilidade (Strogatz, 2001). Se todos os autovalores da matriz Jacobiana tiverem partes reais positivas, as perturbações crescerão, e dizemos neste caso que o ponto de equilíbrio é instável (ou um repelidor). Se todos os autovalores tiverem partes reais negativas, as perturbações diminuirão com o tempo, e dizemos que o ponto de equilíbrio é estável (ou um ponto atrator). Se pelo menos dois autovalores tiverem partes reais com sinais opostos, então algumas perturbações crescerão e outras diminuirão com o tempo, neste caso temos um ponto de sela e o equilíbrio também será estável. Finalmente, se

a parte real de todos os autovalores for nula, as perturbações serão funções periódicas. Desta forma, a estabilidade dos pontos de equilíbrio de um sistema podem ser classificados de acordo com seus autovalores.

A matriz Jacobiana para o modelo SIR reescrito (2.4), é dada por:

$$J(S^*, I^*) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f}{\partial S}(S^*, I^*) & \frac{\partial f}{\partial I}(S^*, I^*) \\ \frac{\partial g}{\partial S}(S^*, I^*) & \frac{\partial g}{\partial I}(S^*, I^*) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\beta I^* - \mu & -\beta S^* \\ \beta I^* & \beta S^* - \mu - \gamma \end{pmatrix}. \quad (2.8)$$

Vamos analisar a estabilidade dos dois pontos de equilíbrio do modelo SIR:

Caso 1) Para o ponto de equilíbrio $P_1(S^*, I^*, R^*) = (1, 0, 0)$ a matriz Jacobiana (2.8)

se reduz à:

$$J(P_1) = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta \\ 0 & \beta - (\mu + \gamma) \end{pmatrix}, \quad (2.9)$$

que tem autovalores:

$$\lambda_1 = \beta - \mu - \gamma \quad \text{e} \quad \lambda_2 = -\mu. \quad (2.10)$$

Como todos os parâmetros do modelo são positivos ($\beta, \mu, \gamma \geq 0$), o autovalor λ_2 será sempre negativo. Portanto, o ponto de equilíbrio livre de infecção $P_1(S^*, I^*, R^*) = (1, 0, 0)$ será estável quando $\beta < \mu + \gamma$, essa desigualdade significa que o contágio está sendo menor que a soma das taxas de recuperação e natalidade/mortalidade, por isso o caso de infectados não irá evoluir (neste caso $\lambda_1 < 0$) e instável se $\beta > \mu + \gamma$, quando o contágio ultrapassa a soma dessas taxas, teremos um aumento no número de infectados e o surgimento de uma epidemia (neste caso $\lambda_1 > 0$). Quando o equilíbrio é estável, ao inserir um número pequeno de indivíduos infectados em uma população majoritariamente suscetível (pequena perturbação) não ocorrerá epidemia. O sistema tenderá exponencialmente ao equilíbrio livre de doença. Por outro lado, se o equilíbrio for instável, ao inserir um número pequeno de indivíduos infectados a doença se

espalhará (a perturbação, número inicial pequeno de infectados, cresce com o tempo) e teremos o surgimento de uma epidemia.

Caso 2) No ponto de equilíbrio epidêmico $P_2(S^*, I^*, R^*) = \left(\frac{\mu+\gamma}{\beta}, \frac{\mu}{\mu+\gamma} - \frac{\mu}{\beta}, 1 - \frac{\gamma}{\beta} - \frac{\mu}{\mu+\gamma}\right)$, após a ocorrência de uma epidemia, a doença nunca desaparecerá e o número de infectados tenderá, para grandes tempos, para um valor contante I^* . A matriz Jacobiana calculada no ponto de equilíbrio epidêmico é:

$$J(P_2) = \begin{pmatrix} -\frac{\beta\mu}{\mu+\gamma} & -(\mu + \gamma) \\ \frac{\beta\mu}{\mu+\gamma} - \mu & 0 \end{pmatrix}, \quad (2.11)$$

que tem como autovalores:

$$\lambda_1 = -\frac{\beta\mu - \sqrt{\Delta}}{2\gamma + 2\mu} \quad \text{e} \quad \lambda_2 = -\frac{\beta\mu + \sqrt{\Delta}}{2\gamma + 2\mu}, \quad (2.12)$$

onde $\Delta = 4\mu\gamma^3 + (12\mu^2 - 4\beta\mu)\gamma^2 + (12\mu^3 - 8\beta\mu^2)\gamma + 4\mu^4 - 4\beta\mu^3 + \beta^2\mu^2$. A parte real do autovalor λ_2 é sempre negativa. Logo, a estabilidade do sistema depende do sinal da parte real do primeiro autovalor. Para fazer a análise desse sinal, ao invés de olhar para a expressão de λ_1 , podemos analisar o traço e o determinante da matriz Jacobiana. Isto porque os autovalores podem ser convenientemente expressos a partir do traço e do determinante da matriz Jacobiana associada ao sistema (Almeida, 2014). Se $\det(J(P_2)) < 0$, então temos que $P_2(S^*, I^*, R^*)$ é um ponto de equilíbrio instável (Almeida, 2014). Se $\det(J(P_2)) \geq 0$ e $\text{tr}(J(P_2)) > 0$, então $P_2(S^*, I^*, R^*)$ também é um ponto de equilíbrio instável (Almeida, 2014). Por outro lado, se $\det(J(P_2)) \geq 0$ e $\text{tr}(J(P_2)) < 0$, então temos que $P_2(S^*, I^*, R^*)$ é um ponto de equilíbrio estável (Almeida, 2014).

O traço e o determinante da matriz 2.11, são:

$$\text{tr}(J(P_2)) = -\frac{\beta\mu}{\mu + \gamma},$$

e

$$\det(J(P_2)) = \mu(\beta - \mu - \gamma).$$

Como $\text{tr}(J(P_2)) < 0$ pois $\beta, \mu, \gamma > 0$, a estabilidade irá depender do sinal do determinante da matriz Jacobiana. Temos um ponto de equilíbrio instável quando o determinante for negativo (quando $\beta < \mu + \gamma$). No entanto, este ponto de equilíbrio instável não é biologicamente relevante (deve ser descartado) pois corresponderia a um ponto de equilíbrio com $S^* = \frac{\mu + \gamma}{\beta} > 1$ e, para que o sistema normalizado tenha sentido, devemos ter $0 \leq S^* \leq 1$. Por outro lado, teremos um ponto de equilíbrio estável (e biologicamente relevante) para $\det(J(P_2)) \geq 0$ (quando $\beta \geq \mu + \gamma$).

2.2 Número de Reprodução Básica

Dada uma população majoritariamente suscetível, uma epidemia ocorrerá se, após a inclusão de um pequeno número de indivíduos infectados, o número de infectados crescer com o tempo, isto é, inicialmente temos $\dot{I} > 0$. Portanto, de (2.2) com $N = 1$, teremos uma epidemia quando inicialmente tivermos:

$$I(\beta S - \mu - \gamma) > 0. \quad (2.13)$$

Portanto, como inicialmente temos $S \approx 1$:

$$I(\mu + \gamma)(R_0 - 1) > 0, \quad (2.14)$$

onde definimos o Número de Reprodução Básica $R_0 = \frac{\beta}{\mu + \gamma}$. Esse número R_0 pode ser interpretado como o número esperado de novas infecções produzidas por um único infectado colocado em uma população de hospedeiros constituída unicamente por suscetíveis. Este número é uma medida do potencial de propagação de doenças dentro de uma população (Bartolomeu, 2018).

Para o parâmetro R_0 , consideram-se os seguintes valores:

- a) $R_0 = 1$, temos uma situação de equilíbrio epidêmico (número constante de infectados);
- b) $R_0 > 1$, o número de infectados aumentará;
- c) $R_0 < 1$, o número de infectados vai diminuir até o desaparecimento da doença.

Após o instante inicial, quando já não temos uma população livre da doença, define-se a reprodução efetiva R_e , isto é, R_e é o número médio de casos secundários produzidos por um indivíduo infectado em uma população não totalmente suscetível. Se $S(t)$ é a fração de indivíduos suscetíveis na população, temos que:

$$\dot{I} = I(\beta S - \mu - \gamma) = I(\mu + \gamma) \left(\frac{\beta}{\mu + \gamma} S - 1 \right) = I(\mu + \gamma) (R_e - 1), \quad (2.15)$$

onde $R_e = R_0 S(t)$.

É importante observar que, em uma situação de equilíbrio (como no caso do ponto de equilíbrio $P_2(S^*, I^*, R^*) = \left(\frac{\mu + \gamma}{\beta}, \frac{\mu}{\mu + \gamma} - \frac{\mu}{\beta}, 1 - \frac{\gamma}{\beta} - \frac{\mu}{\mu + \gamma} \right)$) cada infecção produz em média uma segunda infecção, portanto, $R_e = 1$, logo:

$$R_0 = \frac{1}{S^*(t)} = \frac{\beta}{\mu + \gamma}. \quad (2.16)$$

Portanto, o ponto de equilíbrio epidêmico $S^* = \frac{1}{R_0}$ está diretamente relacionado com o inverso

de R_0 . Como consequência, uma das importâncias de R_0 encontra-se no fato desse parâmetro ser capaz de identificar as tendências de evolução da epidemia.

3 O CÁLCULO FRACIONÁRIO

Neste capítulo vamos apresentar, um apanhado histórico do Cálculo Fracionário, e em detalhes apresentaremos algumas definições básicas para integrais e derivadas de ordem fracionária, que serão de extrema importância para o próximo capítulo.

3.1 A Origem do Cálculo Fracionário

O cálculo de ordem não-inteira, conhecido como Cálculo Fracionário, teve seu início em 30 de setembro de 1695 quando l'Hôpital escreveu uma carta à Leibniz perguntando qual seria o significado de uma derivada de ordem $\frac{1}{2}$. Leibniz respondeu a carta de l'Hôpital dizendo que o valor de $d^{\frac{1}{2}}x$ é $x\sqrt{dx} : x$. Além de Leibniz e l'Hôpital, outros brilhantes matemáticos, tais como Euler, Lagrange, Laplace, Fourier, Abel, Heaviside, Liouville, entre outros, estudaram o assunto levando às primeiras definições de derivadas e integrais fracionárias (Diethelm, 2010; Lazo, 2012; Oldham and Spanier, 1974; Oliveira, 2012).

Apesar de ser quase tão antigo quanto o Cálculo usual de derivadas e integrais de ordem inteira, só nas últimas três décadas o Cálculo Fracionário despertou maior atenção devido a suas aplicações nas mais diversas áreas. A gama de aplicações se estende a áreas como engenharia, física, finanças, epidemiologia, dielétricos dentre outros. Além disso, é uma importante ferramenta para refinar a descrição de fenômenos naturais, em particular aqueles que possuem dependência temporal (Lazo, 2012; Sabatier; Agrawal; Tenreiro Machado, 2007; Vieira, 2017).

Neste capítulo introduziremos de maneira simples e objetiva o Cálculo Fracionário. Serão apresentadas as definições e propriedades básicas de derivada de ordem fracionária segundo

Riemann-Liouville e Caputo.

3.2 As Principais Definições de Derivadas Fracionárias

No início da teoria do Cálculo Fracionário, várias definições de derivadas de ordem fracionária foram introduzidas, embora essas definições sejam diferentes, é possível relacionar essas formulações. Segundo (Lazo, 2012) uma das mais antigas definições do Cálculo Fracionário se deve a Euler e foi formulada em 1730. Para derivadas de ordem inteira temos:

$$\frac{d^n x^m}{dx^n} = \frac{m!}{(m-n)!} x^{m-n}, \quad (3.1)$$

onde m e n inteiros, com $m > n$, substituindo os m e n por números reais β e α e os fatoriais por funções Gamma de Euler, obtemos a derivada fracionária de Euler:

$$\frac{d^\alpha x^\beta}{dx^\alpha} = \frac{\Gamma(\beta+1)}{\Gamma(\beta-\alpha+1)} x^{\beta-\alpha}, \quad (3.2)$$

em que a função $\Gamma(z)$

$$\Gamma(z) = \int_0^\infty e^{-t} t^{z-1} dt, \quad (3.3)$$

é a generalização da função fatorial para números não inteiros (para $z = m + 1$ inteiro, temos $\Gamma(m+1) = m!$).

Embora esta seja a definição mais simples para a derivada fracionária, a definição de Euler é muito restritiva, pois só se aplica em funções analíticas, e além disso não é uma definição formalmente rigorosa (Lazo, 2012).

Já a definição de Riemann-Liouville é menos restritiva e mais popular entre os ma-

temáticos (Santos, 2018). Segundo esta definição, a derivada fracionária de ordem α é dada por:

$$\frac{d^\alpha y}{dx^\alpha} = \frac{1}{\Gamma(n - \alpha)} \frac{d^n}{dx^n} \int_a^x \frac{y(t)}{(x - t)^{\alpha - n + 1}} dt, \quad (3.4)$$

onde $n \leq \alpha < n + 1$ é um inteiro e a um número real arbitrário. Por outro lado, a formulação mais utilizada em ciências em geral é a definição de Caputo (Santos, 2018).

$$\frac{d^\alpha y}{dx^\alpha} = \frac{1}{\Gamma(n - \alpha)} \int_a^x \frac{1}{(x - t)^{\alpha - n + 1}} \frac{d^n y(t)}{dx^n} dt. \quad (3.5)$$

O Cálculo fracionário de Caputo é o mais popular entre os cientistas, pois as equações diferenciais envolvendo as derivadas de Caputo requerem condições de contorno regulares que são semelhantes às equações diferenciais com derivadas usuais de ordem inteira (Santos, 2018).

A partir da próxima subseção, definiremos as derivadas de ordem fracionária segundo Riemann-Liouville e Caputo, necessárias para a realização desse trabalho.

3.3 O Cálculo Fracionário de Riemann-Liouville

Nesta subseção introduziremos os fundamentos da teoria do cálculo de ordem fracionária segundo Riemann-Liouville e algumas propriedades elementares de sua formulação. Cumpre ressaltar que diversas formulações de derivadas fracionárias são variantes da formulação de Riemann-Liouville (Lazo, 2012).

3.3.1 Integrais Fracionárias de Riemann-Liouville

Nas formulações que trataremos, para definirmos a derivada fracionária, primeiro é necessário definirmos a integral fracionária, pois tanto a ideia de derivada fracionária de Riemann-

Liouville, como a de Caputo, dependem da definição de integral fracionária de Riemann-Liouville (Diethelm, 2010; Lazo, 2012; Oldham and Spanier, 1974; Oliveira, 2012). Apesar de existirem diversas propostas para derivadas fracionárias, um grande número dessas formulações estão de alguma forma conectadas com a continuação analítica da fórmula de Cauchy para integrais repetidas (Diethelm, 2010; Lazo, 2012; Oldham and Spanier, 1974; Oliveira, 2012).

Teorema 3.3.1. (Fórmula de Cauchy). Seja $f : [a, b] \rightarrow \mathbb{R}$ uma função integrável segundo Riemann no intervalo $[a, b]$. Então, temos para a integral de ordem n ($n \in \mathbb{N}$):

$$\begin{aligned} \int_a^x f(t)(dt)^n &= \int_a^t \int_a^{t_n} \int_a^{t_{n-1}} \cdots \int_a^{t^3} \int_a^{t^2} f(t_1) dt_1 dt_2 \cdots dt_{n-1} dt_n \\ &= \frac{1}{\Gamma(n)} \int_a^x \frac{f(u)}{(t-u)^{1-n}} du \quad (n \in \mathbb{N}), \end{aligned} \quad (3.6)$$

onde Γ é a função gamma de Euler.

A demonstração do Teorema de Cauchy pode ser encontrada em (Oldham and Spanier, 1974). A continuação analítica da (3.6) nos dá uma definição para a integral de ordem fracionária. A definição da integral de ordem fracionária é o ponto principal do cálculo fracionário de Riemann-Liouville, assim como de diversas formulações. As integrais fracionárias obtidas a partir da (3.6) são chamadas de integrais à direita e à esquerda de Riemann-Liouville (Oldham and Spanier, 1974):

Definição 3.3.1 (Integral Fracionária de Riemann-Liouville). Seja $\alpha \in \mathbb{R}_+$. Os operadores ${}_a J_x^\alpha$ e ${}_x J_b^\alpha$ definidos em $L_1[a, b]$ por

$${}_a J_x^\alpha f(x) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_a^x \frac{f(u)}{(x-u)^{1-\alpha}} du \quad (\alpha \in \mathbb{R}_+) \quad (3.7)$$

e

$${}_x J_b^\alpha f(x) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_a^b \frac{f(u)}{(u-x)^{1-\alpha}} du \quad (\alpha \in \mathbb{R}_+), \quad (3.8)$$

com $a < b$ e $a, b \in \mathbb{R}$, são chamados de integrais fracionárias à esquerda e à direita de Riemann-Liouville de ordem $\alpha \in \mathbb{R}_+$, respectivamente.

É fácil ver que as integrais fracionárias de Riemann-Liouville convergem para quaisquer funções integráveis f se $\alpha > 1$, pois neste caso a potência $1 - \alpha$ no integrando fica negativa e o integrando como um todo se torna uma função integrável. Também é possível provar a convergência para funções $f \in L_1[a, b]$ mesmo quando $0 < \alpha < 1$. (Veja (Diethelm, 2010)). Além disso, para α inteiro as integrais de Riemann-Liouville (3.7) e (3.8) coincidem com integrais repetidas usuais (3.6).

Finalizaremos essa subseção com a integral fracionária da função potência. Temos (Diethelm, 2010):

$${}_a J_x^\alpha (x-a)^\beta = \frac{\Gamma(\beta+1)}{\Gamma(\beta+\alpha+1)} (x-a)^{\beta+\alpha} \quad (\alpha \in \mathbb{R}_+, \beta > -1), \quad (3.9)$$

e

$${}_x J_b^\alpha (b-x)^\beta = \frac{\Gamma(\beta+1)}{\Gamma(\beta+\alpha+1)} (b-x)^{\beta+\alpha} \quad (\alpha \in \mathbb{R}_+, \beta > -1). \quad (3.10)$$

Essas integrais da função potência serão utilizadas para a formulação do método numérico que utilizaremos para resolver os modelos fracionários nos próximos capítulos.

3.3.2 Derivadas Fracionárias de Riemann-Liouville

As integrais fracionárias ${}_a J_x^\alpha$ e ${}_x J_b^\alpha$, definidas em (3.7) e (3.8), desempenham papel fundamental no Cálculo Fracionário de Riemann-Liouville. Antes de definir as derivadas fraci-

onárias de Riemann-Liouville, relembramos que para inteiros positivos $n > m$ vale a identidade $D_x^m f(x) = D_{xa}^n J_x^{n-m} f(x)$, onde D_x^m é uma derivada usual de ordem inteira m . Generalizando para valores não inteiros temos:

Definição 3.3.2 (Derivadas Fracionárias de Riemann-Liouville). As derivadas fracionárias de ordem $\alpha > 0$ ($\alpha \in \mathbb{R}$) de Riemann-Liouville à esquerda e à direita são definidas, respectivamente, por ${}_a D_x^\alpha f(x) = D_{xa}^n J_x^{n-\alpha} f(x)$ e ${}_x D_b^\alpha f(x) = (-1)^n D_{xx}^n J_b^{n-\alpha} f(x)$ com $n = [\alpha] + 1$, onde $[\alpha]$ é a parte inteira de α , ou seja,

$${}_a D_x^\alpha f(x) = \frac{1}{\Gamma(n - \alpha)} \frac{d^n}{dx^n} \int_a^x \frac{f(u)}{(x - u)^{1+\alpha-n}} du \quad (n = [\alpha] + 1, \alpha \in \mathbb{R}_+, a \in \mathbb{R}) \quad (3.11)$$

e

$${}_x D_b^\alpha f(x) = \frac{(-1)^n}{\Gamma(n - \alpha)} \frac{d^n}{dx^n} \int_x^b \frac{f(u)}{(u - x)^{1+\alpha-n}} du \quad (n = [\alpha] + 1, \alpha \in \mathbb{R}_+, b \in \mathbb{R}), \quad (3.12)$$

onde $D_x^n = \frac{d^n}{dx^n}$ é uma derivada usual de ordem inteira n .

