

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Instituto de Física e Matemática
Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática



Dissertação

Um Modelo Epidemiológico para o Estudo da Dengue Considerando o Controle do Vetor

Letiane Ludwig Mielke

Pelotas, 2024

Letiane Ludwig Mielke

Um Modelo Epidemiológico para o Estudo da Dengue Considerando o Controle do Vetor

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Modelagem Matemática

Orientadora: Prof. Dr. Daniela Buske
Coorientador: Prof. Dr. Alexandre Athayde

Pelotas, 2024

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação da Publicação

M631m Mielke, Letiane Ludwig

Um modelo epidemiológico para o estudo da Dengue considerando o controle do vetor [recurso eletrônico] / Letiane Ludwig Mielke ; Daniela Buske, orientadora ; Alexandre Sacco de Athayde, coorientador. — Pelotas, 2023.

77 f. : il.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática, Instituto de Física e Matemática, Universidade Federal de Pelotas, 2023.

1. Modelo epidemiológico. 2. Dengue. 3. Modelagem matemática. 4. Doença infecciosa. I. Buske, Daniela, orient. II. Athayde, Alexandre Sacco de, coorient. III. Título.

CDD 616.921

**UM MODELO EPIDEMIOLÓGICO PARA O ESTUDO DA DENGUE
CONSIDERANDO O CONTROLE DO VETOR**

por

Letiane Ludwig Mielke

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática, PPGMMat, do Instituto de Física e Matemática da Universidade Federal de Pelotas, como parte dos requisitos necessários para a obtenção do Título de

Mestre em Modelagem Matemática

Banca Examinadora:

Profa. Dra. Daniela Buske – Orientador (UFPel)

Prof. Dr. Alexandre Sacco de Athayde – Co-Orientador (UFPel)

Profa. Dra. Diomar Cristina Mistro (UFSM)

Profa. Dra. Angelita dos Reis Gomes (UFPel)

Prof. Dr. Glênio Aguiar Gonçalves (UFPel)

Pelotas, 06 de junho de 2023.

**Insira AQUI a ficha catalográfica
(solicitada na página da biblioteca)**

**Insira AQUI a folha de aprovação
(será entregue após a banca)**

Dedico este trabalho à minha família, em especial à minha mãe Marlene e ao meu pai Afonso. Obrigada por acreditarem em mim.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, à Deus, que se faz presente em minha vida todos os dias guiando cada uma das minhas ações e permitindo que tudo isso acontecesse.

À minha família, em especial a meus pais, Marlene e Afonso por todo carinho, incentivo e apoio incondicional para que eu chegasse até aqui. As minhas irmãs, Letícia e Leonarda, por todas as risadas e momentos de descontração em meio a correria do mestrado.

Aos amigos que sempre acreditaram em mim e me apoiaram, certamente o incentivo de vocês fez muita diferença nessa jornada. Em especial, à Lisandra, amiga que o mestrado me presenteou e que dividiu comigo momentos de conversa, estudo e descontração.

Aos meus professores, que tanto me inspiram, agradeço pelo conhecimento transmitido que me ajudaram nesse caminhada. Em especial, agradeço a minha orientadora professora Daniela Buske por todo empenho, paciência, compreensão que tivesse comigo nessa caminhada, se cheguei até aqui, foi porque não desistisse de mim, és um exemplo de professora. Não poderia deixar de citar meu coorientador, professor Alexandre Athayde, e os professores Régis Sperotto de Quadros e Luciana Piovesan, por toda paciência e dedicação em me orientar, por me incentivar com os estudos, por todo auxílio nessa reta final do trabalho e me acompanharem nessa caminhada. Todos vocês foram fundamentais, todo o meu carinho e admiração. Agradeço a todos os professores, pelo conhecimento transmitido que me ajudaram nessa caminhada.

À Universidade Federal de Pelotas, por todo apoio técnico, e disposição de sala. Agradeço à CAPES pelo auxílio financeiro parcial durante o período do mestrado.

**”Aprenda com o ontem, viva o hoje, tenha esperança no amanhã.
O mais importante é não parar de questionar.”**
— ALBERT EINSTEIN

RESUMO

LUDWIG MIELKE, Letiane. **Um Modelo Epidemiológico para o Estudo da Dengue Considerando o Controle do Vektor.** 2024. 76 f. Dissertação (Mestrado em Modelagem Matemática) – Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática, Instituto de Física e Matemática, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2024.