Uma consequência importante das definições (3.11) e (3.12) é que as derivadas de Riemann-Liouville são operadores não locais. A derivada à esquerda (à direita) definida pela expressão integro-diferencial (3.11) e (3.12) depende de valores da função à esquerda (à direita) de x , isto é, $a \leq u \leq x$ ($x \leq u \leq b$). Além disso, quando α é um inteiro, as derivadas fracionárias de Riemann-Liouville (3.11) e (3.12) reduzem à derivadas usuais de ordem inteira α .

Finalizamos a apresentação do Cálculo Fracionário de Riemann-Liouville com a seguinte observação. Para a função potência, as derivadas de Riemann-Liouville são Diethelm

(2010); Oldham and Spanier (1974):

$${}_a D_x^\alpha (x-a)^\beta = \begin{cases} 0 & \text{se } \alpha - \beta \in \mathbb{N} \\ \frac{\Gamma(\beta+1)}{\Gamma(\beta-\alpha+1)} (x-a)^{\beta-\alpha} & \text{se } \alpha - \beta \notin \mathbb{N} \end{cases} \quad (\alpha \in \mathbb{R}_+, \beta > -1), \quad (3.13)$$

e

$${}_x D_b^\alpha (b-x)^\beta = \begin{cases} 0 & \text{se } \alpha - \beta \in \mathbb{N} \\ \frac{\Gamma(\beta+1)}{\Gamma(\beta-\alpha+1)} (b-x)^{\beta-\alpha} & \text{se } \alpha - \beta \notin \mathbb{N} \end{cases} \quad (\alpha \in \mathbb{R}_+, \beta > -1). \quad (3.14)$$

Como consequência, as derivadas de Riemann-Liouville (3.11) e (3.12) de uma constante não é zero para $\alpha \notin \mathbb{N}$. Temos:

$${}_a D_x^\alpha 1 = \frac{(x-a)^{-\alpha}}{\Gamma(1-\alpha)} \quad e \quad {}_x D_b^\alpha 1 = \frac{(b-x)^{-\alpha}}{\Gamma(1-\alpha)}. \quad (3.15)$$

Para $\alpha \in \mathbb{N}$ recuperamos as derivadas usuais de ordem inteira, e o lado direito da (3.15) se torna igual à zero devido aos polos da função Gamma de Euler. Devido ao fato da derivada de uma constante ser diferente de zero, as equações diferenciais envolvendo derivadas de Riemann-Liouville requerem condições iniciais e de contorno não regulares (Diethelm, 2010; Oldham and Spanier, 1974). Este fato motivou a definição das derivadas fracionárias de Caputo que veremos a seguir.

3.4 Derivadas Fracionárias de Caputo

As derivadas fracionárias de Caputo são definidas de forma semelhante às de Riemann-Liouville, mas trocando-se a ordem entre integração e derivação:

Definição 3.4.1 (Derivadas Fracionárias de Caputo). As derivadas de Caputo à esquerda e à

direita de ordem $\alpha > 0$ ($\alpha \in \mathbb{R}$) são definidas, respectivamente, por ${}_a^C D_x^\alpha f(x) = {}_a J_x^{n-\alpha} D_x^n f(x)$ e ${}_x^C D_b^\alpha f(x) = (-1)^n {}_x J_b^{n-\alpha} D_x^n f(x)$ com $n = [\alpha] + 1$, ou seja:

$${}_a^C D_x^\alpha f(x) = \frac{1}{\Gamma(n-\alpha)} \int_a^x \frac{f^{(n)}(u)}{(x-u)^{1+\alpha-n}} du \quad (n = [\alpha] + 1, \alpha \in \mathbb{R}_+, a \in \mathbb{R}) \quad (3.16)$$

e

$${}_x^C D_b^\alpha f(x) = \frac{(-1)^n}{\Gamma(n-\alpha)} \int_x^b \frac{f^{(n)}(u)}{(u-x)^{1+\alpha-n}} du \quad (n = [\alpha] + 1, \alpha \in \mathbb{R}_+, b \in \mathbb{R}), \quad (3.17)$$

onde $f^{(n)}(u) = \frac{d^n f(u)}{du^n}$ são derivadas de ordem inteira n , e $f^{(n)} \in L_1[a, b]$.

Devido à derivada dentro a integral nas definições (3.16) e (3.17), é importante observar o fato de que as derivadas de Caputo (3.16) e (3.17) de uma constante são zero para todo $\alpha > 0$:

$${}_a^C D_x^\alpha 1 = 0 \quad e \quad {}_x^C D_b^\alpha 1 = 0, \quad (3.18)$$

Finalmente, finalizamos este capítulo de revisão das definições e propriedades básicas do Cálculo Fracionário (que utilizaremos neste trabalho) com a generalização do Teorema Fundamental do Cálculo para Caputo:

Teorema 3.4.1 (Teorema Fundamental do Cálculo de Caputo). Seja $0 < \alpha < 1$, se $f(x)$ for uma função diferenciável em $[a, b]$. Então temos:

$${}_a J_b^{\alpha C} D_x^\alpha f(x) = f(b) - f(a) \quad (3.19)$$

e

$${}_b J_a^{\alpha C} D_b^\alpha f(x) = f(a) - f(b). \quad (3.20)$$

A prova do Teorema 3.4.1 pode ser vista em (Diethelm, 2010). Utilizaremos este

teorema para formular um método numérico para resolver os modelos fracionários nos próximos capítulos.

4 UM MODELO SIRD FRACIONÁRIO PARA A DINÂMICA DE POPULAÇÕES INTERAGENTES

Neste capítulo apresentamos o modelo fracionário para a dinâmica de populações interagentes que propomos. Discutiremos algumas propriedades matemáticas deste modelo, como os pontos de equilíbrio e a estabilidade.

4.1 O Modelo

Embora o modelo SIR, apresentado no Capítulo 2, descreva a essência da dinâmica de uma epidemia, ele inclui apenas os elementos principais do processo. Modelos mais complexos incluem outras categorias de indivíduos na população (Hethcote, 2000; Keeling, 2008; Kretzschmar, 2009), como o modelo SIRD (Silva, 2020) (em inglês: Susceptible-Infected-Recovered-Dead), que categoriza o compartimento removidas em recuperadas ou mortas. Com isso, outros parâmetros são incluídos, nesse caso as taxas de recuperação e mortalidade.

Neste trabalho, vamos considerar o caso de duas populações distintas interagentes (populações em cidades vizinhas). Seja N_i o número de indivíduos na população i ($i = 1, 2$) e $N_T = N_1 + N_2$ a população total integrada. Sejam S_i, I_i, R_i e D_i as frações, em relação ao N_i , da população i que são, suscetíveis, infectados, recuperados e mortos, respectivamente, no tempo t . No modelo considera-se, a evolução temporal dada pelo seguinte sistema dinâmico

para $i = 1, 2$.

$$\begin{aligned}
{}_0^C D_t^\alpha S_i &= - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j + \mu_i (1 - S_i) \\
{}_0^C D_t^\alpha I_i &= \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j - (\gamma_i + \kappa_i + \mu_i) I_i \\
{}_0^C D_t^\alpha R_i &= \gamma_i I_i - \mu_i R_i \\
{}_0^C D_t^\alpha D_i &= \kappa_i I_i,
\end{aligned} \tag{4.1}$$

onde $0 < \alpha \leq 1$ é a ordem da derivada, β_{ij} é a taxa de transmissão da doença (proporcional à taxa média de contato na população), temos que o parâmetro β_{ij} será os parâmetros $\beta_{11}, \beta_{12}, \beta_{21}$ e β_{22} o que significa que, β_{11} é a taxa de contágio da população 1 com a população 1, ou seja, é o contágio dentro da própria população, β_{12} é a taxa de contágio da população 1 com a população 2, ou seja, é o contágio dentro das duas populações, o mesmo podemos considera para os parâmetros β_{21} e β_{22} ; κ_i é a taxa de mortes da população infectada pela doença, γ_i é o inverso do período infeccioso médio, para $i = 1, 2$. Além disso, assume-se que as taxas de mortalidade μ_i é igual as taxas de natalidade, de forma que o N_i total da população é constante durante as doenças. Portanto, tem-se que $S_i(t) + I_i(t) + R_i(t) + D_i(t) = 1$ (Lazo; Cezaro, 2020). Além disso, em relação à dimensão dos parâmetros do modelo é importante observar que, já que S_i, I_i, R_i e D_i são adimensionais, e os operadores fracionários ${}_0^C D_t^\alpha$ têm dimensão de tempo $^{-\alpha}$ (como as derivadas de ordem inteira $\frac{d}{dt}$ têm dimensão de tempo $^{-1}$), as taxas fracionárias $\beta_{ij}, \kappa_i, \gamma_i$, e μ_i devem ter dimensão de tempo $^{-\alpha}$.

4.2 Pontos de Equilíbrio e Estabilidade Para o Caso Simétrico

Nesta seção analisaremos os pontos de equilíbrio e sua estabilidade para o modelo SIRD fracionário de populações interagentes (4.1). A respeito da existência dos pontos de equilíbrio (solução independente do tempo), temos que quando $t \rightarrow \infty$ a solução do modelo (4.1) tende ao ponto de equilíbrio. Na situação em que esse ponto de equilíbrio é não nulo

a doença se torna epidêmica. Para encontrar o ponto de equilíbrio, ao invés de olhar para todas as variáveis do modelo, basta analisar em que condições as variáveis S_i , I_i e R_i tornam-se constantes no tempo (pois $D_i = 1 - S_i - I_i - R_i$). Chamaremos de S_i^* , I_i^* e R_i^* esses valores constantes. Para encontrar (S_i^*, I_i^*, R_i^*) , fazemos ${}_0^C D_t^\alpha S_i = 0$, ${}_0^C D_t^\alpha I_i = 0$ e ${}_0^C D_t^\alpha R_i = 0$ nas três primeiras equações de (4.1). Vamos considerar ainda, por simplicidade (e sem perda de generalidade), o caso simétrico, as taxas de contágio β_{11} e β_{22} representam que as populações são iguais. Neste caso teremos $N_1 = N_2 = N$, $\beta_{11} = \beta_{22} = \beta$, $\beta_{12} = \beta_{21} = \hat{\beta}$, $\gamma_1 = \gamma_2 = \gamma$, $\kappa_1 = \kappa_2 = \kappa$, $\mu_1 = \mu_2 = \mu$, $S_1 = S_2 = S^*$ e $I_1 = I_2 = I^*$. Logo, da equação (4.1) teremos:

$$\begin{aligned} -\beta S^* I^* - \hat{\beta} S^* I^* + \mu(1 - S^*) &= 0 \\ \beta S^* I^* + \hat{\beta} S^* I^* - (\gamma + \kappa + \mu) I^* &= 0 \\ \gamma I_i - \mu_i R_i &= 0. \end{aligned} \tag{4.2}$$

Isolando I^* na segunda equação de (4.2), obtemos:

$$I^* \left((\beta + \hat{\beta}) S^* - (\gamma + \kappa + \mu) \right) = 0.$$

Vale uma observação para a equação acima, o caso não simétrico não teria essa simplificação de poder colocar o I^* em evidência, pois esses I^* 's seriam diferentes, então não teria como isolar o I^* , o que nos daria uma expressão bem diferente para o caso não simétrico.

Logo, ou $I^* = 0$ ou $S^* = \frac{\gamma + \kappa + \mu}{\beta + \hat{\beta}}$. Vamos analisar cada uma dessas possibilidades:

Caso 1) Vamos encontrar primeiro o ponto de equilíbrio livre de doença, $I^* = 0$.

Desse modo, da primeira equação em (4.2), obtemos:

$$\mu(1 - S^*) = 0 \quad \Rightarrow \quad S^* = 1,$$

e da terceira equação em (4.2) encontramos

$$\mu_i R^* = 0 \quad \Rightarrow \quad R^* = 0.$$

Portanto, o ponto de equilíbrio simétrico livre de doença é $P_1(S^*, I^*, R^*, D^*) = (1, 0, 0, 0)$.

Caso 2) Encontraremos agora o ponto de equilíbrio com doença, quando $I^* \neq 0$ e $S^* = \frac{\gamma + \kappa + \mu}{\beta + \hat{\beta}}$. Substituindo S^* na primeira equação de (4.2), obtemos que I^* é dado por:

$$I^* = \frac{\mu}{\gamma + \kappa + \mu} - \frac{\mu}{\beta + \hat{\beta}}.$$

Logo, substituindo I^* na terceira equação de (4.2), encontramos:

$$R^* = \frac{\gamma}{\gamma + \kappa + \mu} - \frac{\gamma}{\beta + \hat{\beta}}.$$

Portanto:

$$D^* = 1 - \frac{\kappa}{\beta + \hat{\beta}} - \frac{\gamma + \mu}{\gamma + \kappa + \mu}.$$

O ponto de equilíbrio epidêmico simétrico será, portanto:

$$P_2(S^*, I^*, R^*, D^*) = \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}}, \frac{\mu}{\gamma + \kappa + \mu} - \frac{\mu}{\beta + \hat{\beta}}, \frac{\gamma}{\gamma + \kappa + \mu} - \frac{\gamma}{\beta + \hat{\beta}}, 1 - \frac{\kappa}{\beta + \hat{\beta}} - \frac{\gamma + \mu}{\gamma + \kappa + \mu} \right). \quad (4.3)$$

Para analisar a estabilidade dos pontos de equilíbrio no caso simétrico, utilizaremos a matriz Jacobiana associada ao sistema formado pelas três primeiras equações de (4.1), pois a quarta equação pode ser eliminada do sistema já que $D_i = 1 - S_i - I_i - R_i$. Procedendo como na análise do modelo SIR, apresentada no Capítulo 2, obtemos a matriz Jacobiana do sistema

(4.1) reduzido:

$$J(S, I, R, D) = \begin{pmatrix} -(\beta + \hat{\beta})I - \mu & -(\beta + \hat{\beta})S & 0 \\ (\beta + \hat{\beta})I & (\beta + \hat{\beta})S - (\gamma + \kappa + \mu) & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}. \quad (4.4)$$

Analisaremos separadamente a estabilidade de cada um dos pontos de equilíbrio encontrados.

Caso 1) Aplicando $P_1(S^*, I^*, R^*, D^*) = (1, 0, 0, 0)$ na matriz Jacobiana (4.4) do modelo SIRD fracionário, obtemos:

$$J(P_1) = \begin{pmatrix} -\mu & -(\beta + \hat{\beta}) & 0 \\ 0 & \beta + \hat{\beta} - (\gamma + \kappa + \mu) & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}, \quad (4.5)$$

de onde encontramos os três autovalores:

$$\lambda_1 = \beta - (\gamma + \kappa + \mu) \quad \text{e} \quad \lambda_2 = \lambda_3 = -\mu.$$

Como λ_2 e λ_3 são sempre negativos, a estabilidade do ponto de equilíbrio livre de infecções é dada pelo sinal do primeiro autovalor. Para $\beta < \gamma + \kappa + \mu$ (neste caso $\lambda_1 < 0$) o equilíbrio será estável, quando $\beta > \gamma + \kappa + \mu$ (neste caso $\lambda_1 > 0$) o equilíbrio será instável. Quando o equilíbrio é estável, ao inserir um número pequeno de indivíduos infectados em uma população majoritariamente suscetível (pequena perturbação) não ocorrerá epidemia. O sistema tenderá exponencialmente ao equilíbrio livre de doença. Por outro lado, se o equilíbrio for instável, ao inserir um número pequeno de indivíduos infectados a doença se espalhará (a perturbação,

número inicial pequeno de infectados, cresce com o tempo) e teremos o surgimento de uma epidemia.

Caso 2) Aplicando P_2 (4.3) na matriz Jacobiana (4.4) do modelo SIRD fracionário, obtemos:

$$J(P_2) = \begin{pmatrix} -\mu R_0 & -\gamma - \mu & 0 \\ \mu R_0 - \mu & -\kappa & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}, \quad (4.6)$$

onde $R_0 = \frac{\beta + \hat{\beta}}{\gamma + \kappa + \mu}$ é o Número de Reprodução Básica do caso simétrico (onde $S_1 = S_2 = S$, $I_1 = I_2 = I$, $R_1 = R_2 = R$ e $D_1 = D_2 = D$ em (4.1) quando as condições iniciais também são simétricas) do modelo SIRD fracionário (4.1). O valor de R_0 é obtido (como descrito no Capítulo 2) fazendo-se $t \approx 0$, o que implica $S \approx 1$, portanto, ${}_0^C D_t^\alpha I = (\beta + \hat{\beta})I - (\gamma + \kappa + \mu)I = \frac{I}{\gamma + \kappa + \mu} (R_0 - 1)$.

Os autovalores da matriz Jacobiana (4.6) são:

$$\lambda_{1,2} = \frac{-(\mu R_0 + \kappa) \pm \sqrt{(\mu R_0 - \kappa)^2 - 4\mu(R_0 - 1)(\gamma + \mu)}}{2} \quad \text{e} \quad \lambda_3 = -\mu.$$

Como os autovalores λ_2 e λ_3 têm parte real sempre negativa, a análise da estabilidade do ponto de equilíbrio endêmico no caso simétrico de reduz ao sinal do primeiro autovalor. Teremos um ponto de equilíbrio estável quando:

$$(\mu R_0 + \kappa)^2 > (\mu R_0 - \kappa)^2 - 4\mu(R_0 - 1)(\gamma + \mu).$$

Portanto, abrindo os quadrados:

$$\kappa R_0 > -(R_0 - 1)(\gamma + \mu),$$

e isolando R_0 , obtemos a condição:

$$R_0 > \frac{\gamma + \mu}{\gamma + \kappa + \mu} \Rightarrow \beta + \hat{\beta} > \gamma + \mu,$$

para que o ponto de equilíbrio seja estável. Neste caso, após atingir o equilíbrio (tempos longos), pequenas flutuações no número de infectados (em relação ao valor de equilíbrio) não produzem nova epidemia. O equilíbrio instável que ocorreria no caso de $\beta + \hat{\beta} < \gamma + \mu$ é descartado pois teríamos uma situação sem significado biológico ($S^* = \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}} > 1$ que contradiz a condição $0 \leq S^* \leq 1$).

4.3 Resultados Numéricos e Discussão

Nesta seção estão sendo realizadas análises e comparações à cerca do modelo (4.1) para derivadas de ordem inteira ($\alpha = 1$) e fracionária ($0 < \alpha < 1$). Primeiro, considera-se algumas propriedades do modelo fracionário para o caso particular sem a interação entre cidades. Na sequência é analisado o modelo fracionário com a interação entre duas populações. Para a comparação com dados reais, utilizamos dados obtidos através do site Prefeitura do Rio Grande e Prefeitura de Pelotas.

Para obter uma solução numérica para o modelo SIRD generalizado (4.1), primeiro integramos ambos os lados de (4.1) com uma integral fracionária ${}_0J_t^\alpha$ de ordem α . Do Teorema Fundamental do Cálculo de Caputo, (3.19), temos:

$$\begin{aligned}
S_i(t) &= S_i(0) - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij0} J_t^\alpha S_i I_j + \mu_{i0} J_t^\alpha (1 - S_i) \\
I_i(t) &= I_i(0) + \sum_{j=1}^2 \beta_{ij0} J_t^\alpha S_i I_j - (\gamma_i + \kappa_i + \mu_i)_0 J_t^\alpha I_i \\
R_i(t) &= R_i(0) + \gamma_{i0} J_t^\alpha I_i - \mu_{i0} J_t^\alpha R_i \\
D_i(t) &= D_i(0) + \kappa_{i0} J_t^\alpha I_i + \mu_{i0} J_t^\alpha D_i.
\end{aligned} \tag{4.7}$$

O segundo e último passo para a resolução do Problema (4.1) consiste em definir funções discretizadas de S_i , I_i , R_i e D_i . Para um inteiro positivo L , seja $t_n = t_0 + nh$ ($n = 0, 1, \dots, L$), onde $h = \frac{t_L - t_0}{L}$ e $t_0 = 0$. Então, seja $X_i^{(n)} = X_i(t_n)$ (onde X indica S , I , R ou D). As funções discretizadas são definidas por:

$$X_i^L(t) = X_i^{(n)} \quad \text{se } t_n \leq t < t_{n+1}. \tag{4.8}$$

Como $X_i(t)$ é uma função diferenciável, temos $\lim_{L \rightarrow \infty} X_i^L(t) = X_i(t)$. Consequentemente, as funções discretizadas $X_i^L(t)$ são uma aproximação para $X_i(t)$ quando L é grande. Agora podemos encontrar os valores $X_i^{(n)}$ das seguintes relações de recorrência:

$$\begin{aligned}
S_i^{(n)} &= S_i^{(0)} - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^{t_n} \frac{S_i^L I_j^L}{(t_n - t)^{1-\alpha}} dt + \mu_i \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^{t_n} \frac{1 - S_i^L}{(t_n - t)^{1-\alpha}} dt \\
I_i^{(n)} &= I_i^{(0)} + \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^{t_n} \frac{S_i^L I_j^L}{(t_n - t)^{1-\alpha}} dt - (\gamma_i + \kappa_i + \mu_i) \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^{t_n} \frac{I_i^L}{(t_n - t)^{1-\alpha}} dt \\
R_i^{(n)} &= R_i^{(0)} + \gamma_i \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^{t_n} \frac{I_i^L}{(t_n - t)^{1-\alpha}} dt - \mu_i \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^{t_n} \frac{R_i^L}{(t_n - t)^{1-\alpha}} dt \\
D_i^{(n)} &= D_i^{(0)} + \kappa_i \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^{t_n} \frac{I_i^L}{(t_n - t)^{1-\alpha}} dt + \mu_i \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_0^{t_n} \frac{D_i^L}{(t_n - t)^{1-\alpha}} dt.
\end{aligned} \tag{4.9}$$

Finalmente, calculando as integrais em (4.9) obtemos uma solução aproximada para (4.1):

$$\begin{aligned}
S_i^{(n)} &= S_i^{(0)} - \sum_{j=1}^2 \frac{\beta_{ij}}{\Gamma(\alpha+1)} \sum_{m=1}^n S_i^{(n-m)} I_j^{(n-m)} \Delta_{n,m}^\alpha + \frac{\mu_i}{\Gamma(\alpha+1)} \sum_{m=1}^n (1 - S_i^{(n-m)}) \Delta_{n,m}^\alpha \\
I_i^{(n)} &= I_i^{(0)} + \sum_{j=1}^2 \frac{\beta_{ij}}{\Gamma(\alpha+1)} \sum_{m=1}^n S_i^{(n-m)} I_j^{(n-m)} \Delta_{n,m}^\alpha - \frac{\gamma_i + \kappa_i + \mu_i}{\Gamma(\alpha+1)} \sum_{m=1}^n I_i^{(n-m)} \Delta_{n,m}^\alpha \\
R_i^{(n)} &= R_i^{(0)} + \frac{\gamma_i}{\Gamma(\alpha+1)} \sum_{m=1}^n I_i^{(n-m)} \Delta_{n,m}^\alpha - \frac{\mu_i}{\Gamma(\alpha+1)} \sum_{m=1}^n R_i^{(n-m)} \Delta_{n,m}^\alpha \\
D_i^{(n)} &= D_i^{(0)} + \frac{\kappa_i}{\Gamma(\alpha+1)} \sum_{m=1}^n I_i^{(n-m)} \Delta_{n,m}^\alpha + \frac{\mu_i}{\Gamma(\alpha+1)} \sum_{m=1}^n D_i^{(n-m)} \Delta_{n,m}^\alpha,
\end{aligned} \tag{4.10}$$

onde

$$\Delta_{n,m}^\alpha = (t_n - t_{n-m})^\alpha - (t_n - t_{n-m+1})^\alpha. \tag{4.11}$$

Para todos os resultados numéricos apresentados no trabalho consideramos $h = 0.5$, dado um intervalo de tempo de meio dia.

4.3.1 Uma Única População Isolada: Modelo Sem a Interação Entre Cidades

Antes de considerar a interação entre duas cidades. Foi feita uma análise preliminar de apenas uma única cidade ($N_2 = 0$). Neste caso consideramos dados reais da população infectada e recuperada, ou seja, o número total de casos registrados em Rio Grande, no período de tempo (t) de 180 dias. Para o estudo, considerou-se o tempo inicial ($t = 0$), e o tempo final ($t = 180$). A escolha do tempo inicial, foi feita para o registro do primeiro caso de pessoas infectadas no município, sendo computado em 23 de março de 2020.

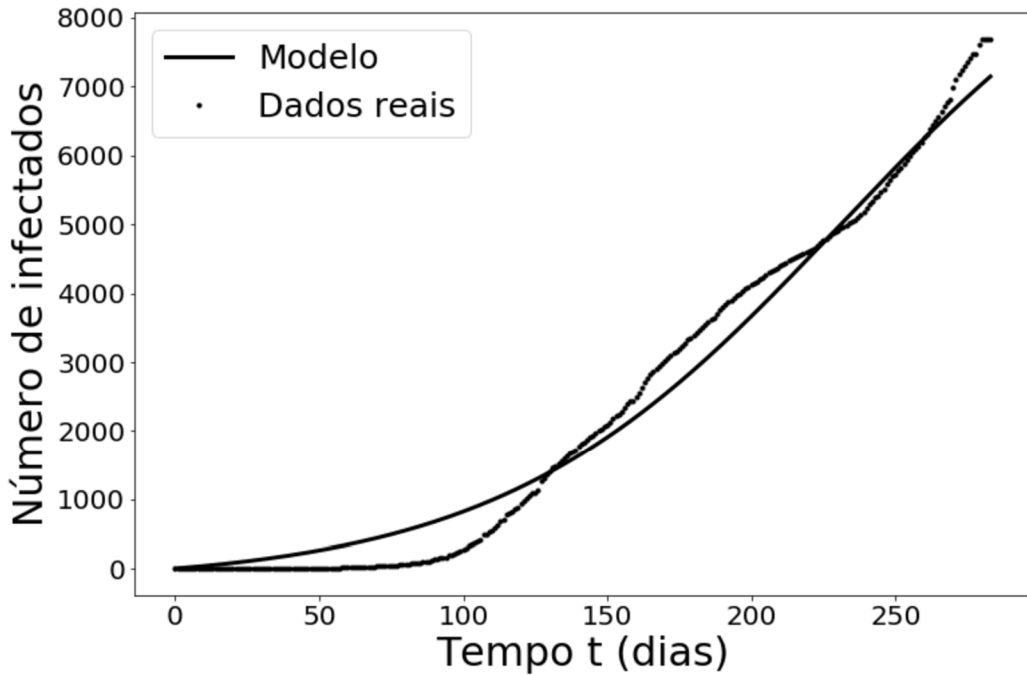


Figura 4.1: Comparação entre os dados reais da população de Rio Grande (Fonte: Prefeitura do Rio Grande) e a solução numérica do modelo sem interações e derivada de ordem $\alpha = 1$.

Na Figura 4.1 a curva esboçada em linha pontilhada corresponde aos dados reais da população de Rio Grande, enquanto que a curva esboçada em linha corresponde ao modelo SIRD, para a derivada de ordem inteira ($\alpha = 1$). Os parâmetros utilizados no modelo na Figura 4.1 foram $\gamma_1 = 2/3$ (supomos um tempo médio de 1.5 dias (ou 36 horas de contato com outras pessoas) para o infectado ser diagnosticado e isolado do restante da população) e, por simplicidade, $\kappa_1 = \mu_1 = 0$. Como condição inicial, consideramos que haviam 5 indivíduos inicialmente infectados (supomos que quando o primeiro caso foi diagnosticado, este doente já teria contaminado outras pessoas). Com esses parâmetros, encontramos que o valor $\beta_{11} = 0.683$ é o que melhor descreve os casos reais. Finalmente, pode-se observar que a curva não descreve tão bem os casos reportados pelos dados oficiais, uma vez que a dinâmica real mostra um crescimento aproximadamente linear. Segundo (Lazo; Cezaro, 2020) esse crescimento linear pode ser indício da difusão da doença para cidades vizinhas e entre bairros de uma mesma

cidade. Este fato leva a uma dinâmica com crescimento anômalo, o que motiva a investigação de modelos de populações interagentes e de modelos fracionários.

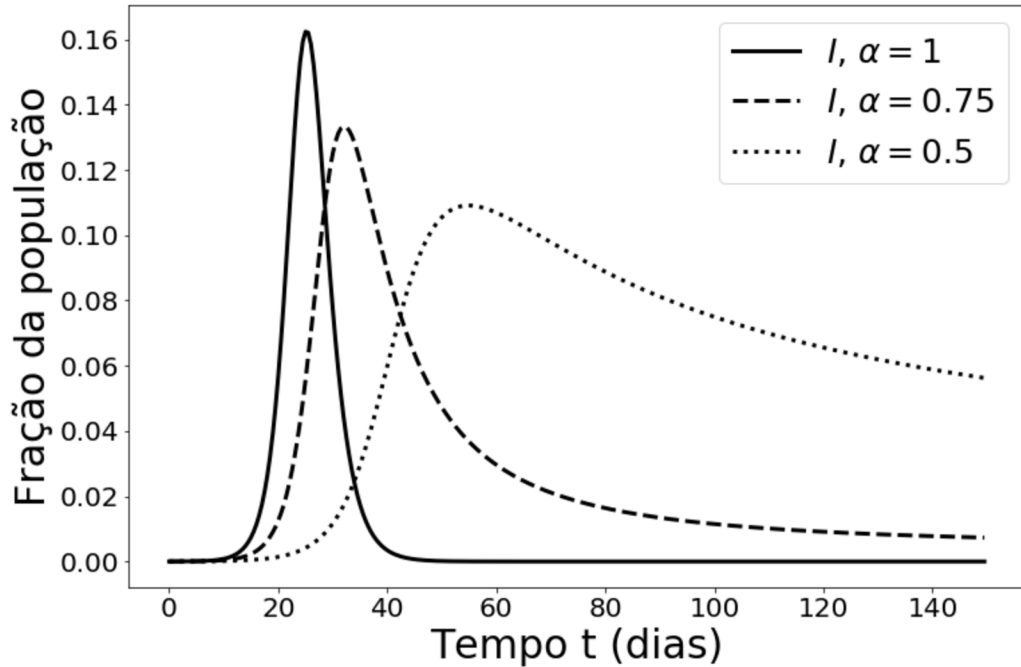


Figura 4.2: Solução numérica do modelo sem interação para derivadas de ordem $\alpha = 1$, $\alpha = 0.75$ e $\alpha = 0.5$.

Um dos principais efeitos na dinâmica introduzidos pelas derivadas fracionárias pode ser visto na Figura 4.2. Pode-se observar nesta figura que para a derivada de ordem inteira tem-se um pico de infectados (partição I) bem estreito para a epidemia. Já no caso das derivadas de ordem fracionária, conforme a ordem α da derivada diminui, observa-se um alongamento no período da epidemia. Esse alongamento pode descrever, por exemplo, a difusão da doença entre bairros e cidades vizinhas. A difusão produz um alargamento no período da epidemia pois, em cada bairro e cidade, o pico da infecção ocorre à um tempo diferente (Lazo; Cezaro, 2020), como veremos no nosso modelo quando considerarmos a interação entre duas cidades. Para os resultados apresentados na Figura 4.2 utilizamos $N_1 = 211965$ (dados da população de Rio Grande obtidos através do site Prefeitura do Rio Grande), $\beta_{11} = 1$, $\gamma_1 = 0.5$, $\kappa_1 = 0$ (por

simplicidade, não consideramos os casos de morte) e $\mu_1 = 0.001$. Além disso, consideramos que em $t = 0$ haviam 2 indivíduos infectados.

Apresentamos na Figura 4.3 o comportamento dos mortos (partição D) para o modelo sem interação. Para esta figura utilizamos $N_1 = 211965$, $\beta_{11} = 1$, $\gamma_1 = 0.5$, $\kappa_1 = 0.01$ e $\mu_1 = 0.001$. Além disso, consideramos novamente que em $t = 0$ haviam 2 indivíduos infectados. Observamos novamente que a introdução de derivadas fracionárias na dinâmica do sistema resulta em um alargamento do tempo necessário para atingir o pico no número de mortos. Além disso, a amplitude deste pico decresce com a ordem da derivada fracionária.

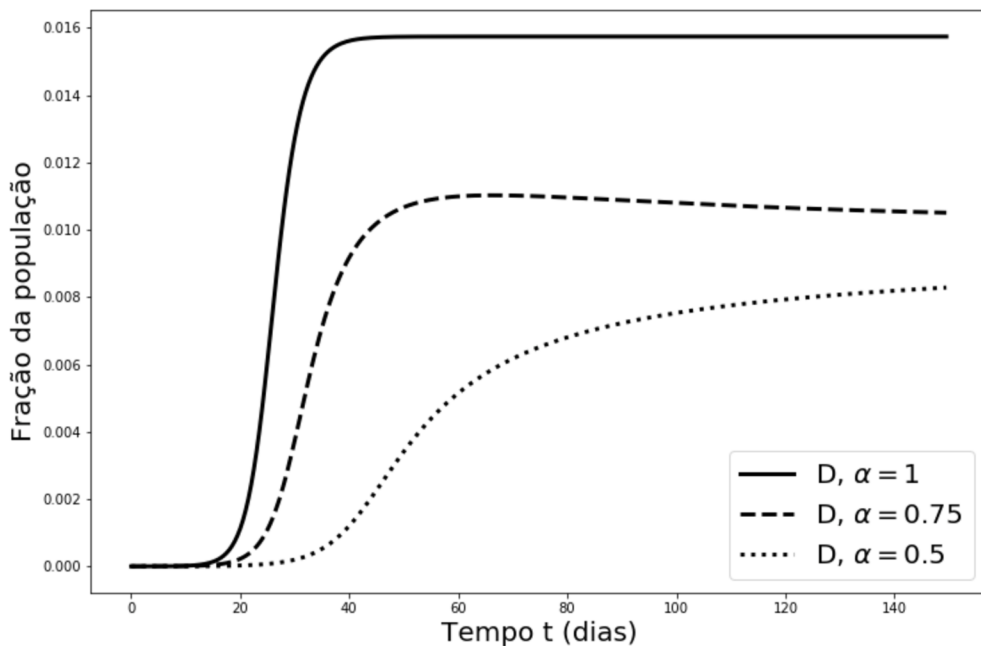


Figura 4.3: Solução numérica do modelo sem interação para derivadas de ordem $\alpha = 1$, $\alpha = 0.75$ e $\alpha = 0.5$.

Finalmente, outro efeito importante introduzido pelas derivadas fracionárias na dinâmica é apresentado na Figura 4.4, onde consideramos por simplicidade $\kappa_1 = 0$. Para uma única população, os pontos de equilíbrio coincidem com os pontos do caso simétrico de populações interagentes para $\beta_{12} = \beta_{21} = \hat{\beta} = 0$. Neste caso, o ponto de equilíbrio $(S_{eq}, I_{eq}, R_{eq}, 0)$ (onde

$S_{eq} = \frac{\mu_1 + \gamma_1}{\beta_{11}}$, $I_{eq} = \frac{\mu_1}{\mu_1 + \gamma_1} - \frac{\mu_1}{\beta_{11}}$ e $R_{eq} = 1 - S_{eq} - I_{eq}$) do modelo não é afetado pela ordem da derivada, no entanto, o comportamento oscilatório do modelo com derivada inteira ($\alpha = 1$) desaparece no modelo com derivada fracionária ($\alpha = 0.75$). Para $t \rightarrow \infty$ o modelo atinge o equilíbrio, e a doença torna-se endêmica para $\mu_1 \neq 0$. Para os resultados apresentados na Figura 4.4 utilizamos $N_1 = 211965$, $\beta_{11} = 1$, $\gamma_1 = 0.5$, $\kappa_1 = 0$ e $\mu_1 = 0.02$ (neste caso, utilizamos um valor grande para μ para facilitar a visualização gráfica do equilíbrio para infectados). Além disso, consideramos que em $t = 0$ haviam 2 indivíduos infectados.

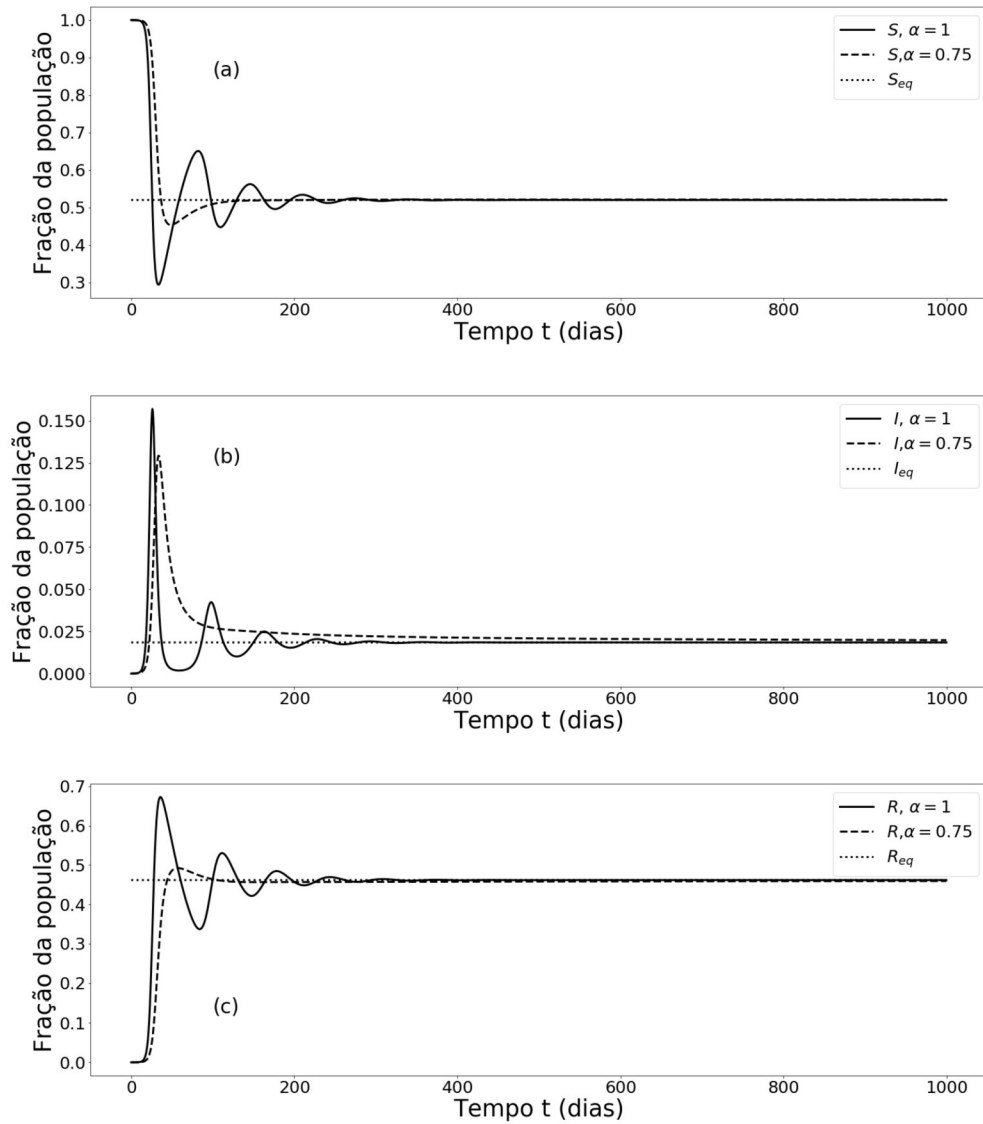


Figura 4.4: Solução numérica do modelo sem interações para derivadas de ordem $\alpha = 1$ e $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

4.3.2 Populações Interagentes

Com base na difusão geográfica da doença, decidiu-se analisar a interação entre cidades vizinhas. Por simplicidade, vamos considerar o caso em que as duas cidades têm a mesma população total, ou seja, $N_1 = N_2$. Consideramos que inicialmente haviam 2 infectados na cidade 1 e 0 infectados na cidade 2. Note que na Figura 4.5, para o gráfico (a), tem-se uma diferença no tempo em que acontece a epidemia em cada cidade uma vez que inicialmente só tínhamos infectado na primeira cidade. A contaminação da população da segunda cidade ocorre inicialmente por conta da interação com a primeira cidade. Esta diferença no tempo leva a um fenômeno de alargamento do pico e da duração da epidemia na população total $N_1 + N_2$, como apontado em (Lazo; Cezaro, 2020). Podemos observar este alargamento no gráfico (b), onde apresentamos a soma total de infectados ($I_1 + I_2$) dessas populações interagentes. Os parâmetros utilizados nesta simulação foram $\alpha = 1$, $\gamma_1 = \gamma_2 = 0.5$, $\kappa_1 = \kappa_2 = \mu_1 = \mu_2 = 0$, $\beta_{11} = \beta_{22} = 1$ e $\beta_{12} = \beta_{21} = 0.0005$ (supomos que 1 em cada 2000 habitantes transita entre as duas cidades diariamente).