A ligação entre a matemática, a epidemiologia e a disseminação de doenças é algo que está diretamente relacionado quando se trata de estudos epidemiológicos. Utilizando modelos matemáticos e ferramentas computacionais, é possível prever cenários e apontar possíveis medidas a serem tomadas em momentos de crise sanitária. Os primeiros relatos de dengue surgiram em meados da década de 1960, já sendo considerada como um problema mundial de saúde, sendo essa uma doença comum em muitos países, incluindo o Brasil, onde é encontrada principalmente em regiões tropicais e subtropicais. Nesse sentido, o presente trabalho tem como objetivo o estudo e análise de um modelo epidemiológico aplicado a doenças infecciosas, direcionado especificamente para a dengue. Será utilizado um modelo matemático SIR+ASI, composto por equações diferenciais ordinárias que descrevem a dinâmica de propagação da doença, através da interação do mosquito e dos humanos. A propagação da dengue pode ser mitigada através de medidas de controle que podem ser feitas diretamente na população dos mosquitos. Essas medidas de controle são feitas por meio do uso de inseticidas e por campanhas educativas através de mídias sociais. Outra forma de controle poderia ser realizada por meio do processo de vacinação da população humana, porém a vacina para a dengue ainda não se encontra disponível. Ambas estratégias de controle, têm como objetivo a redução e erradicação da doença na população e foram implementadas. O modelo matemático é resolvido numericamente e seu algoritmo foi implementado na linguagem SCILAB. O principal objetivo é obter a solução numérica do problema proposto e comparar as estratégias de controle aplicadas.

Palavras-chave: Modelo Epidemiológico, Dengue, Modelagem Matemática, Doença Infecciosa.

ABSTRACT

LUDWIG MIELKE, Letiane. **An Epidemiological Model for the Study of Dengue Considering Vector Control**. 2024. 76 f. Dissertação (Mestrado em Modelagem Matemática) – Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática, Instituto de Física e Matemática, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2024.

The link between mathematics, epidemiology and the spread of diseases is something that is directly related when it comes to epidemiological studies. Using mathematical models and computational tools, it is possible to predict scenarios and point out possible measures to be taken in times of health crisis. The first reports of dengue fever emerged in the mid-1960s, and it was already considered a global health problem, being a common disease in many countries, including Brazil, where it is found mainly in tropical and subtropical regions. In this sense, the present work aims to study and analyze an epidemiological model applied to infectious diseases, specifically aimed at dengue. A SIR+ASI mathematical model will be used, composed of ordinary differential equations that describe the dynamics of disease propagation, through the interaction of mosquitoes and humans. The spread of dengue can be mitigated through control measures that can be carried out directly on the mosquito population. These control measures are carried out through the use of insecticides and educational campaigns through social media. Another form of control could be carried out through the process of vaccinating the human population, however the vaccine for dengue is not yet available. Both control strategies aim to reduce and eradicate the disease in the population and have been implemented. The mathematical model is solved numerically and its algorithm was implemented in the SCILAB language. The main objective is to obtain the numerical solution of the proposed problem and compare the applied control strategies.

Keywords: Epidemiological Model, Dengue, Mathematical Modeling, Disease Infectious.

LISTA DE FIGURAS

1	Doenças infecciosas emergentes e re-emergentes em nível global.	16
2	Mosquito <i>Aedes aegypti</i> .	17
3	Ciclo de vida do mosquito <i>Aedes aegypti</i> .	18
4	Representação compartimental do Modelo SI.	27
5	Representação compartimental do Modelo SIS.	27
6	Representação compartimental do Modelo SIR.	27
7	Representação compartimental do Modelo SIRS.	28
8	Representação compartimental do Modelo SEIR.	28
9	Modelo epidemiológico SIR+ASI.	35
10	População humana sem controle.	50
11	População de mosquitos sem controle.	50
12	Humanos infectados com diferentes proporções de larvicida.	51
13	Insetos infectados com diferentes proporções de larvicida.	51
14	Humanos infectados com diferentes proporções de adulticida.	52
15	Insetos infectados com diferentes proporções de adulticida.	52
16	Humanos infectados com diferentes proporções de controle mecânico.	53
17	Mosquitos infectados com diferentes proporções de controle mecânico.	53
18	Humanos infectados com diferentes controles.	54
19	Mosquitos infectados com diferentes controles.	54
20	População humana com 5% de controle.	55
21	População de mosquitos com 5% de controle.	55
22	População de humanos suscetíveis com o uso da vacina.	56
23	População de humanos infectados com o uso da vacina.	57
24	População de recuperados com o uso da vacina.	58
25	Com controle de Mídia e Vacina - Suscetíveis	59
26	Com controle de Mídia e Vacina - Infectados	60
27	Com controle de Mídia e Vacina - Recuperados	61
28	Com controle de Mídia e Vacina - Vetores Suscetíveis	62
29	Com controle de Mídia e Vacina - Vetores Infectados	63
30	Com controle de Mídia e Vacina - Vacinas	64
31	Com controle de Mídia e Vacina - Mídia Social	64
32	Com controle de Mídia e Vacina - População de mosquitos contaminados	65

LISTA DE TABELAS

1	Casos notificados da dengue no Brasil da 1 ^o até a 51 ^o semana epidemiológica de 2022.	20
2	Cenários Epidemiológicos de acordo com o R_0	29
3	Valores estimados para R_0 de algumas doenças infecciosas.	29
4	Parâmetros do Modelo Epidemiológico $SIR + ASI$	49
5	RK $3/8$	75
6	RK clássico	75