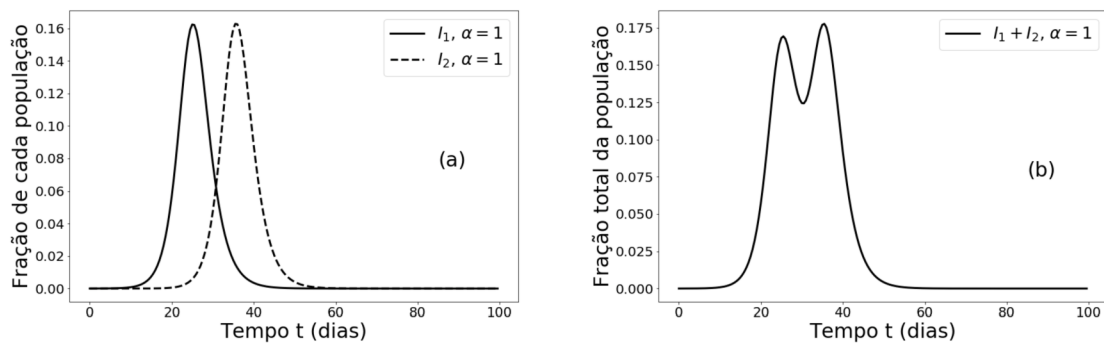


Figura 4.5: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada de ordem inteira $\alpha = 1$; Gráfico da população total infectada por dia (b).

O mesmo fenômeno de alargamento também está presente no modelo com derivadas fracionárias, como pode ser visto na Figura 4.6 para $\alpha = 0.75$.

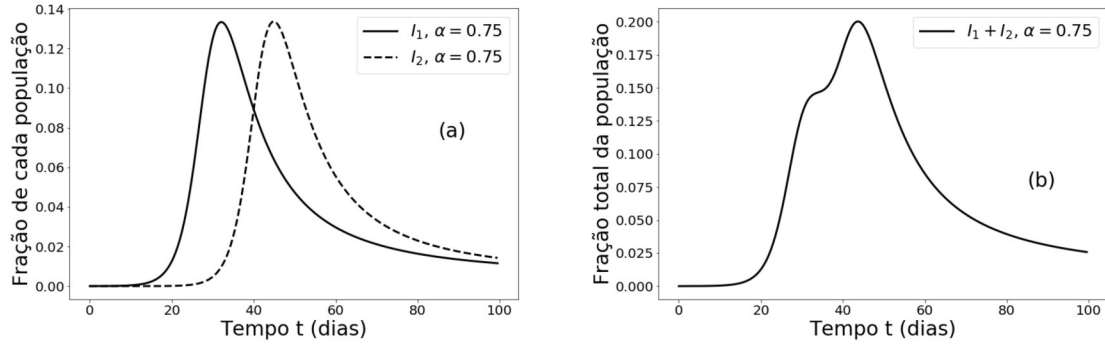


Figura 4.6: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada fracionária de ordem $\alpha = 0.75$; Gráfico da população total infectada por dia (b).

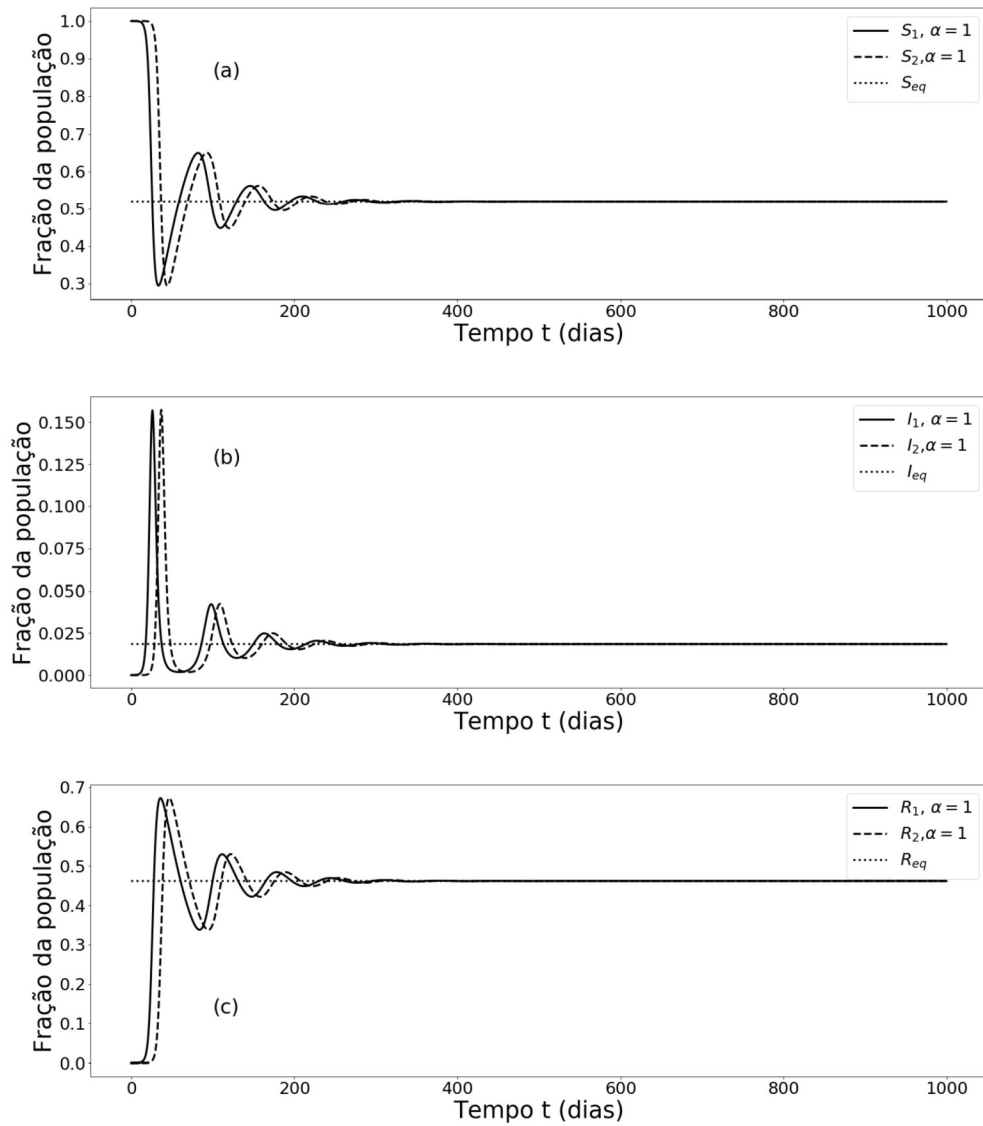


Figura 4.7: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 1$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

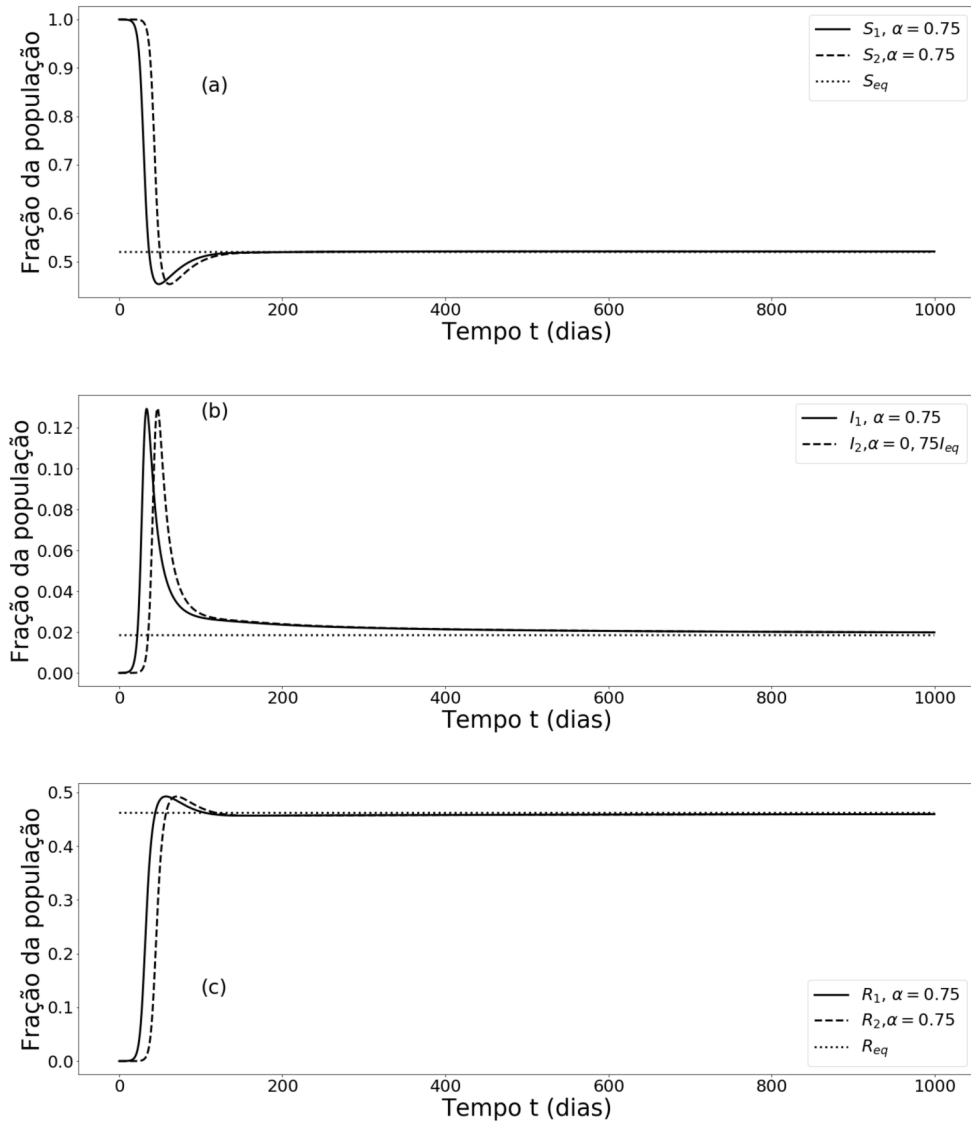


Figura 4.8: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

Nas Figuras 4.7 e 4.8 apresentamos o comportamento assintótico dos modelos com derivada inteira ($\alpha = 1$) e com derivada fracionária ($\alpha = 0.75$). Por simplicidade, consideramos o caso simétrico $\beta_{11} = \beta_{22} = 1$, $\beta_{12} = \beta_{21} = 0.0005$, $\gamma_{12} = \gamma_{21} = 0.5$, $\mu_1 = \mu_2 = 0.2$ e $\kappa_1 = \kappa_2 = 0$. Neste caso simétrico, no equilíbrio temos: $\lim_{t \rightarrow \infty} S_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} S_2 = S_{eq} = 0.51974013$, $\lim_{t \rightarrow \infty} I_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} I_2 = I_{eq} = 0.01847153$, $\lim_{t \rightarrow \infty} R_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} R_2 = R_{eq} = 0.46178834$ e $D_1 = D_2 = D_{eq} = 0$. Observamos novamente que um dos efeitos da derivada fracionária na

dinâmica é o desaparecimento do comportamento oscilatório das variáveis do modelo antes de atingir o equilíbrio assintótico.

4.3.3 Uma Comparação com Dados Reais

Apresentamos agora uma comparação com dados reais entre o modelo de populações interagentes com derivadas inteiras e o modelo com derivadas fracionárias. Utilizamos dados obtidos através dos sites da Prefeitura do Rio Grande (disponível em <https://www.riogrande.rs.gov.br/>) e da Prefeitura de Pelotas (disponível em <http://pelotas.com.br/>). Consideramos o número total de casos registrados em Rio Grande e em Pelotas, em um período de tempo de 284 dias. Para o estudo, considerou-se o tempo inicial ($t = 0$), e o tempo final ($t = 284$). A escolha do tempo inicial coincide com o registro do primeiro caso de pessoas infectadas no município de Rio Grande, sendo computado em 23 de março de 2020. O último dia corresponde ao registro de 31 de dezembro de 2020. Os dados dos primeiros 2 meses de 2021 não foram inclusos na análise pois o município de Rio Grande não divulgou os dados diariamente no mês de janeiro.

Para uma descrição mais realista dos dados reais de uma epidemia, deveríamos considerar que os parâmetros definindo o modelo $(\beta_i, \beta_{ij}, \gamma_i, \kappa_i, \mu_i)$ são funções do tempo, pois o valor desses parâmetros dependem, por exemplo, de políticas públicas e da conscientização da população. Mas para o objetivo deste trabalho, que é comparar os resultados obtidos pelo modelo de populações interagentes com derivadas fracionárias com o modelo com derivadas inteiras ($\alpha = 1$), vamos considerar todos esses parâmetros constantes. Além disso, consideramos como condição inicial que em $t = 0$ haviam 5 infectados em Rio Grande e 0 em Pelotas. O início da epidemia em Pelotas deve-se à interação com Rio Grande. Consideramos como população 1 a cidade de Rio Grande, onde foi diagnosticado o primeiro caso, e como população 2 a cidade de Pelotas. Neste caso temos $N_1 = 211695$ e $N_2 = 343651$ (dados da população de Pelotas obtidos

através do site Prefeitura Municipal de Pelotas).

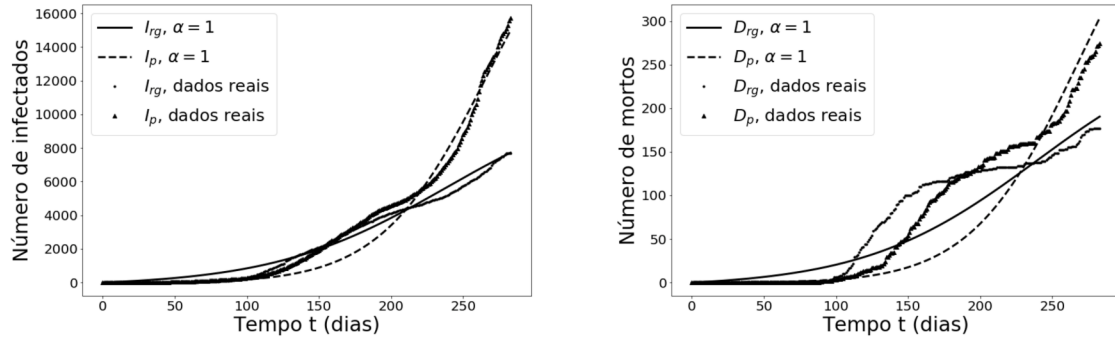


Figura 4.9: Gráfico da população infectada e do número de mortes para as cidades interagentes de Rio Grande e Pelotas (Fonte: Prefeitura do Rio Grande e Prefeitura de Pelotas). Em (a) o número acumulado de infectados para derivada inteira ($\alpha = 1$), e em (b) o número de mortes.

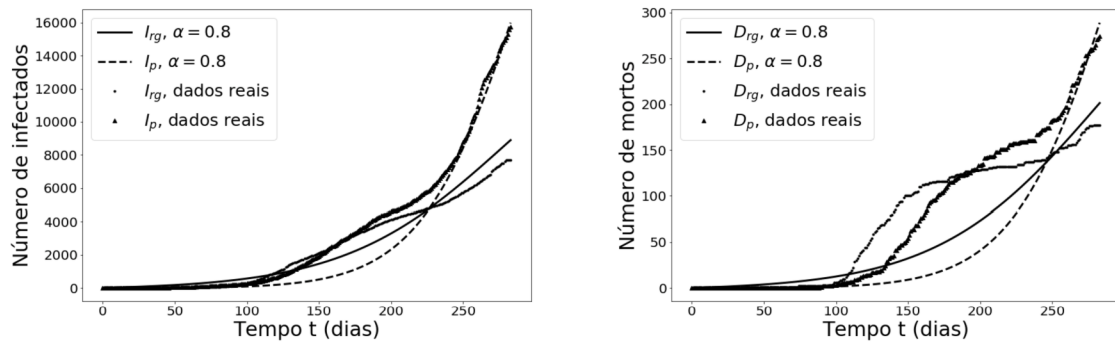


Figura 4.10: Gráfico da população infectada e do número de mortes para as cidades interagentes de Rio Grande e Pelotas (Fonte: Prefeitura do Rio Grande e Prefeitura de Pelotas). Em (a) o número acumulado de infectados para derivada fracionária de ordem ($\alpha = 0.8$), e em (b) o número de mortes.

Nas Figuras 4.9 e 4.10 apresentamos a comparação para os dados acumulados de infectados I_{rg} e I_p ($I + R + D$) e de mortos D_{rg} e D_p para as cidades de Rio Grande e Pelotas, respectivamente. Por simplicidade, fixamos $\gamma_1 = \gamma_2 = 2/3$ e $\mu_1 = \mu_2 = 0$. Além disso, consideramos ainda que $\beta_{12} = \beta_{11}/500$ e $\beta_{21} = \beta_{22}/500$ (em média, 1 em cada 500 habitantes da cidade tem contato com os habitantes da cidade vizinha). Na Figura 4.9 apresentamos a comparação com o número de infectados e mortos para o modelo com derivadas inteiras ($\alpha = 1$). Os parâmetros que melhor descrevem os dados oficiais neste caso são: $\beta_1 = 0.7$, $\beta_2 = 0.706$, $\kappa_1 = 0.017$ e $\kappa_2 = 0.014$. Já na Figura 4.10 apresentamos os resultados do modelo interagente

com derivadas fracionárias de ordem ($\alpha = 0.8$). Os parâmetros que melhor descrevem os dados reais neste caso são: $\beta_1 = 0.723$, $\beta_2 = 0.738$, $\kappa_1 = 0.016$ e $\kappa_2 = 0.013$. Embora consideramos que inicialmente em Pelotas havia 0 infectados, devido a interação entre as duas cidades, a doença espalha-se rapidamente para Pelotas.

Observamos que ambos os casos (derivada inteira e derivada fracionária) descrevam qualitativamente bem a dinâmica da epidemia nos primeiros 284 dias em Rio Grande e em Pelotas. Apesar disso, o modelo com derivada fracionária apresenta um comportamento bem distinto do modelo com derivada inteira quando consideramos intervalos de tempo maiores do que 284 dias. Na Figura 4.11 apresentamos a previsão do número total acumulado de pessoas que serão infectadas e mortas. A Figura 4.11 (a) apresenta o resultado para o número de infectados para derivada inteira ($\alpha = 1$) e fracionária ($\alpha = 0.8$), e a Figura 4.11 (b) corresponde ao resultado do modelo para o número de mortos. O modelo com derivada fracionária prevê um número de infectados e mortos maior em comparação ao modelo com derivada inteira. Como a epidemia nas cidades de Rio Grande e Pelotas ainda está longe de atingir o equilíbrio, não temos como determinar qual dos dois modelos (fracionário e inteiro) descreverá melhor toda a dinâmica da epidemia.

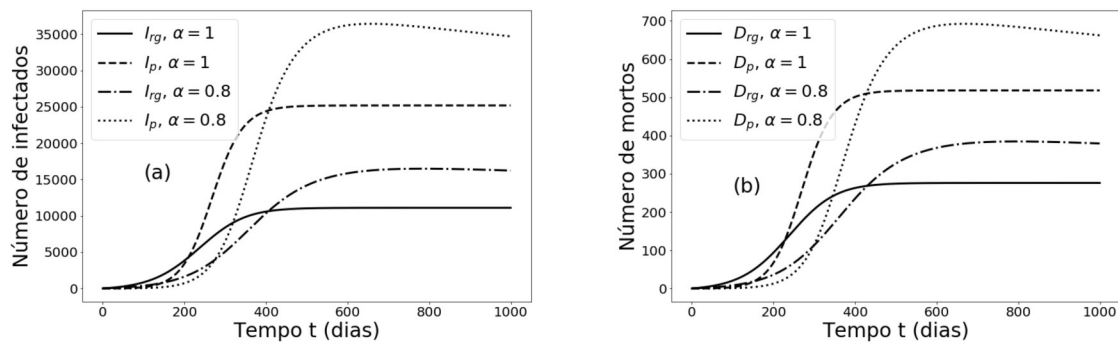


Figura 4.11: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 1$ (gráfico (a)) e $\alpha = 0,8$ (gráfico (b))

5 MODELO SIR COM REINFECÇÃO E VACINAÇÃO

Neste capítulo vamos generalizar o modelo SIR, apresentado anteriormente, considerando a possibilidade de reinfecção. Mais precisamente, vamos estudar o modelo SIRS (Suscetível-Infetado-Recuperado-Suscetível), que é uma generalização do modelo SIR. Também pretende-se introduzir neste estudo a campanha de vacinação.

5.1 O Modelo SIRS com Reinfecção

O modelo de epidemia do tipo SIRS foi introduzido em 1933 por Kermack e McKendrick para descrever infecções endêmicas. Utiliza-se este tipo de modelo para estudar a dinâmica da infecção da gripe.

Um modelo um pouco mais complicado para doenças infecciosas surge quando assumimos que indivíduos recuperados podem perder sua imunidade e tornar-se reinfetados pela doença. Assumimos que o retorno de indivíduos recuperados para a classe S ocorre a uma taxa proporcional à população de indivíduos recuperados (Hirsch; Smale; Devaney, 2004). Neste caso, a diferença entre os modelos SIRS e SIR é que, para o SIRS, um indivíduo pode perder sua imunidade após a cura da doença.

A Figura 5.1 apresenta o diagrama de fluxo de transmissão, partindo da classe S à classe I, depois para a classe R e, por fim, devido à imunidade temporária do indivíduo, de volta à classe S.

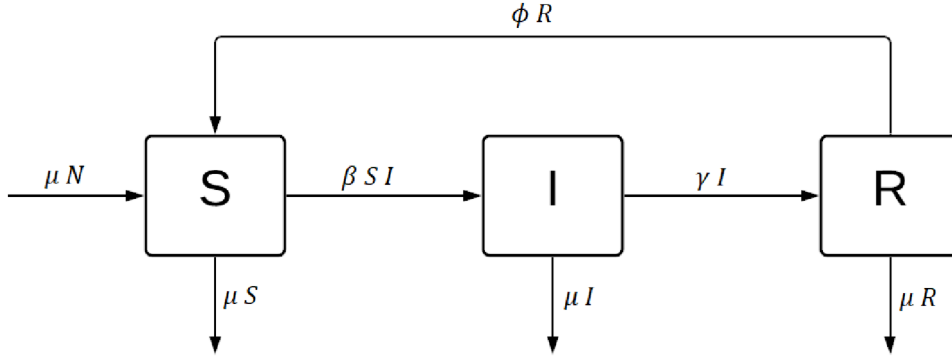


Figura 5.1: Representação de fluxo do modelo SIRS.

As mesmas considerações feitas no modelo SIR são válidas para o modelo SIRS, ou seja, a população total N é constante, o período de incubação é instantâneo e a interação entre as populações dos compartimentos é completamente homogênea. Apresentaremos o modelo compartimental SIRS fracionário para populações interagentes, tomando por base o modelo SIRS de ordem inteira. Desta forma, obtemos o seguinte sistema de equações:

$$\begin{aligned}
 {}^C_0D_t^\alpha S_i &= - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j + \mu_i(1 - S_i) + \phi_i R_i \\
 {}^C_0D_t^\alpha I_i &= \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j - (\gamma_i + \mu_i) I_i \\
 {}^C_0D_t^\alpha R_i &= \gamma_i I_i - \mu_i R_i - \phi_i R_i,
 \end{aligned} \tag{5.1}$$

onde $i = 1, 2$ é o índice da população, $0 < \alpha \leq 1$ é a ordem da derivada, β_{ij} é a taxa de transmissão da doença (proporcional à taxa média de contato na população), ϕ_i é taxa de reinfecção, γ_i é o inverso do período infeccioso médio. Além disso, assume-se que as taxas de mortalidade μ_i é igual as taxas de natalidade, de forma que o N_i total da população é constante durante as doenças. Portanto, considerando o sistema normalizado tem-se que $S_i(t) + I_i(t) + R_i(t) = 1$.

5.1.1 Pontos de Equilíbrio e Estabilidade Para o Caso Simétrico

Iniciaremos nossa análise por meio do cálculo dos pontos de equilíbrio do sistema, dado o modelo compartimental SIRS fracionário (5.1). Para encontrar os pontos de equilíbrio, basta analisar em que condições as variáveis S_i e I_i tornam-se constantes no tempo. Chamaremos de S_i^* e I_i^* esses valores constantes. Para encontrar (S_i^*, I_i^*) , fazemos ${}_0^C D_t^\alpha S_i = 0$ e ${}_0^C D_t^\alpha I_i = 0$ nas equações de (5.1). Vamos considerar ainda, por simplicidade, o caso simétrico. Neste caso teremos $N_1 = N_2 = N$, $\beta_{11} = \beta_{22} = \beta$, $\beta_{12} = \beta_{21} = \hat{\beta}$, $\gamma_1 = \gamma_2 = \gamma$, $\mu_1 = \mu_2 = \mu$, $\phi_1 = \phi_2 = \phi$, $S_1 = S_2 = S^*$ e $I_1 = I_2 = I^*$. Logo, do sistema de equações (5.1), teremos para o equilíbrio:

$$\begin{aligned} -\beta S^* I^* - \hat{\beta} S^* I^* + \mu(1 - S^*) + \phi R^* &= 0 \\ \beta S^* I^* + \hat{\beta} S^* I^* - (\gamma + \mu) I^* &= 0, \end{aligned} \tag{5.2}$$

onde por simplicidade não consideramos a terceira equação em (5.1) pois $R^* = 1 - S^* - I^*$.

Da segunda equação do sistema (5.2) temos $\beta S^* I^* + \hat{\beta} S^* I^* - (\gamma + \mu) I^* = 0$. Colocando I^* em evidência temos que:

$$I^*(\beta S^* + \hat{\beta} S^* - (\gamma + \mu)) = 0.$$

Portanto, ou $I^* = 0$ ou $S^* = \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}}$. Vamos analisar cada um desses casos.

Caso 1) Vamos encontrar primeiro o ponto de equilíbrio livre de doença, $I^* = 0$.

Desse modo, da primeira equação em (5.2), obtemos:

$$\mu(1 - S^*) = 0 \quad \Rightarrow \quad S^* = 1,$$

e da terceira equação em (4.2) encontramos

$$\mu_i R^* = 0 \quad \Rightarrow \quad R^* = 0.$$

Portanto, o ponto de equilíbrio simétrico livre de doença é $P_1(S^*, I^*, R^*, D^*) = (1, 0, 0, 0)$.

Caso 2) No caso em que $I^* \neq 0$ e $S^* = \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}}$, encontramos o ponto de equilíbrio epidêmico. Substituindo S^* e $R^* = 1 - S^* - I^*$ na primeira equação em (5.2), obtemos:

$$I^* = \frac{(\mu + \phi)(\beta + \hat{\beta} - \gamma - \mu)}{(\beta + \hat{\beta})(\gamma + \mu + \phi)}. \quad (5.3)$$

Logo, o ponto fixo do modelo simétrico é:

$$P_2(S^*, I^*, R^*) = \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}}, \frac{(\mu + \phi)(\beta + \hat{\beta} - \gamma - \mu)}{(\beta + \hat{\beta})(\gamma + \mu + \phi)}, 1 - \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}} - \frac{(\mu + \phi)(\beta + \hat{\beta} - \gamma - \mu)}{(\beta + \hat{\beta})(\gamma + \mu + \phi)} \right), \quad (5.4)$$

que corresponde a um ponto de equilíbrio epidêmico.

Para analisar a estabilidade dos pontos de equilíbrio no caso simétrico, utilizaremos a matriz Jacobiana associada ao sistema formado pelas duas primeiras equações de (5.1), pois a terceira equação pode ser eliminada do sistema já que $R_i = 1 - S_i - I_i$. Procedendo como na análise do modelo SIR, apresentada no Capítulo 2, obtemos a matriz Jacobiana do sistema (5.2) reduzido:

$$J(S, I) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f}{\partial S^*} & \frac{\partial f}{\partial I^*} \\ \frac{\partial g}{\partial S^*} & \frac{\partial g}{\partial I^*} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -(\beta + \hat{\beta})I^* - \mu - \phi & -(\beta + \hat{\beta})S^* - \phi \\ (\beta + \hat{\beta})I^* & (\beta + \hat{\beta})S^* - (\gamma + \mu) \end{pmatrix}. \quad (5.5)$$

Vamos analisar cada um dos pontos de equilíbrio encontrados.

Caso 1) Aplicando $P_1(S^*, I^*, R^*, D^*) = (1, 0, 0, 0)$ na matriz Jacobiana do modelo

SIRS obtemos:

$$J(P_1) = \begin{pmatrix} -\mu - \phi & -\beta - \hat{\beta} - \phi \\ 0 & \beta + \hat{\beta} - \gamma - \mu \end{pmatrix}.$$

Logo, $tr(J(P_0)) = \beta + \hat{\beta} - \gamma - \phi - 2\mu$ e $det(J(P_0)) = (\mu + \phi)(\gamma + \mu - \beta - \hat{\beta})$, cujos autovalores são:

$$\lambda_1 = \beta + \hat{\beta} - (\gamma + \mu), \quad \text{e} \quad \lambda_2 = -\mu - \phi.$$

Como λ_2 é sempre negativo, a estabilidade do ponto de equilíbrio livre de infecções é dada pelo sinal do primeiro autovalor. Para $\beta + \hat{\beta} < \gamma + \mu$, essa desigualdade significa que a soma dos contágios está sendo menor que a soma das taxas de recuperação e natalidade/mortalidade, por isso o caso de infectados não irá evoluir (neste caso $\lambda_1 < 0$) o equilíbrio será estável, quando $\beta + \hat{\beta} > \gamma + \mu$ a soma dos contágios ultrapassa a soma dessas taxas, teremos um aumento no número de infectados e o surgimento de uma epidemia (neste caso $\lambda_1 > 0$) o equilíbrio será instável. Quando o equilíbrio é estável, ao inserir um número pequeno de indivíduos infectados em uma população majoritariamente suscetível (pequena perturbação) não ocorrerá epidemia. O sistema tenderá exponencialmente ao equilíbrio livre de doença. Por outro lado, se o equilíbrio for instável, ao inserir um número pequeno de indivíduos infectados a doença se espalhará (a perturbação, número inicial pequeno de infectados, cresce com o tempo) e teremos o surgimento de uma epidemia.

Este resultado pode ser relacionado com a taxa básica de reprodução, R_0 . Sabendo que $P_1(S^*, I^*, R^*, D^*) = (1, 0, 0, 0)$ é um ponto livre de doença, para uma condição inicial próxima do equilíbrio ($S(0) \approx 1$), a segunda equação em (5.1) se reduz à:

$${}_0^C D_t^\alpha I = (\beta + \hat{\beta} - \gamma - \mu) I = (R_0 - 1) \frac{I}{\gamma + \mu},$$

para tempos próximos a zero, onde $R_0 = \frac{\beta + \hat{\beta}}{\gamma + \mu}$. Portanto, P_1 será estável se $R_0 < 1$ e será instável se $R_0 > 1$.

Caso 2) Aplicando P_2 (5.4) na matriz Jacobiana do modelo SIRS fracionário obtemos:

$$J(P_2) = \begin{pmatrix} -\frac{(\mu + \phi)(\beta + \hat{\beta} + \phi)}{\gamma + \mu + \phi} & -(\gamma + \mu + \phi) \\ \frac{(\mu + \phi)(\beta + \hat{\beta} - \gamma - \mu)}{\gamma + \mu + \phi} & 0 \end{pmatrix}. \quad (5.6)$$

Os autovalores da matriz (5.6) são expressões extensas que dependem de diversos parâmetros. Portanto, para fazer a análise do sinal dos autovalores, ao invés de olhar para a expressão de λ_1 e λ_2 , podemos analisar o traço e o determinante da matriz Jacobiana. Isto pois, como no caso do Capítulo 2, os autovalores podem ser convenientemente expressos a partir do traço e do determinante da matriz Jacobiana associada ao sistema (Almeida, 2014). Se $\det(J(P_2)) < 0$, então temos que $P_2(S^*, I^*, R^*)$ é um ponto de equilíbrio instável (Almeida, 2014). Se $\det(J(P_2)) \geq 0$ e $\text{tr}(J(P_2)) > 0$, então $P_2(S^*, I^*, R^*)$ também é um ponto de equilíbrio instável (Almeida, 2014). Por outro lado, se $\det(J(P_2)) \geq 0$ e o $\text{tr}(J(P_2)) < 0$, então temos que $P_2(S^*, I^*, R^*)$ é um ponto de equilíbrio estável (Almeida, 2014). O traço e o determinante da matriz (5.6) são $\text{tr}(J(P_2)) = -\frac{(\mu + \phi)(\beta + \hat{\beta} + \phi)}{\gamma + \mu + \phi}$ e $\det(J(P_2)) = (\mu + \phi)(\beta + \hat{\beta} - \mu - \gamma)$, respectivamente. Como o traço é sempre negativo, o ponto de equilíbrio endêmico P_2 (5.4) será estável, pois a condição $0 \leq S^* \leq 1$ (onde $S^* = \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}}$) implica que o determinante é positivo.

5.1.2 Resultados Numéricos

Nesta subseção realizamos análises e comparações à cerca do modelo (5.1) para derivadas de ordem inteira ($\alpha = 1$) e fracionária ($0 < \alpha < 1$). Primeiro, considera-se algumas propriedades do modelo fracionário para o caso particular sem a interação entre cidades. Na sequência é analisado o modelo fracionário com a interação entre duas populações.

Uma Única População Isolada: Modelo Sem a Interação Entre Cidades

Um dos principais efeitos na dinâmica introduzidos pelas derivadas fracionárias pode ser visto na Figura 5.2. Pode-se observar nesta figura que para a derivada de ordem inteira tem-se um pico de infectados (partição I) bem estreito para a epidemia, este pico se repete ao longo do tempo por conta da taxa de reinfecção, o qual estabiliza após um período $t \approx 350$. Para o caso das derivadas de ordem fracionária, conforme a ordem de α diminui, observa-se um alongamento no período da epidemia. Nos resultados apresentados na Figura 5.2 foram utilizados valores para N_1 , β_{11} , κ_1 e μ_1 iguais aos da seção 4.3.1, já para os valores de γ_1 e ϕ_1 , usamos 0.33 e 0.01 respectivamente.

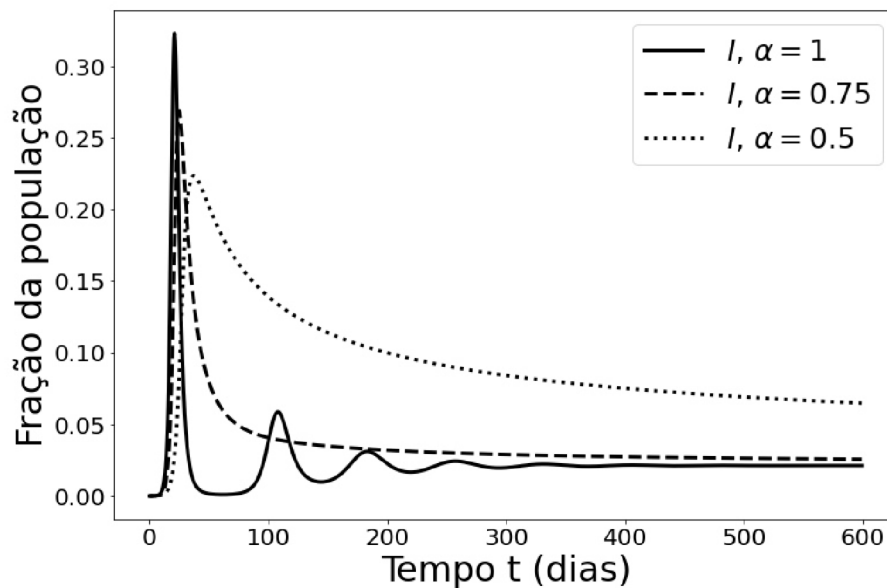


Figura 5.2: Solução numérica do modelo SIRS sem interação para derivadas de ordem $\alpha = 1$, $\alpha = 0.75$ e $\alpha = 0.5$.

Na Figura 5.3 são apresentados os gráficos da reinfecção para derivadas de ordem inteira e ordem fracionária. A Figura 5.3 (a) apresenta diferentes valores para a taxa de reinfecção ϕ quando $\alpha = 1$, pode-se observar que quanto maior a taxa de reinfecção maior será o valor do equilíbrio (que também ocorre em tempos mais curtos). Já na Figura 5.3 (b), como efeito da derivada fracionária, observa-se um alongamento do tempo da epidemia que é maior

para taxas de reinfecção maiores.

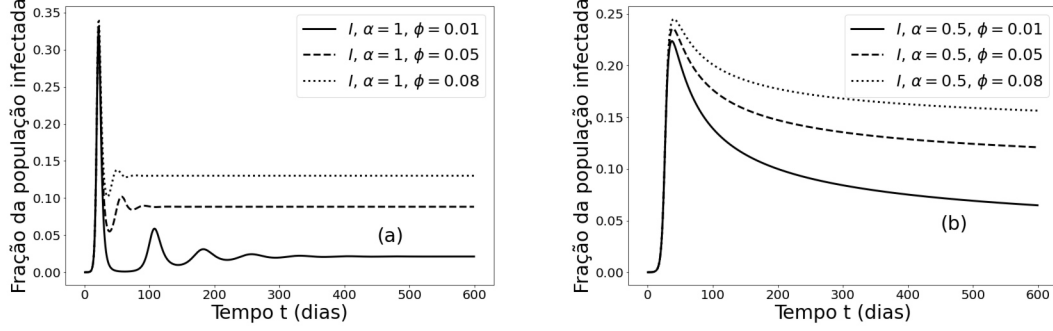


Figura 5.3: Gráfico da fração da população infectada (a) para derivada de ordem inteira $\alpha = 1$ e (b) com derivada de ordem fracionária $\alpha = 0.5$.