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

N_h	População humana (nº de indivíduos no tempo t)
N_m	População dos mosquitos (nº de indivíduos no tempo t)
S_h	Humanos suscetíveis (nº de indivíduos no tempo t)
I_h	Humanos infectados (nº de indivíduos no tempo t)
R_h	Humanos recuperados (nº de indivíduos no tempo t)
A_m	Mosquitos na fase aquática (nº de indivíduos no tempo t)
S_m	Mosquitos suscetíveis (nº de indivíduos no tempo t)
I_m	Mosquitos infectados (nº de indivíduos no tempo t)
μ_h	Taxa de mortalidade natural para humanos
μ_A	Taxa de mortalidade natural de mosquitos (fase aquática)
μ_m	Taxa de mortalidade natural de mosquitos (fase adulta)
η_h	Taxa de recuperação de humanos
η_A	Taxa de maturação das larvas
β_{hm}	Probabilidade de transmissão de I_h para mosquitos
β_{mh}	Probabilidade de transmissão de I_m para humano
B	Média de mordidas do mosquito ($1/t$)
φ	Número de ovos em cada depósito
k	Número de larvas por humano
m	Número de mosquitos fêmeas por humano
c_A	Mortalidade induzida pelo larvicida ($1/t$)
c_m	Mortalidade induzida pelo adulticida ($1/t$)
α	Proporção de controle mecânico
V	Índice de vacinados
ν_h	Taxa de vacinação
A_h	População humana consciente
$M(t)$	Número de campanhas realizadas pela mídia

β	Taxa de disseminação de programas de conscientização
δ	Taxa em que a classe consciente perde a consciência da mídia
ϵ	Taxa na qual a população consciente se esforça para reduzir a população de vetores
τ	Taxa na qual os programas de conscientização através da mídia são executados
τ_0	Taxa na qual os programas de mídia declinam
M_0	Número dos programas de linha de base mantidos no sistema

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	15
1.1	A Dengue	16
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	22
2.1	Matemática e a Epidemiologia	24
2.2	Modelo Matemático	26
2.2.1	Modelo SI	26
2.2.2	Modelo SIS	27
2.2.3	Modelo SIR	27
2.2.4	Modelo SIRS	28
2.2.5	Modelo SEIR	28
2.3	Número Básico de Reprodução	28
2.3.1	Matriz Próxima Geração	29
2.4	O uso do Controle dos Mosquitos como estratégia de controle	30
2.5	O uso da Vacina como estratégia de controle	30
2.6	O uso de Mídias Sociais como estratégia de controle	31
3	MODELO EPIDEMIOLÓGICO DA DENGUE	33
3.1	Modelo epidemiológico da dengue com controle na população dos mosquitos	34
3.1.1	Pontos de Equilíbrio do modelo SIR+ASI	36
3.1.2	Número de Reprodução Básico do modelo SIR+ASI	42
3.2	Modelo epidemiológico da dengue com controle dos mosquitos e vacinação dos humanos	44
3.3	Modelo epidemiológico da dengue com controle dos mosquitos, vacinação dos humanos e uso de mídias sociais como estratégia de controle	45
4	RESULTADOS	48
4.1	Resultados encontrados para as simulações considerando o controle na população de mosquitos	48
4.2	Resultados encontrados para as simulações considerando o controle na população de mosquitos e com a variável da vacina	56
4.3	Resultados encontrados para as simulações considerando o controle dos mosquitos, a vacinação e o uso de mídias sociais como estratégia de controle	58
5	CONCLUSÕES E PERSPECTIVAS FUTURAS	66

REFERÊNCIAS	68
ANEXO A MÉTODOS DE RUNGE-KUTTA	73

1 INTRODUÇÃO

A história da humanidade foi marcada por inúmeros episódios de desastres causados por doenças infecciosas, sendo que em diversas regiões elas foram capazes de dizimar uma grande parte da população. Dentre essas doenças podemos destacar a **peste negra**, também conhecida como **peste bubônica**, que entre 1347 e 1350, matou quase um quarto da população da Europa (K. I. BOS; GOLDING, 2011), e em 1665 matou mais de 68 mil pessoas em Londres e a **varíola** que matou mais de três quartos da população dos Astecas em 1520. Em 2003, a epidemia de **SARS** assolou 32 países ao redor do mundo e infectou em torno de 8.400 pessoas (ZHANG, 2007) (HAILONG; YU; SHUANG, 2004). No final de 2019, o mundo enfrentou outra pandemia, conhecida como **COVID-19** e, em agosto de 2021, de acordo com os dados da Organização Mundial da Saúde, o número cumulativo de casos confirmados em todo o mundo era de 200 milhões e o número cumulativo de mortes de aproximadamente 4 milhões (ZHANG; VYNNYCKY; CHARLETT, 2021).

Atualmente ainda existem doenças infecciosas que assolam a humanidade tais como a Dengue, o Ebola, a Febre Amarela e, as mais recentes: a COVID-19 e a Varíola dos Macacos.