Na Figura 5.4 podemos observar novamente um efeito importante introduzido pelas derivadas fracionárias. Para uma única população, os pontos de equilíbrio coincidem com os pontos do caso simétrico de populações interagentes para $\beta_{12} = \beta_{21} = \hat{\beta} = 0$. Neste caso, temos o ponto de equilíbrio (S_{eq}, I_{eq}, R_{eq}) (onde $S_{eq} = \frac{\gamma_1 + \mu_1}{\beta_1}$, $I_{eq} = \frac{(\mu_1 + \phi_1)(\beta_1 - \gamma_1 - \mu_1)}{\beta_1(\gamma_1 + \mu_1 + \phi_1)}$, $R_{eq} = 1 - \frac{\gamma_1 + \mu_1}{\beta_1} - \frac{(\mu_1 + \phi_1)(\beta_1 - \gamma_1 - \mu_1)}{\beta_1(\gamma_1 + \mu_1 + \phi_1)}$) que não é afetado pela ordem da derivada, no entanto, o comportamento oscilatório do modelo com derivada inteira ($\alpha = 1$) desaparece no modelo com derivada fracionária ($\alpha = 0.75$). Para $t \rightarrow \infty$ o modelo atinge o equilíbrio, e a doença torna-se endêmica para $\mu_1 + \phi_1 \neq 0$. Para os resultados apresentados na Figura 5.4 utilizamos $N_1 = 211005$, $\beta_{11} = 1$, $\gamma_1 = 0.5$, $\kappa = 0$, $\phi_1 = 0.01$ (para a taxa de reinfecção, utilizamos um tempo de 100 dias para um indivíduo ser reinfectado, há estudos que indicam um período para reinfecção de 90 dias, como em (Hansen, 2021) e $\mu_1 = 0.02$ (neste caso, utilizamos um valor grande para μ para facilitar a visualização gráfica do equilíbrio para infectados). Além disso, consideramos que em $t = 0$ haviam 2 indivíduos infectados.

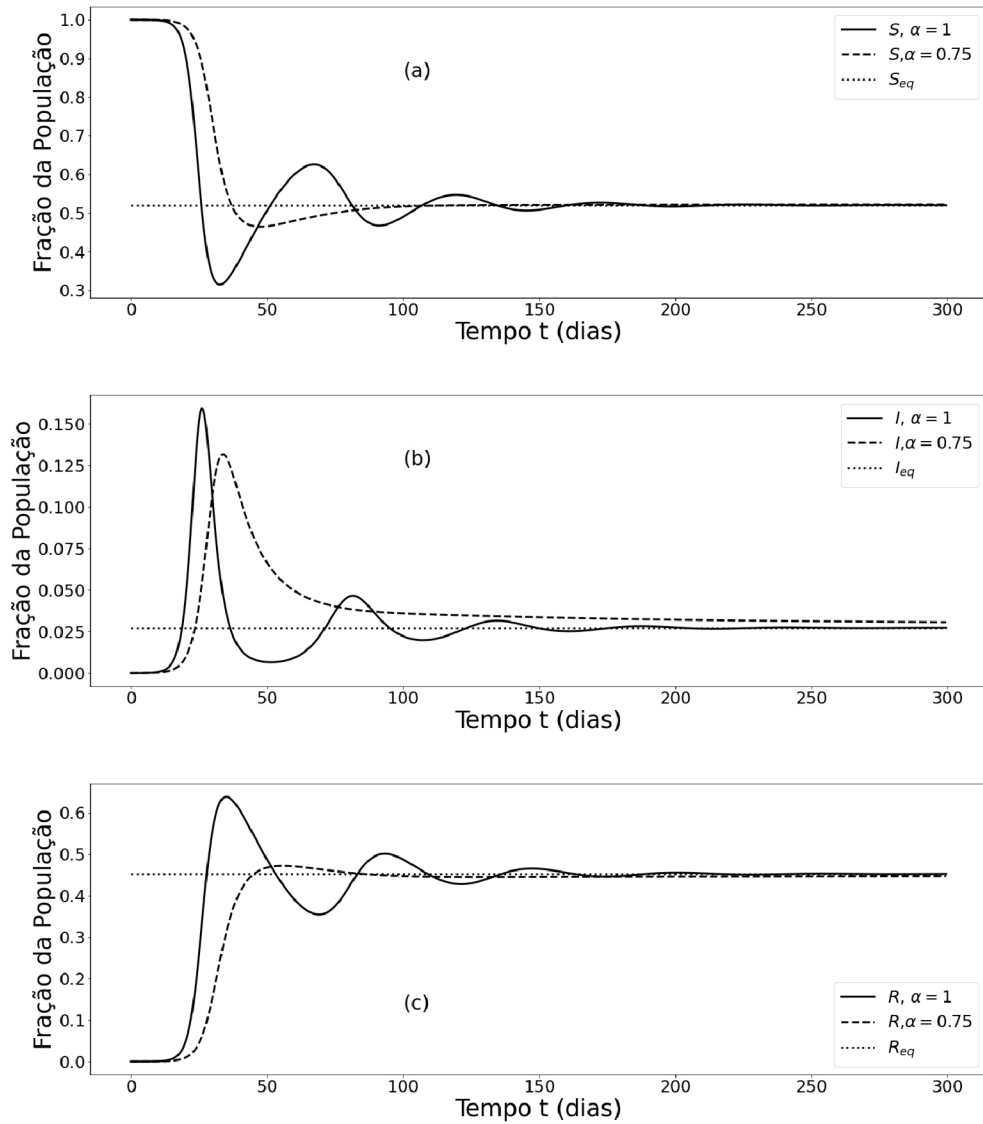


Figura 5.4: Solução numérica do modelo sem interações para derivadas de ordem $\alpha = 1$ e $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

Populações Interagentes

Vamos considerar agora o caso de duas populações distintas interagentes para o modelo compartimental SIRS (5.1). É importante ressaltar que é fácil estender para um número arbitrário de populações, mas para o estudo em questão vamos concentrar a análise apenas para duas populações.

Com base na difusão geográfica da doença, decidiu-se analisar a interação entre cidades vizinhas. Por simplicidade vamos considerar o caso em que as duas cidades têm a mesma população total, ou seja, $N_1 = N_2$. Consideramos que inicialmente haviam 2 infectados na cidade 1 e 0 infectados na cidade 2. Note que na Figura 5.5, para o gráfico (a), tem-se uma diferença no tempo em que acontece a epidemia em cada cidade uma vez que inicialmente só tínhamos infectado na primeira cidade. A contaminação da população da segunda cidade ocorre inicialmente por conta da interação com a primeira cidade. Esta diferença no tempo leva a um pico de infectados bem estreito para a epidemia, seguido de oscilações. Podemos observar este pico estreito no gráfico (b), onde apresentamos a soma total de infectados ($I_1 + I_2$) dessas populações interagentes. Os parâmetros utilizados nesta simulação foram $\alpha = 1$, $\gamma_1 = \gamma_2 = 0.5$, $\mu_1 = \mu_2 = 0.001$, $\phi_1 = \phi_2 = 0.01$, $\beta_{11} = \beta_{22} = 1$ e $\beta_{12} = \beta_{21} = 0.0005$ (supomos que 1 em cada 2000 habitantes transita entre as cidades diariamente).

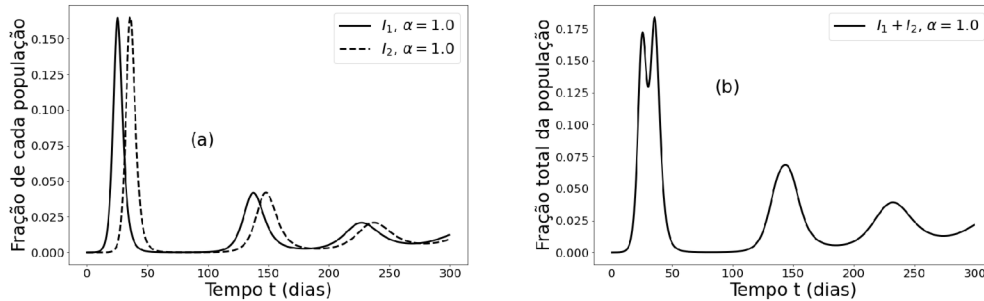


Figura 5.5: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada de ordem inteira $\alpha = 1$; Gráfico da população total infectada por dia (b).

O mesmo fenômeno de um pico bem estreito também está presente no modelo com derivadas fracionárias, mas pode-se observar que não há oscilações na Figura 5.6 para $\alpha = 0.75$.

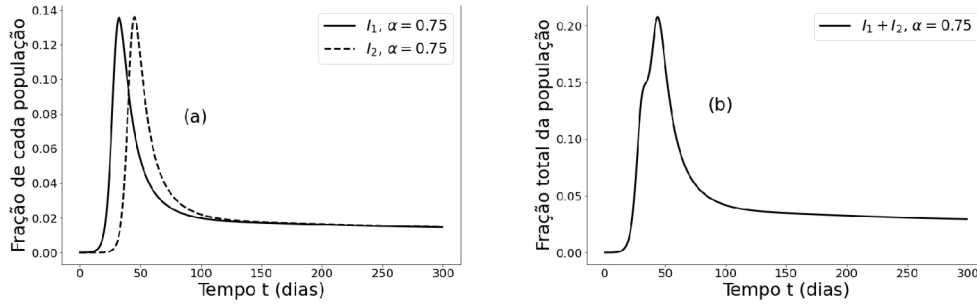


Figura 5.6: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada fracionária $\alpha = 0.75$; Gráfico da população total infectada por dia (b).

Nas Figuras 5.7 e 5.8 apresentamos o comportamento assintótico dos modelos com derivada inteira ($\alpha = 1$) e com derivada fracionária ($\alpha = 0.75$). Por simplicidade, consideramos o caso simétrico $\beta_{11} = \beta_{22} = 1$, $\beta_{12} = \beta_{21} = 0.0005$, $\gamma_{12} = \gamma_{21} = 0.5$, $\mu_1 = \mu_2 = 0.02$ e $\phi_1 = \phi_2 = 0.01$. Neste caso simétrico, no equilíbrio temos: $\lim_{t \rightarrow \infty} S_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} S_2 = S_{eq} = 0.519740$, $\lim_{t \rightarrow \infty} I_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} I_2 = I_{eq} = 0.027184$ e $\lim_{t \rightarrow \infty} R_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} R_2 = R_{eq} = 0.472565$. Observamos novamente que um dos efeitos da derivada fracionária na dinâmica é o desaparecimento do comportamento oscilatório das variáveis do modelo antes de atingir o equilíbrio assintótico.

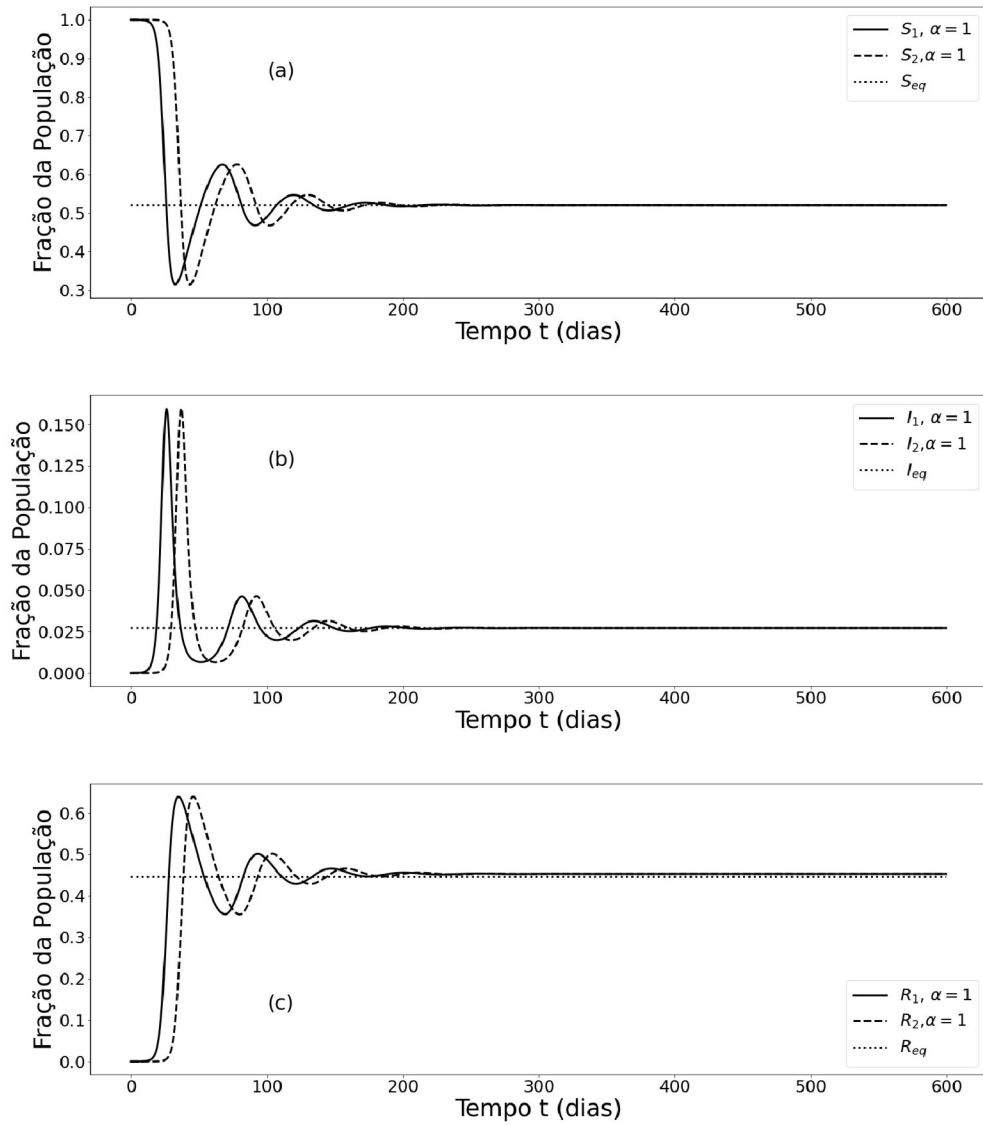


Figura 5.7: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 1$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

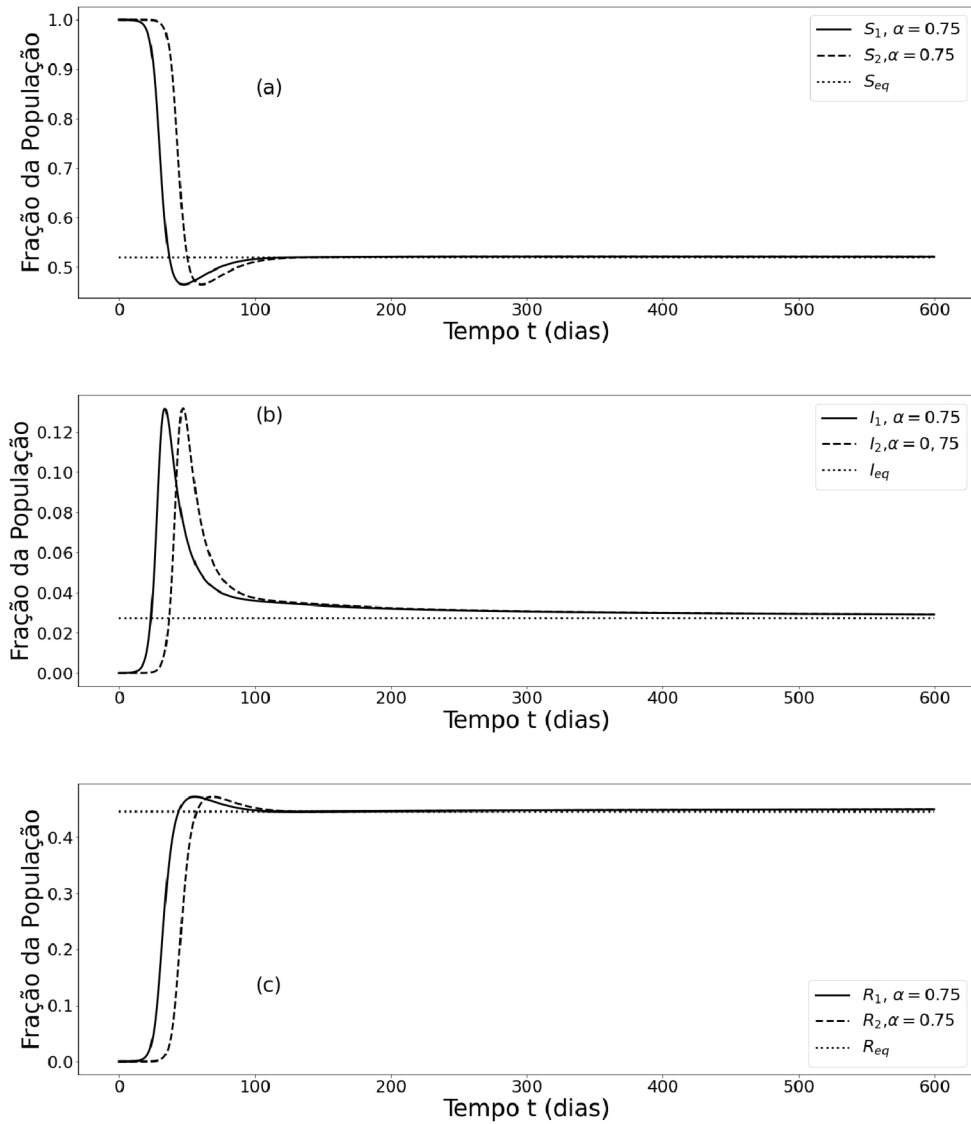


Figura 5.8: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

5.2 Modelo SIRS com Vacinação

Nesta seção apresentaremos o modelo SIRS com campanha de vacinação, faremos a análise para um dos tipos mais comuns em campanha de vacinação, a vacinação à taxa constante que tem como objetivo no nosso trabalho vacinar toda população incluindo os recém-nascidos.

Fundamentais para o combate a doenças na história da medicina, as vacinas estão

também no epicentro de debates sobre tratamentos medicinais efetivos e leis compulsórias de imunização. Ao longo da história, elas ajudaram a reduzir expressivamente a incidência de Pólio, Sarampo e Tétano, entre várias outras doenças. Hoje, são consideradas como o tratamento com melhor custo-benefício em saúde pública (Fiocruz, 2016).

A vacinação é a melhor forma de erradicar doenças e conter a propagação de micro-organismos nocivos à saúde. Quem se vacina diminui as chances de contrair a enfermidade e ainda protege seus amigos e familiares, pois diversas doenças infecciosas são transmitidas por contato ou pelo ar. A vacinação é o motivo pelo qual diversas doenças graves e sem cura estão hoje sob controle ou foram extintas. O caso mais emblemático é o da Varíola, primeira doença a receber uma vacina como a entendemos hoje. Após matar quase 300 milhões de pessoas no século XX, ela foi extinta em 1984. Calcula-se que, com a vacina, são salvas 5 milhões de vidas a cada ano (Butantan, 2021).

5.2.1 Um Modelo SIRS Para Populações Interagentes com Vacinação à Taxa Constante

Nesta subseção, trataremos de uma estratégia de controle epidêmico denominada vacinação à uma taxa constante, em que o número de indivíduos vacinados a cada dia é constante. Além disso, consideramos que somente os indivíduos suscetíveis são vacinados. Seja $0 \leq v \leq 1$ a fração diária da população com que os indivíduos (suscetíveis) são vacinados. Podemos representar o modelo com vacinação à taxa constante através do esquema compartimental descrito abaixo, pela Figura (5.9):

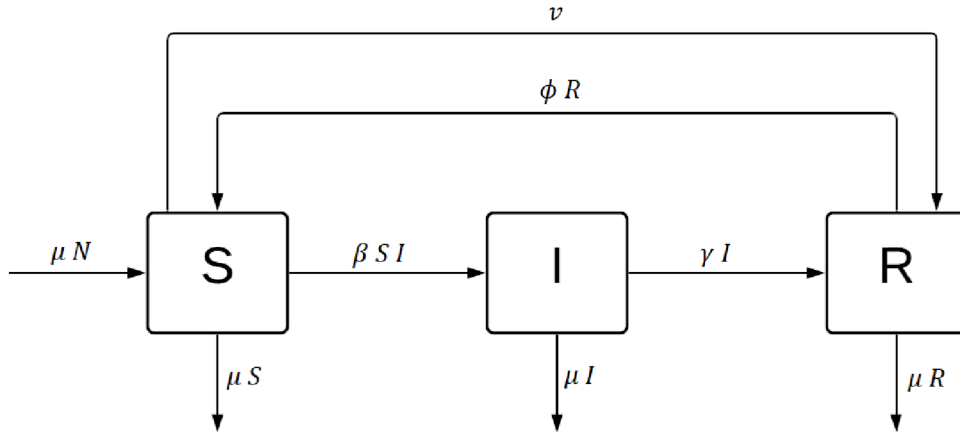


Figura 5.9: Representação de Fluxo do modelo SIRS com campanha de vacinação à taxa constante, onde μ , β , γ , ϕ e v , representam as taxas de natalidade/mortalidade, transmissão, recuperação, reinfeção e vacinação, respectivamente.