Na Figura 1 podemos observar as doenças infecciosas que atingiram todo o mundo desde o ano de 1981 até 2020. O mapa classifica as doenças como emergentes (pontos na cor vermelha), re-emergentes (pontos na cor azul) e deliberadamente emergentes (ponto na cor preta). De acordo com (MORENS; FAUCI, 2020), considera-se:

- **Doenças emergentes:** aquelas doenças que pela primeira vez foram reconhecidas em humanos;
- **Doenças re-emergentes:** aquelas doenças que já infectaram os humanos em outro momento e que continuam a reaparecer;
- **Doenças deliberadamente emergentes:** aquelas doenças que tem a intenção de prejudicar, incluindo bioterrorismo em massa que consiste na liberação intencional de agentes infecciosos prejudiciais à saúde e ao meio ambiente.

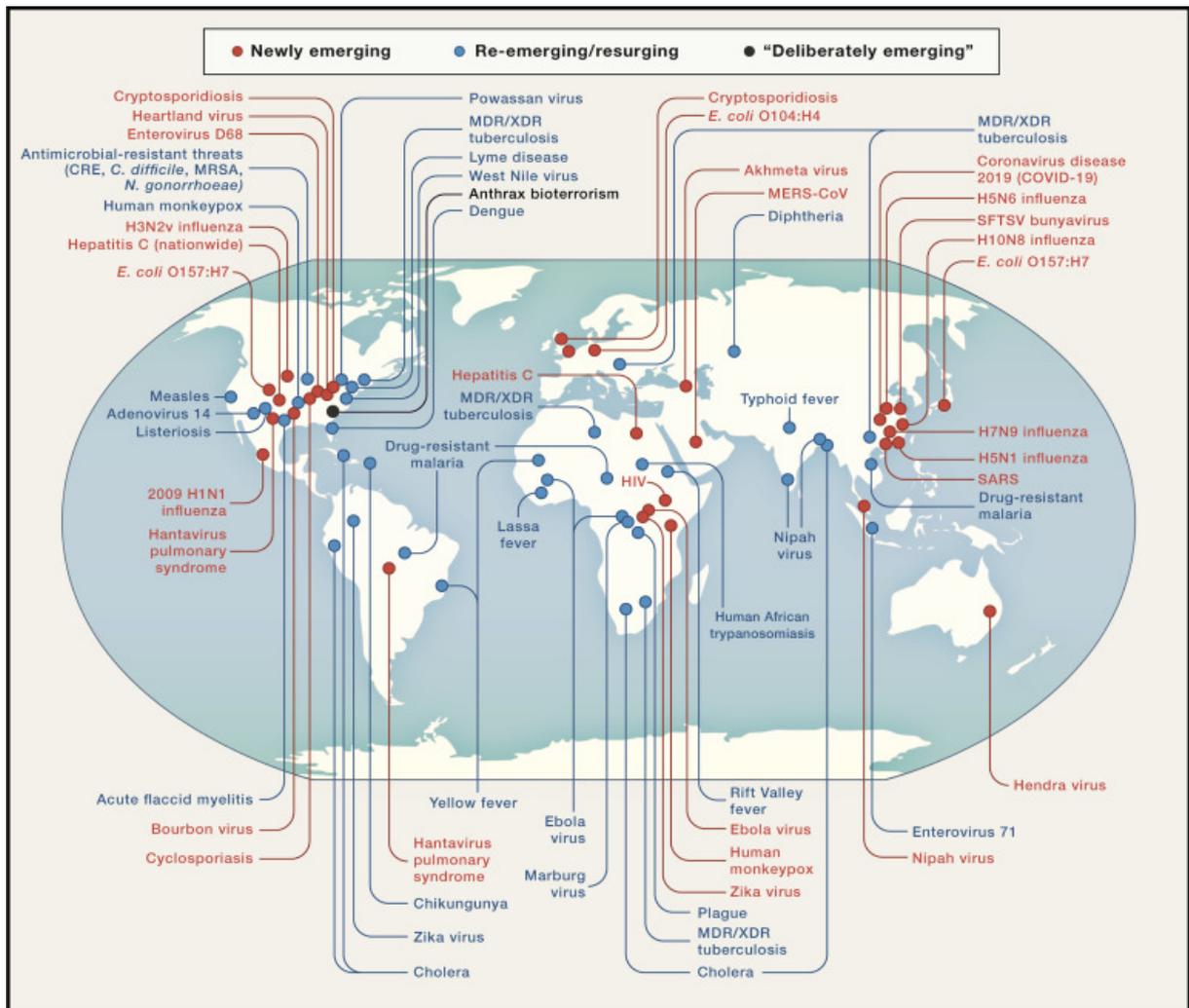


Figura 1: Doenças infecciosas emergentes e re-emergentes em nível global.

Fonte: (MORENS; FAUCI, 2020).

De modo geral, o mecanismo de transmissão de uma doença é conhecido para a maioria das doenças infecciosas, porém as interações que ocorrem na transmissão dela em uma dada população são um tanto complexas. Se uma doença começa a se espalhar e não forem tomadas medidas necessárias para contê-la, ela pode evoluir para uma pandemia. A fim de auxiliar no estudo desta propagação, a modelagem matemática faz uso de equações matemáticas que descrevem a dinâmica da doença de acordo com a sua característica, podendo gerar diversos cenários. Com isso, medidas mais eficientes podem ser aplicadas a fim de barrar o espalhamento da doença.