Portanto, o modelo compartimental SIRS fracionário com vacinação para populações interagentes que propomos é dado por:

$$\begin{cases} {}^C_0 D_t^\alpha S_i = - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j + \mu_i (1 - S_i) - v_i + \phi_i R_i \\ {}^C_0 D_t^\alpha I_i = \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j - (\gamma_i + \mu_i) I_i \\ {}^C_0 D_t^\alpha R_i = \gamma_i I_i - \mu_i R_i + v_i - \phi_i R_i \end{cases}, \quad (5.7)$$

onde μ_i , β_i , γ_i , ϕ_i e v_i ($i=1,2$) são as constantes do nosso sistema, e novamente considerando $0 \leq S(t), I(t), R(t) \leq 1$, com $S(t), I(t), R(t)$ as proporções de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados, respectivamente.

5.2.2 Pontos de Equilíbrio e Estabilidade Para o Caso Simétrico

Como nos casos anteriores, para encontrar os pontos de equilíbrio do modelo SIRS com vacinação fazemos ${}^C_0 D_t^\alpha S_i^* = 0$ e ${}^C_0 D_t^\alpha I_i^* = 0$ na duas primeiras equações em (5.7). Vamos considerar ainda, por simplicidade, o caso simétrico. Neste caso teremos $N_1 = N_2 = N$,

$\beta_{11} = \beta_{22} = \beta$, $\beta_{12} = \beta_{21} = \hat{\beta}$, $\gamma_1 = \gamma_2 = \gamma$, $\mu_1 = \mu_2 = \mu$, $\phi_1 = \phi_2 = \phi$, $v_1 = v_2 = v$, $S_1 = S_2 = S^*$ e $I_1 = I_2 = I^*$. Logo, do sistema de equações (5.7), teremos para o equilíbrio:

$$\begin{aligned} -\beta S^* I^* - \hat{\beta} S^* I^* + \mu(1 - S^*) - v + \phi R^* &= 0, \\ \beta S^* I^* + \hat{\beta} S^* I^* - (\gamma + \mu) I^* &= 0, \end{aligned} \tag{5.8}$$

onde por simplicidade não consideramos a terceira equação em (5.7) pois $R^* = 1 - S^* - I^*$.

Da segunda equação do sistema (5.8), temos $\beta S^* I^* + \hat{\beta} S^* I^* - (\gamma + \mu) I^* = 0$. Colocando I^* em evidência temos que:

$$I^* ((\beta + \hat{\beta}) S^* - \gamma - \mu) = 0.$$

Portanto, ou $I^* = 0$ ou $S^* = \frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}}$. Vamos analisar cada um desses casos.

Caso 1) Vamos encontrar primeiro o ponto de equilíbrio livre de doença, $I^* = 0$.

Desse modo, da primeira equação em (5.8), obtemos:

$$\mu(1 - S^*) + \phi(1 - S^*) - v = 0 \quad \Rightarrow \quad S^* = 1 - \frac{v}{\mu + \phi},$$

e da terceira equação em (5.7) encontramos

$$-\mu R^* + v - \phi R^* = 0 \quad \Rightarrow \quad R^* = \frac{v}{\mu + \phi},$$

onde usamos $R_1 = R_2 = R$ para o caso simétrico. Portanto, o ponto de equilíbrio simétrico livre de doença é $P_1(S^*, I^*, R^*) = (1 - \frac{v}{\mu + \phi}, 0, \frac{v}{\mu + \phi})$.

Caso 2) Para $S = \frac{\gamma+\mu}{\beta+\hat{\beta}}$, substituindo S^* na primeira equação obtém-se I^* , logo:

$$-(\beta + \hat{\beta}) \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}} \right) I^* + \mu \left(1 - \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}} \right) \right) + \phi \left(1 - \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta + \hat{\beta}} \right) - I^* \right) - v = 0,$$

onde usamos $R = 1 - S - I$. Portanto:

$$I^* = \frac{\mu + \phi - v}{\gamma + \mu + \phi} - \frac{\mu}{\beta + \hat{\beta}} - \frac{\phi\gamma}{(\beta + \hat{\beta})(\gamma + \mu + \phi)}. \quad (5.9)$$

Assim $P_2 = \left(\frac{\gamma+\mu}{\beta+\hat{\beta}}, \frac{\mu+\phi-v}{\gamma+\mu+\phi} - \frac{\mu}{\beta+\hat{\beta}} - \frac{\phi\gamma}{(\beta+\hat{\beta})(\gamma+\mu+\phi)}, 1 - \frac{\gamma}{\beta+\hat{\beta}} - \frac{\mu+\phi-v}{\gamma+\mu+\phi} + \frac{\phi\gamma}{(\beta+\hat{\beta})(\gamma+\mu+\phi)} \right)$ é o segundo ponto de equilíbrio, chamado equilíbrio epidêmico.

Através do ponto de equilíbrio P_2 podemos observar um dos principais efeitos da vacinação na dinâmica do sistema (5.7). Dependendo do valor de v , o ponto de equilíbrio epidêmico P_2 se transforma em um ponto livre de doença. Quando isto ocorre, a campanha de vacinação leva a eliminação completa da doença. Para $v \geq v_c = \frac{(\mu+\phi)(\beta+\hat{\beta}-\mu-\gamma)}{\beta+\hat{\beta}}$ teremos $I^* = 0$ e a doença é eliminada (equilíbrio livre de doença), v_c é a proporção mínima de vacinação. Para $v < v_c = \frac{(\mu+\phi)(\beta+\hat{\beta}-\mu-\gamma)}{\beta+\hat{\beta}}$, teremos $I^* > 0$, e a doença não será eliminada (equilíbrio epidêmico).

Para analisar a estabilidade dos pontos de equilíbrio no caso simétrico, utilizaremos a matriz Jacobiana associada ao sistema formado pelas duas primeiras equações de (5.7), pois a terceira equação pode ser eliminada do sistema já que $R_i = 1 - S_i - I_i$. Procedendo como na análise do modelo SIR, apresentada no Capítulo 2, obtemos a matriz Jacobiana do sistema (5.7) reduzido:

$$J(S, I) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f}{\partial S^*} & \frac{\partial f}{\partial I^*} \\ \frac{\partial g}{\partial S^*} & \frac{\partial g}{\partial I^*} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -(\beta + \hat{\beta})I^* - \mu - \phi & -(\beta + \hat{\beta})S^* - \phi \\ (\beta + \hat{\beta})I^* & (\beta + \hat{\beta})S^* - (\gamma + \mu) \end{pmatrix}. \quad (5.10)$$

Que é idêntica a matriz Jacobiana do caso sem vacinação (5.7).

Vamos analisar cada um dos pontos de equilíbrio encontrados.

Caso 1) Agora, faremos a análise da estabilidade do ponto $P_1 = (1 - \frac{v}{\mu+\phi}, 0, \frac{v}{\mu+\phi})$. A matriz Jacobiana neste caso é:

$$J(P_1) = \begin{pmatrix} -\mu - \phi & -\beta - \hat{\beta} + \frac{\beta+\hat{\beta}}{\mu+\phi}v - \phi \\ 0 & \beta + \hat{\beta} - \frac{\beta+\hat{\beta}}{\mu+\phi}v - \gamma - \mu \end{pmatrix}.$$

Logo, os autovalores são: $\lambda_1 = -\mu - \phi$ e $\lambda_2 = \beta + \hat{\beta} - \frac{\beta+\hat{\beta}}{\mu+\phi}v - (\gamma + \mu)$. Como o primeiro autovalor é sempre negativo, teremos um ponto de equilíbrio estável para $\beta + \hat{\beta} < \frac{(\gamma+\mu)(\mu+\phi)}{\mu+\phi-v}$, e instável para $\beta + \hat{\beta} > \frac{(\gamma+\mu)(\mu+\phi)}{\mu+\phi-v}$.

Caso 2) Agora, faremos a análise da estabilidade do ponto P_2 . A matriz Jacobiana neste caso é:

$$J(P_2) = \begin{pmatrix} \frac{(\beta+\hat{\beta})(v-\mu-\phi)-\phi(\mu+\phi)}{\mu+\gamma+\phi} & -(\mu + \gamma + \phi) \\ -\frac{(\beta+\hat{\beta})(v-\mu-\phi)+(\mu+\gamma)(\mu+\phi)}{\mu+\gamma+\phi} & 0 \end{pmatrix}. \quad (5.11)$$

Os autovalores da matriz (5.11) são expressões extensas que dependem de diversos parâmetros. Portanto, para fazer a análise do sinal dos autovalores, ao invés de olhar para a expressão de λ_1 e λ_2 , podemos analisar o traço e o determinante da matriz Jacobiana. Isto pois, como no caso do Capítulo 2, os autovalores podem ser convenientemente expressos a partir do traço e do determinante da matriz Jacobiana associada ao sistema (Almeida, 2014). Se $\det(J(P_2)) < 0$, então temos que $P_2(S^*, I^*, R^*)$ é um ponto de equilíbrio instável. Se $\det(J(P_2)) \geq 0$ e $\text{tr}(J(P_2)) > 0$, então $P_2(S^*, I^*, R^*)$ também é um ponto de equilíbrio instável. Por outro lado, se $\det(J(P_2)) \geq 0$ e o $\text{tr}(J(P_2)) < 0$, então temos que $P_2(S^*, I^*, R^*)$ é um ponto de equilíbrio estável (Almeida, 2014). O traço e o determinante da matriz (5.11) são $\text{tr}(J(P_2)) = \frac{(\beta+\hat{\beta})v-(\phi+\beta+\hat{\beta})(\mu+\phi)}{\mu+\gamma+\phi}$ e $\det(J(P_2)) = (\beta + \hat{\beta} - \mu - \gamma)(\mu + \phi) - v(\beta + \hat{\beta})$, respectivamente. Podemos observar que o determinante será negativo para $v > v_c$ (pois $0 \leq S^* = \frac{\gamma+\mu}{\beta+\hat{\beta}} \leq 1$). Neste caso

teremos um ponto de equilíbrio livre de doença instável. Para $v < v_c$, o determinante será positivo, e teremos um ponto de equilíbrio epidêmico P_2 estável quando $v < \frac{(\phi+\beta+\hat{\beta})(\mu+\phi)}{\beta+\hat{\beta}}$ e instável para $v > \frac{(\phi+\beta+\hat{\beta})(\mu+\phi)}{\beta+\hat{\beta}}$.

5.2.3 Resultados Numéricos

Um dos principais efeitos na dinâmica introduzidos pelas derivadas fracionárias pode ser visto na Figura 5.10. Pode-se visualizar nesta figura que para a derivada de ordem inteira tem-se um pico de infectados (partição I) bem estreito para a epidemia, este pico se repete ao longo do tempo por conta da taxa de reinfecção, o qual estabiliza após um período de $t \approx 225$ dias. Para o caso das derivadas de ordem fracionária, conforme a ordem de α diminui, observa-se um alongamento no período da epidemia. Os resultados apresentados na Figura 5.10 foram utilizados valores para $N_1 = 211005$, $\beta_{11} = 1$, $\gamma_1 = 0.5$, $\mu_1 = 0.02$, $\phi_1 = 0.01$ e $v = 0.01$.

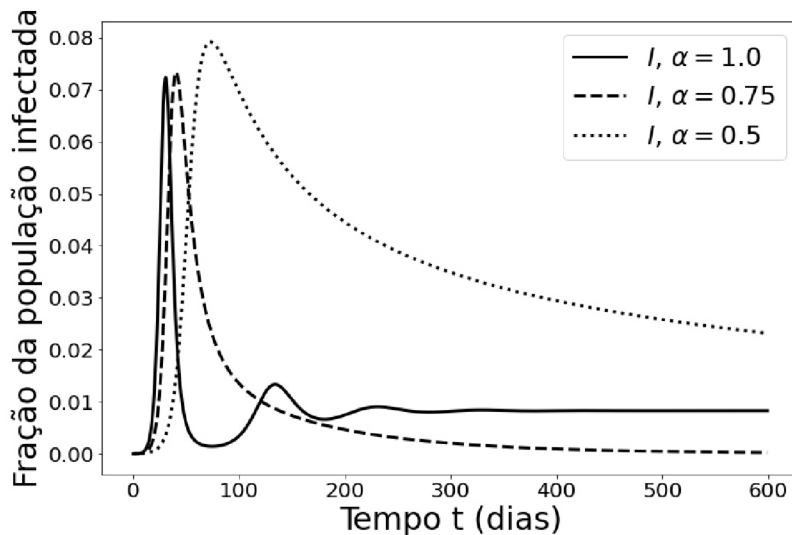


Figura 5.10: Solução numérica do modelo SIRS sem interação com taxa de vacinação $v = 0.01$ para derivadas de ordem $\alpha = 1$, $\alpha = 0.75$ e $\alpha = 0.5$.

O efeito mais importante da vacinação pode ser visto na Figura 5.11, onde são apresentados os gráficos para derivadas de ordem inteira e ordem fracionária. A Figura 5.11 (a)

apresenta diferentes valores para a taxa de vacinação v quando $\alpha = 1$, pode-se observar que quanto maior a taxa de vacinação menor será a intensidade da epidemia (pico na fração de infectados) e menor será a fração de infectados no equilíbrio endêmico. Em particular, se a taxa de vacinação for maior ou igual ao valor crítico v_c (que para nossas escolhas de parâmetros é $v_c = 0.0144$), então a doença desaparece e o equilíbrio deixa de ser epidêmico, como pode ser visto nos gráficos para $v = 0.015$. Já na Figura 5.11 (b), como efeito da derivada fracionária, observa-se um alongamento do tempo da epidemia, mas o efeito da vacinação apresenta o mesmo comportamento.

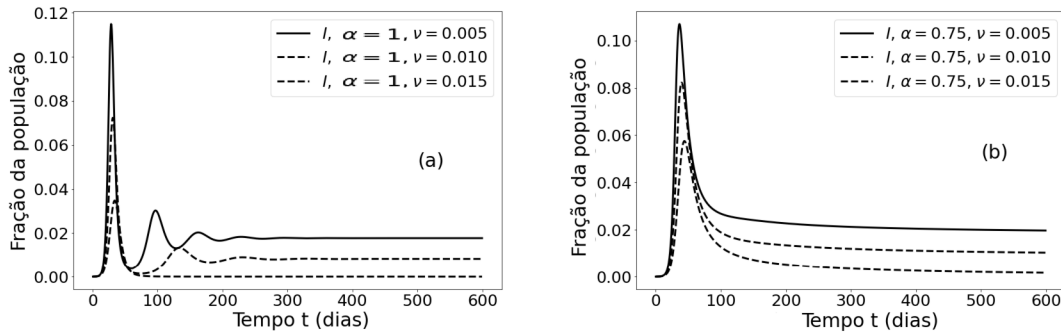


Figura 5.11: Gráfico da fração da população infectada (a) para derivada de ordem inteira $\alpha = 1$ e (b) com derivada de ordem fracionária $\alpha = 0.75$.

Na Figura 5.12 observamos o comportamento assintótico do sistema. Para uma única população, os pontos de equilíbrio coincidem com os pontos do caso simétrico de populações interagentes para $\beta_{12} = \beta_{21} = \hat{\beta} = 0$. Neste caso, temos o ponto de equilíbrio (S_{eq}, I_{eq}, R_{eq}) (onde $S_{eq} = \frac{\gamma_1 + \mu_1}{\beta_1}$, $I_{eq} = \frac{\mu_1 + \phi_1 - v_1}{\gamma_1 + \mu_1 + \phi_1} - \frac{\mu_1}{\beta_1} - \frac{\phi_1 \gamma_1}{\beta_1(\gamma_1 + \mu_1 + \phi_1)}$, $R_{eq} = 1 - \frac{\gamma_1}{\beta_1} - \frac{\mu_1 + \phi_1 - v_1}{\gamma_1 + \mu_1 + \phi_1} + \frac{\phi_1 \gamma_1}{\beta(\gamma_1 + \mu_1 + \phi_1)}$) que não é afetado pela ordem da derivada, no entanto, o comportamento oscilatório do modelo com derivada inteira ($\alpha = 1$) desaparece no modelo com derivada fracionária ($\alpha = 0.75$). Para $t \rightarrow \infty$ o modelo atinge o equilíbrio, e a doença torna-se endêmica para $v < v_c$. Para os resultados apresentados na Figura 5.12 utilizamos $N_1 = 211005$, $\beta_{11} = 1$, $\gamma_1 = 0.5$, $\mu_1 = 0.02$, $\phi_1 = 0.01$ e $v = 0.01$. Além disso, consideramos que em $t = 0$ haviam 2 indivíduos infectados.

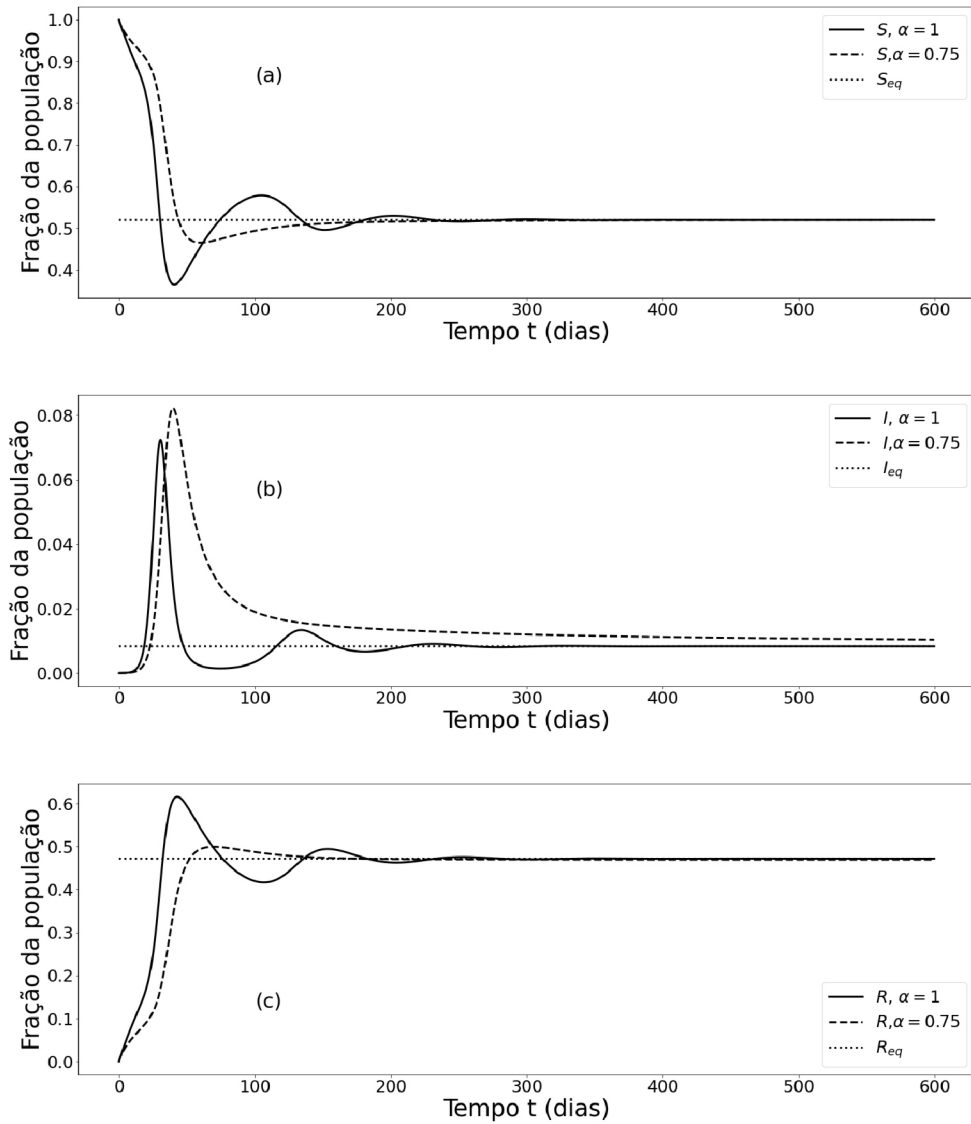


Figura 5.12: Solução numérica do modelo sem interações para derivadas de ordem $\alpha = 1$ e $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

Vacinação à Taxa Constante para Populações Interagentes

Neste subseção, vamos considerar novamente, por simplicidade, o caso em que as duas cidades têm a mesma população total, ou seja, $N_1 = N_2$. Consideramos que inicialmente haviam 2 infectados na cidade 1 e 0 infectados na cidade 2. Note que na Figura 5.13, para o gráfico (a), tem-se uma diferença no tempo em que acontece a epidemia em cada cidade uma vez que inicialmente só tínhamos infectado na primeira cidade. A contaminação da população

da segunda cidade ocorre inicialmente por conta da interação com a primeira cidade. Esta diferença no tempo leva a um fenômeno no qual a população de infectados cresce rapidamente até certo ponto e depois tem alguns picos de oscilação. Podemos observar este pico no gráfico (b), onde apresentamos a soma total de infectados ($I_1 + I_2$) dessas populações interagentes. Os parâmetros utilizados nesta simulação foram $\alpha = 1$, $\gamma_1 = \gamma_2 = 0.5$, $\mu_1 = \mu_2 = 0.02$, $\phi_1 = \phi_2 = 0.01$, $v_1 = v_2 = 0.01$, $\beta_{11} = \beta_{22} = 1$ e $\beta_{12} = \beta_{21} = 0.005$.