1.1 A Dengue

A dengue é uma doença infecciosa, transmitida para o humano através da picada da fêmea do mosquito *Aedes aegypti* infectado com o vírus da doença. Assim, para ocorrer a transmissão da doença é preciso ter o mosquito infectado pelo vírus e o

humano sem defesas para este vírus (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2022a).

O mosquito *Aedes aegypti* é um inseto da família *Culicidae*, originário do norte da África e chegou às Américas durante sua colonização. Possui uma característica que o difere dos demais, que é a presença de listras brancas no tronco, cabeça e pernas, como pode ser observado na Figura 2.



Figura 2: Mosquito *Aedes aegypti*.

Fonte: (LABORATÓRIO OSWALDO CRUZ, 2022).

É nos países de clima tropical que o mosquito está mais presente e, no Brasil, ele é muito comum especialmente no verão onde as temperaturas são mais elevadas e há períodos de chuvas e tempestades tropicais que levam ao alagamento das ruas e o fácil empoçamento de água, facilitando seu ciclo reprodutivo (DEROUICH; BOUTAYEB, 2006).

A Figura 3 mostra o ciclo de vida do mosquito. A fêmea, por ser hematófaga, precisa de sangue para se alimentar e amadurecer os seus ovos. Os ovos não são colocados dentro da água, mas sim na borda, de modo que haja calor e umidade suficientes para a eclosão dos mesmos. Assim que os ovos eclodem, as larvas vão para a água sendo que essa fase representa a fase aquática no ciclo de vida do mosquito. Ainda na água, elas passam pelo estágio de pupa e quando completam o desenvolvimento sai um inseto adulto (OTERO; SCHWEIGMANN; SOLARI, 2008).



Figura 3: Ciclo de vida do mosquito *Aedes aegypti*.

Fonte: (TODA MATÉRIA, 2022).

O mosquito *Aedes aegypti*, além de transmitir a dengue, também é o responsável pela transmissão da Zika, Chikungunya e Febre Amarela (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2022a).

O vírus da dengue faz parte da família *Flaviviridae*, sendo um flavivírus, que é o agente infeccioso viral mais comum do mundo transmitido por mosquito. Há duas formas de dengue conhecidas, que são: a Dengue e a Febre Hemorrágica da Dengue (FHD). A Dengue é caracterizada por febre alta repentina sem sintomas respiratórios, acompanhada de dores nas articulações e músculos e dores de cabeça, e dura entre 3 e 7 dias sendo que os humanos só podem transmitir o vírus durante a fase febril (DENGUE VÍRUS NET, 2022). Inicialmente a FHD possui sintomas semelhantes a dengue, porém mais agravados que esta, mas o que a diferencia é o final da fase febril (CDC, 2022). Além dos sintomas comuns, a forma hemorrágica tem o sangramento de nariz, boca e gengivas, hematomas na pele, náuseas, vômitos e desmaios causados pela pressão arterial baixa devido o vazamento de fluido. De modo geral, dura de 2 a 3 dias e pode levar à morte (DEROUICH; BOUTAYEB; TWIZELL, 2003).

Existem quatro sorotipos diferentes do vírus, denominados como DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4. A infecção por qualquer um dos quatro sorotipos leva à imunidade ao longo da vida contra a reinfecção pelo mesmo tipo, mas apenas proteção parcial e temporária contra os outros. A infecção sequencial por diferentes sorotipos pode levar a um episódio de FHD (WEARING, 2006).

O vírus da dengue é encontrado em todo o mundo, tendo predominância em regiões tropicais e subtropicais, e principalmente em áreas urbanas e semi-urbanas. Também, alguns estudos apontam que países com clima mais ameno, como o Mediterrâneo, possuem grandes chances de serem favoráveis à doença devido às condições climáticas futuras.

O número de casos de dengue vem crescendo de forma significativa em todo o

mundo nas últimas décadas. O número exato de casos da doença é sub notificado e muitos são classificados de forma equivocada. Estimativas recentes divulgadas pela OMS (Organização Mundial da Saúde) indicam que há 390 milhões de infecções por dengue por ano, o que representa 95% de intervalo de credibilidade, 284-528 milhões e, desses, 96 milhões (67-136 milhões) se manifestam de modo clínico, tendo qualquer nível de gravidade. Outro estudo da prevalência da dengue estima que 3,9 bilhões de pessoas em 128 países estão em risco de infecção pelos vírus da doença (OPAS, 2022). Na Tabela 1, podem ser observados o número de casos de dengue notificados no Brasil da 1^o até a 51^o semana epidemiológica de 2022, retirados do Boletim Epidemiológico (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2022b).

Por se tratar de uma doença de grande complexidade devido às interações entre humanos, mosquitos e vários sorotipos de vírus, a dengue se tornou um dos principais problemas de saúde pública no mundo, provocando um enorme ônus financeiro para os governos. Prevê-se que a vacina contra a dengue para prevenção eficaz e controle de longo prazo seja a solução, mas ela ainda encontra-se em desenvolvimento. Por isso, atualmente, a única maneira de controlar a doença é minimizar a população de vetores. Apesar do controle vetorial integrado com a participação da comunidade, juntamente com a vigilância ativa de doenças e inseticidas, existem apenas alguns exemplos de prevenção e controle bem-sucedidos da dengue em escala nacional. Para piorar a situação, os níveis de resistência do *Aedes aegypti* aos inseticidas aumentaram, o que implica intervalos mais curtos entre os tratamentos, e poucos produtos inseticidas estão disponíveis no mercado devido aos baixos retornos e altos custos de desenvolvimento e registro.

Desse modo, o estudo de modelos matemáticos aplicados à epidemiologia torna-se essencial, pois é possível fazer uma análise mais detalhada, prevendo o comportamento da doença ao longo do tempo, buscando alternativas de controlá-la e, ainda, sugerir direções mais relevantes a serem avaliadas.

A dissertação é composta por 5 capítulos, além do Capítulo 1 que contém a Introdução, foram formulados os seguintes capítulos:

No capítulo 2 é feita uma revisão de trabalhos da área e também são revisados os componentes básicos da maioria dos modelos epidemiológicos e apresentados os modelos matemáticos mais básicos, que em geral são utilizados como base para desenvolvimento de modelos mais complexos. Também é abordado um método para encontrar o número básico de reprodução de uma doença. Bem como uma revisão literária sobre o controle da dengue feita de três formas distintas, sendo elas através do controle dos mosquitos, o uso da vacinação e o uso de mídias sociais.

Tabela 1: Casos notificados da dengue no Brasil da 1^o até a 51^o semana epidemiológica de 2022.

Região	Estado	Números de casos	
		Por estado	Por região
Norte	Rondônia	12.827	50.100
	Acre	3.494	
	Amazonas	5.270	
	Roraima	85	
	Pará	6.535	
	Amapá	256	
	Tocantins	21.633	
Nordeste	Maranhão	7.328	246.133
	Piauí	30.302	
	Ceará	44.383	
	Rio Grande do Norte	42.467	
	Paraíba	29.475	
	Pernambuco	17.935	
	Alagoas	32.726	
	Sergipe	5.700	
	Bahia	35.817	
Sudeste	Minas Gerais	91.337	465.604
	Espírito Santo	9.136	
	Rio de Janeiro	11.330	
	São Paulo	353.801	
Sul	Paraná	163.442	318.473
	Santa Catarina	85.708	
	Rio Grande do Sul	69.323	
Centro-Oeste	Mato Grosso do Sul	27.454	341.447
	Mato Grosso	35.272	
	Goiás	209.387	
	Distrito Federal	69.334	
Total			1.421.757

Fonte: (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2022b).

No Capítulo 3, apresenta-se o modelo matemático que descreve a propagação da dengue. O modelo $SIR + ASI$ com controle na população dos mosquitos é apresentado primeiro. Após são acrescentadas mais medidas de controle nesse modelo

com a intenção de reduzir o número de pessoas infectadas, sendo elas a variável de vacinação e em seguida a de mídias sociais. Os pontos de equilíbrio e o número de reprodução básica também são calculados.

No Capítulo 4 são apresentados os resultados gerados através da implementação do algoritmo para a resolução numérica dos modelos. Na Seção 4.1 encontram-se os resultados para as simulações do modelo com controle na população de mosquitos, na Seção 4.2 as simulações para o modelo com a variável da vacina como controle e na Seção 4.3 as simulações para o modelo com o uso de mídias sociais como controle. Os gráficos foram analisados considerando os parâmetros utilizados nos modelos.

Por fim, temos que as principais conclusões e perspectivas futuras são relatadas no Capítulo 5.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

A modelagem matemática tornou-se uma ferramenta de grande importância para a compreensão de doenças epidemiológicas e por propor estratégias eficazes para combatê-los. Um conjunto de modelos matemáticos foi desenvolvido na literatura para obter resultados sobre a dinâmica de transmissão da dengue em uma comunidade.

A dinâmica de doenças infecciosas pode ser descrita por vários modelos matemáticos epidemiológicos, os quais podem ser encontrados com facilidade na literatura. Alguns desses modelos podem ser construídos utilizando, por exemplo, Equações Diferenciais Ordinárias (EDOs), Equações Diferenciais Parciais (EDPs) e Autômatos Celulares (AC).

De certo modo EDOs e EDPs possibilitam descrever e investigar analiticamente o problema estudado, porém a resolução numérica de tais equações pode apresentar problemas de convergência. Enquanto os Autômatos celulares (ACs) têm sido bastante utilizados na modelagem epidemiológica, devido o fato de permitirem representar a geografia da região estudada e as relações sociais entre os indivíduos de forma natural. É simples calcular computacionalmente a evolução temporal de um autômato celular, porém, estudá-los analiticamente costuma ser difícil. Pode-se notar que, EDOs, EDPs e ACs têm suas vantagens e desvantagens. Talvez, uma abordagem mista seja a mais conveniente (CHAVES; OLIVEIRA; MONTEIRO, 2016).