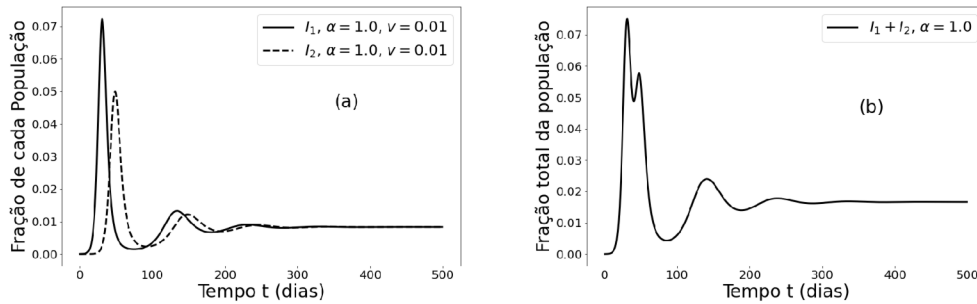


Figura 5.13: Solução numérica do modelo SIRS com interação com taxa de vacinação $v = 0.01$ para derivadas de ordem $\alpha = 1$ (a). Gráfico da população total infectada por dia (b).

Como pode ser visto na Figura 5.14 para derivadas fracionárias de ordem $\alpha = 0.75$, temos um pico seguido de um alargamento para a curva de infectados.

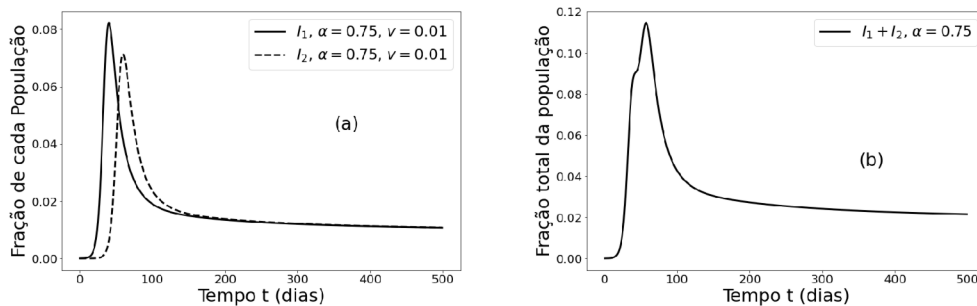


Figura 5.14: Gráfico da fração da população infectada entre duas cidades interagentes (a) para derivada fracionária $\alpha = 0.75$; Gráfico da população total infectada por dia (b).

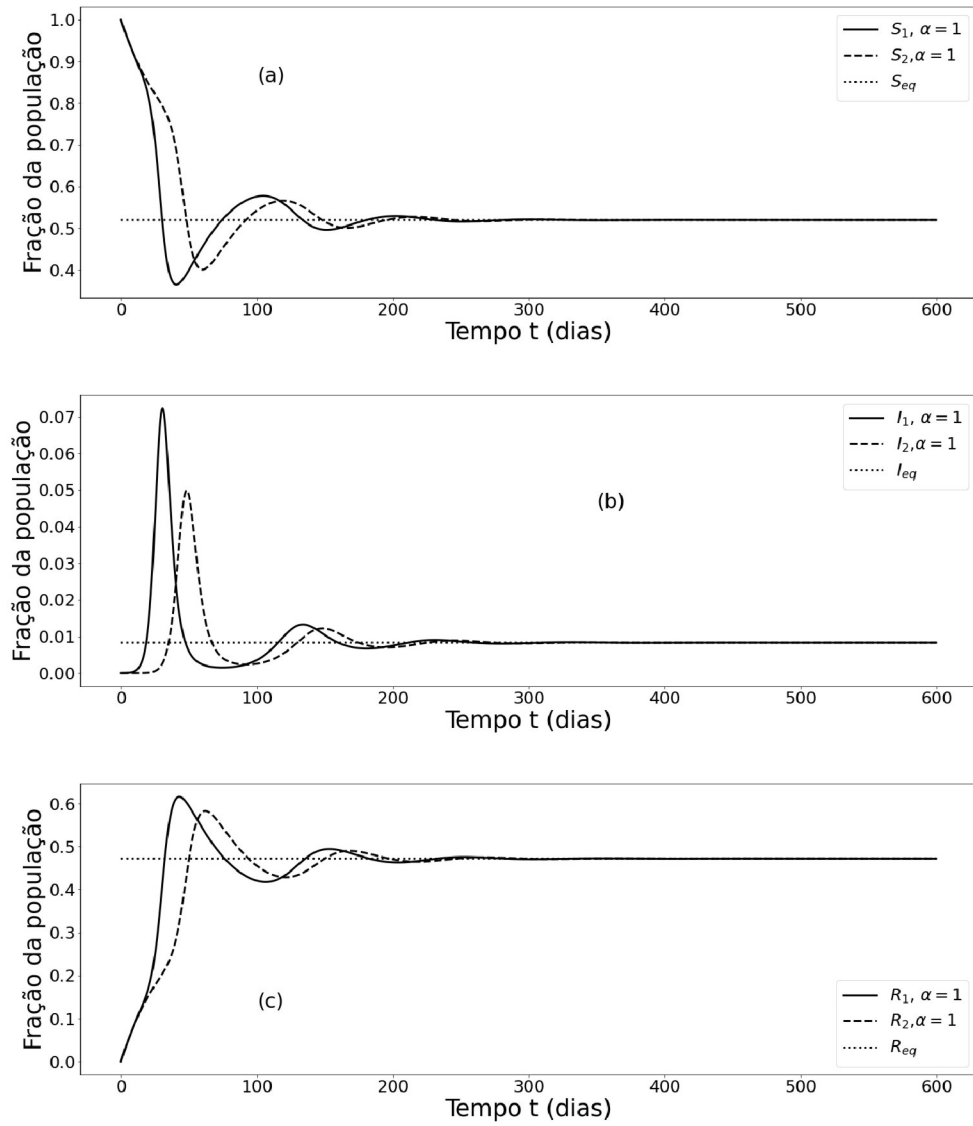


Figura 5.15: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 1$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

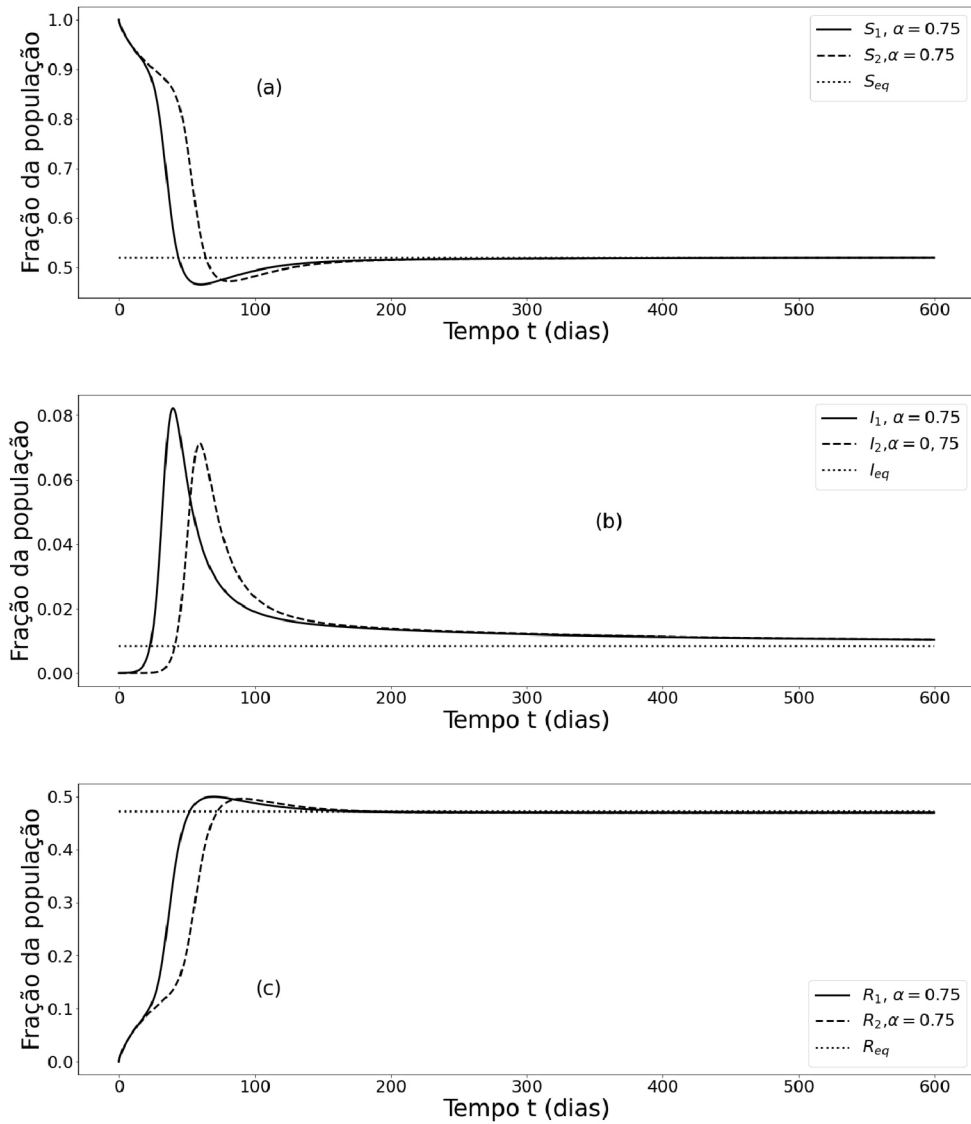


Figura 5.16: Solução numérica do modelo com interações entre duas populações para derivadas de ordem $\alpha = 0.75$. Nos gráficos (a), (b) e (c), S_{eq} , I_{eq} e R_{eq} representam os valores de equilíbrio, respectivamente.

Nas Figuras 5.15 e 5.16 apresentamos o comportamento assintótico dos modelos com derivada inteira ($\alpha = 1$) e com derivada fracionária ($\alpha = 0.75$). Por simplicidade, consideramos o caso simétrico $\beta_{11} = \beta_{22} = 1$, $\beta_{12} = \beta_{21} = 0.0005$, $\gamma_{12} = \gamma_{21} = 0.5$, $\mu_1 = \mu_2 = 0.02$, $\phi_1 = \phi_2 = 0.01$ e $v_1 = v_2 = 0.01$. Neste caso simétrico, no equilíbrio temos: $\lim_{t \rightarrow \infty} S_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} S_2 = S_{eq} = 0.51974013$, $\lim_{t \rightarrow \infty} I_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} I_2 = I_{eq} = 0.00831659$ e $\lim_{t \rightarrow \infty} R_1 = \lim_{t \rightarrow \infty} R_2 = R_{eq} = 0.47194327$. Observamos novamente que um dos efeitos da derivada fracionária na

dinâmica é o desaparecimento oscilatório das variáveis do modelo antes de atingir o equilíbrio assintótico.

6 CONCLUSÃO

O presente trabalho teve como objetivo, investigar o uso do Cálculo Fracionário na modelagem de epidemias de populações em interação. Primeiro, propomos um modelo SIRD para duas cidades em interação com derivadas fracionárias. Depois investigamos o problema de reinfecção através de um modelo SIRS sem vacinação e também com vacinação constante. Em todos os modelos propostos analisamos a existência de pontos fixos e sua estabilidade. Para investigar os efeitos introduzidos na dinâmica pelas derivadas fracionárias, resultados numéricos foram obtidos e comparações entre os modelos com derivadas fracionárias com modelos de derivada inteira foram realizadas. Além disso, como exemplo de aplicações, fizemos uma comparação do modelo SIRD proposto com dados reais de Rio Grande e Pelotas. Como continuação do trabalho, seria importante investigar os efeitos introduzidos nos modelos fracionários por um número maior de populações interagentes, e em populações com faixas etárias diferentes (no mesmo sentido do modelo com derivada inteira estudado em (Lazo; Cezaro, 2020)). Outra possibilidade de continuação seria fazer uma análise mais detalhada (incluindo dados de vacinação, infectados por bairros e distritos, etc), e em um período maior de tempo, referente ao número de casos confirmados e óbitos causados por COVID-19 nos municípios de Pelotas e Rio Grande. A partir da análise preliminar, foi possível observar que o modelo SIRD clássico, sem interação entre cidades e sem derivadas fracionárias, também não descreve bem os dados oficiais do município de Rio Grande, pois a dinâmica apresenta um crescimento linear. Os efeitos introduzidos por diversas populações interagentes em (Lazo; Cezaro, 2020), e os efeitos na dinâmica devido às derivadas fracionárias, motivam uma investigação mais detalhada do modelo de interação fracionária que propomos.

7 REFERÊNCIAS

- Almeida, R., **Analysis of a fractional SEIR model with treatment**. Center for Research and Development in Mathematics and Applications (CIDMA) Department of Mathematics, University of Aveiro, 3810-193 Aveiro, Portugal.
- Almeida, P. R., **Modelos epidêmicos SIR, contínuos e discretos, e estratégias de vacinação**. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2014.
- Arqub, A., El-Ajou, A., **Solution of the fractional epidemic model by homotopy analysis method**. Journal of King Saud University - Science. Volume 25, Issue 1, January 2013, Pages 73-81.
- Bartolomeu. R. F. M., **Modelos Epidemiológicos SIR e SIS Discretos Estudo dos modelos e elaboração de uma ação de divulgação na área da Biomatemática**. Dissertação de Mestrado, Universidade da Beira Interior, Covilhã, 2018.
- Butantan, I., A serviço da vida. **Imunização, uma descoberta da ciência que vem salvando vidas desde o século XVIII**. 2021. Notícias.
- Cruz, F. O., **Vacinas: as origens, a importância e os novos debates sobre seu uso**. 2016. Notícias e Artigos.
- Diethelm, K., **The Analysis of Fractional Differential Equations: An Application-Oriented Exposition Using Differential Operators of Caputo Type**. Berlin Heidelberg: Springer-Verlag, 2010.
- Farias, A. V., **Um estudo da modelagem epidemiológica SIR usando conceitos de derivadas de ordem inteira e fracionária**. Dissertação de Graduação, Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, RS, 2017.

- Gomes, A. C. F. N., **Modelo compartimental SIRC fracionário**. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, RS, 2018.
- Hansen, C. H., Michlmayr, D., Gubbels, S. M., Mølbak, K. and Ethelberg, S., **Assessment of protection against reinfection with SARS-CoV-2 among 4 million PCR-tested individuals in Denmark in 2020: a population-level observational study**. The Lancet, Vol. 397, Ed. 10280, 2021.
- Hethcote, H. W., **The Mathematics of Infectious Diseases**. SIAM REVIEW, Vol. 42, No. 4, pp. 599–653, 2000
- Hirsch, M. W., Smale, S., Devaney, R. L. **Differential Equations, Dynamical Systems & An Introduction to Chaos, 2a. edição**. Atlanta: Elsevier, 2004.
- Keeling, M. J., Rohani, P., **Modeling infectious diseases in humans and animals**. Princeton University Press, 2008.
- Kretzschmar, M., Wallinga, J., **Mathematical models in infectious disease epidemiology**. In: **Modern infectious disease epidemiology**. Springer, 2009.
- Lazo, M. J., Cezaro, A., **Why can we observe a plateau even in an out of control epidemic outbreak? A SEIR model with the interaction of n distinct populations for Covid-19 in Brazil**. Trends in Applied and Computational Mathematics, August 2020.
- Lazo, M. J., **Introdução ao Cálculo Fracionário**. Apostila não publicada.
- Morais, V. N., Dias, F. C. B., Santana, T. B. A., Maciel, L. G., Souza, Y. C., Mescoloti, A. A., Milagres, F. A. P., Pimenta, R. S., **DOENÇA PELO CORONAVÍRUS 2019: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA**. Revista Desafios, v.8, n.01, 2021.
- Oldham, K. B., Spanier, J., **The Fractional Calculus**. Academic Press, New York, 1974.

- Oliveira, D. S., **Introdução ao Cálculo Fracionário**. Dissertação de Graduação, Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, RS, 2012.
- Owusu-Mensah, I., AKINYEMI, L., ODURO, B., IYIOLA, O. S., **A fractional order approach to modeling and simulations of the novel COVID-19**. Advances in Difference Equations, December 2020.
- Sabatier, J., Agrawal, O. P., Tenreiro Machado, J. A. (eds), **Advances in Fractional Calculus: Theoretical Developments and Applications in Physics and Engineering**, Springer, Netherlands, 2007.
- Sabeti, M., **Modelo Epidêmico Discreto SIR com Estrutura Etária e Aplicação de Vacinação em Pulsos e Constante**. Tese de Doutorado, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Pernambuco, 2011.
- Santos, J., **Aplicação do Cálculo Fracionário na Modelagem da Memória e da Aprendizagem**. Dissertação de Graduação, Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, RS, 2018.
- Silva, R. M., **Using the SIRD model to characterize the COVID-19 spreading in the states of Paraná, Rio Grande do Sul, and Santa Catarina**. Scientific Electronic Library Online.
- Shulgin, B., Stone, L., Agur, Z., **Pulse Vaccination Strategy in the SIR Epidemic Model**. in Bulletin of Mathematical Biology, Vol. 60, pg. 1123-1148, 1998.
- Strogatz, S. H., **Nonlinear Dynamics And Chaos: With Applications To Physics, Biology, Chemistry, And Engineering**. Westview Press, 1^a edição, 2001
- Varalta, N. **Das Transformadas Integrais ao Cálculo Fracionário Aplicado à Equação**

Logística. Dissertação de Mestrado, Universidade Estadual Paulista - Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo, 2014.

Vieira, G. B. **Teoria qualitativa e estabilidade de Lyapunov para sistemas de equações de ordem fracionária e uma aplicação em um modelo SIR-SI para a dengue.** Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) - Universidade Federal de Alfenas, 2017.

Vieira, A. O., **Estudo sobre Modelos Matemáticos Aplicados à Epidemiologia: Modelo SIR, SIR com vacinação e SIRS.** Dissertação de Graduação, Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo, IFSP, 2016.