Nos últimos cem anos, a matemática tem sido cada vez mais utilizada para compreender e prever a propagação de doenças importantes no que se refere a saúde pública, tendo como base uma série de parâmetros responsáveis pelos mecanismos geradores dessas doenças que possibilitam o entendimento de sua transmissão. Um retrato abrangente da dinâmica da doença requer uma variedade de ferramentas matemáticas, desde a criação do modelo para a resolução de equações diferenciais até modelos para análise estatística. Esse estudo vem ocorrendo a um considerável tempo, sendo observado pela primeira vez em um livro de aritmética escrito por Leonardo de Pisa em 1202, onde um exercício envolvia um modelo matemático para estudar a população de coelhos (MURRAY, 2002).

No entanto, o primeiro trabalho a ser conhecido de aplicação de matemática aos

estudos da epidemiologia é de Daniel Bernoulli em 1760. Bernoulli usou um método matemático para avaliar a eficiência de políticas públicas no tratamento de varíola (BRAUER; CHAVEZ; FENG, 2019)(YANG, 2001).

Em 1911 Ronald Ross, que é considerado o pai da epidemiologia matemática moderna (MARTCHEVA, 2015), utilizou de um modelo de epidemiologia matemática para estudar a malária (BASÁÑEZ; RODRÍGUEZ, 2004), onde descobriu que a doença é transmitida entre humanos e mosquitos. Na segunda edição de seu livro, Ross apresentou modelos matemáticos desenvolvidos para a transmissão da doença. Já em 1957, Macdonald trouxe um maior realismo biológico ao modelo de Ross, aumentando a precisão na interpretação e na obtenção dos parâmetros do modelo. Assim, foi possível a criação do modelo conhecido como modelo Ross-Mcdonald. Nesse modelo duas equações diferenciais representavam a dinâmica da doença sem considerar a estrutura etária das populações e o período de incubação.

Kermack e McKendrick, em 1927, foram responsáveis por levar os estudos em epidemiologia a outro patamar. Publicaram pela primeira vez em seu artigo, um modelo epidêmico determinístico, onde separavam a população em suscetíveis, infecciosos e removidos. O modelo original não incluía taxas de natalidade e mortalidade naturais, o que possibilita apenas a descrição de surtos de doenças. Porém, após algumas adaptações foi possível utilizar do modelo para descrever doenças que possam se estabelecer e persistir em uma população, para isso foram publicadas parte II em 1932 e a parte III em 1933 do artigo original, o qual foi intitulado como “Contribuição para a teoria matemática das epidemias”. Devido a sua grande importância para a epidemiologia matemática, esses três artigos foram republicados em 1991 (KERMACK; MCKENDRICK, 1991a) (KERMACK; MCKENDRICK, 1991b) (KERMACK; MCKENDRICK, 1991c).

Desde então esta teoria tem desempenhado um papel fundamental no entendimento dos problemas básicos na área da biologia, ajudando a entender a dinâmica dos processos e a tomada de decisão. Esse fato pode ser observado nos trabalhos desenvolvidos por Gause (1934), Lotka (1925) e Volterra (1931) que foram fundamentais para o desenvolvimento dessa ciência (HASTINGS, 2008).

A partir de 1992 é possível encontrar diversos modelos contínuos direcionados para a análise da propagação da dengue. Newton e Reiter foram um dos primeiros a propor um modelo compartimentalizado SEIR (Suscetíveis, Expostos, Infectados e Recuperados) para os humanos e um modelo SEI para mosquitos, isso devido ao fato dos mosquitos morrem antes de serem recuperados (NEWTON; REITER, 1992). Já em 2002, Hartley, Donnelly e Garnett introduziram variações sazonais nos parâmetros em um modelo com mais de um sorotipo (HARTLEY; DONNELLY; GARNETT, 2002). Em 2003, Esteva e Vargas, baseados em um modelo no qual humanos apresentam imunidade permanente para os sorotipos homólogos e parcial para os heterólogos,

analisaram a estabilidade de uma solução onde há coexistência de dois sorotipos (ESTEVA; VARGAS, 2003).

Yang e Ferreira (YANG; FERREIRA, 2008) propuseram em 2008 um modelo espacial de Autômatos Celulares para a fase aquática e adulta do vetor, mas eles não levaram em conta a população humana (SANTOS; PINHO, 2007). Em 2007, Maidana e Yang (MAIDANA; YANG, 2007) propuseram um modelo baseado em um sistema de equações diferenciais de reação-difusão para descrever a interação entre os seres humanos e os mosquitos. Em (ANDRAUD et al., 2012) é apresentada uma revisão sistemática de abordagens estruturais de modelos epidemiológicos dinâmicos para transmissão da dengue.

2.1 Matemática e a Epidemiologia

A epidemiologia é denominada como o estudo da frequência e distribuição dos eventos de saúde e dos seus determinantes nas populações humanas, e a aplicação deste estudo na prevenção e controle dos problemas de saúde (OPAS, 2010). Através desse estudo é possível estudar diferentes comportamentos de epidemias originárias de doenças infecciosas, podendo-se desse modo, tomar medidas de prevenção e controle.

Existem vários tipos de doenças, dependendo do seu tipo de mecanismo de transmissão, onde podemos destacar as doenças infecciosas causadas por agentes bacterianos como os vírus, parasitas, fungos, bactérias, e vários outros.

A epidemiologia matemática consiste em utilizar modelos matemáticos para fazer projeções sobre uma determinada doença. Porém, para construir um modelo matemático é preciso levar em consideração as variáveis mais relevantes e fazer escolhas adequadas de parâmetros para que este represente de maneira satisfatória o comportamento da doença e que seja possível utilizá-lo para auxiliar nas projeções. Quanto mais variáveis e parâmetros forem considerados no modelo, mais complexo se torna a sua análise.

É importante definir alguns conceitos para entendermos a construção dos modelos epidemiológicos.

- *Indivíduos Suscetíveis*: caracteriza-se pela classe de indivíduos suscetíveis à infecção, incluindo os passivamente imunes quando perdem sua imunidade ou, ainda, recém-nascidos cuja mãe nunca foi infectada e, deste modo, não transmitiu imunidade (RODRIGUES, 2012).
- *Indivíduos Latentes (ou Expostos)*: indivíduo que encontra-se infectado, no entanto, não apresenta sinais de infecção e a abundância do patógeno é considerada baixa para que possa ocorrer a transmissão (RODRIGUES, 2012).

- *Indivíduos Infeciosos*: o indivíduo que se encontra na classe de infectados, possui um nível de parasitas suficientemente grande para levar a transmissão da infecção para indivíduos suscetíveis (GIESECKE, 2017).
- *Indivíduos Recuperados (Removidos)*: no grupo de recuperados, encontram-se todos os indivíduos que foram infectados e se recuperaram (RODRIGUES, 2012).
- *Período de Latência*: É o tempo que transcorre desde a infecção até o início do período infeccioso (GIESECKE, 2017). No caso de doenças não transmissíveis, a terminologia difere um pouco e se considera que este período de latência corresponde ao período que transcorre entre o desenvolvimento da doença subclínica até a apresentação de sintomas (OPAS, 2010).
- *Período de Incubação*: É o tempo que transcorre desde a infecção até a apresentação dos sintomas (GIESECKE, 2017).
- *Período de Transmissão*: É o tempo em que o indivíduo é capaz de transmitir a doença, estando ou não com sintomas (OPAS, 2010).
- *Mortalidade Induzida pela Doença*: É a variável característica das comunidades de seres vivos, os quais refere-se ao grupo de indivíduos que morreram em um dado intervalo de tempo (GIESECKE, 2017).
- *Vacinação*: Caracterizado pela preparação de uma droga, que contém micro-organismos vivos, mortos ou frações deles, aplicada nos indivíduos suscetíveis com o objetivo de imunizá-los contra a doença (OPAS, 2010).
- *Surto*: Caracterizado pelo aumento inesperado do número de infectados em uma região específica (OPAS, 2010).
- *Endemia*: Caracterizada pela ocorrência de uma determinada doença que acomete de maneira sistemática populações em espaços característicos e determinados, durante um extenso período, e que mantém uma incidência relativamente constante, possibilitando variações cíclicas e sazonais (OPAS, 2010).
- *Epidemia*: Caracterizada pela ocorrência excessiva de casos de natureza semelhante em uma mesma comunidade ou região (OPAS, 2010).
- *Pandemia*: Caracterizada por um epidemia em larga escala, atingindo diversos países, até mesmo continentes (OPAS, 2010).
- *Transmissão Horizontal*: a transmissão horizontal ocorre entre o membro que coexiste na população hospedeira, ela pode ser direta ou indireta. A transmissão

direta ocorre por aproximação física, que pode ser por meio de espirro, tosse, beijo, contato sexual, ou por meio de parasita que penetra no hospedeiro através da ingestão ou na pele. Já a transmissão indireta envolve vetores intermediários ou portadores da infecção (KEELING; ROHANI, 2008).

- *Transmissão Vertical*: a transmissão vertical acontece quando a transmissão direta ocorre de um ascendente para um descendente ainda não nascido, podendo ser um óvulo ou embrião (KEELING; ROHANI, 2008).

2.2 Modelo Matemático

Um modelo matemático que representa um determinado problema, seja ele físico, biológico ou social, é formado por uma ou mais equações matemáticas que relacionam as variáveis e parâmetros deste problema. A partir do estudo do modelo obtido é possível, por exemplo, fazer previsões e sugerir qual a melhor direção a ser tomada (BOYCE; DIPRIMA, 2002).

Os modelos matemáticos epidemiológicos tem por objetivo estudar o comportamento de uma determinada doença. Eles são divididos em compartimentos que podem levar em consideração o estado no qual os indivíduos se encontram em relação ao desenvolvimento e característica da doença e/ou outros aspectos que se pretende estudar.

Alguns modelos matemáticos epidemiológicos que destacam-se na literatura são:

- SI (Suscetíveis-Infeciosos);
- SIS (Suscetíveis-Infeciosos-Suscetíveis);
- SIR (Suscetíveis-Infeciosos-Removidos);
- SIRS (Suscetíveis-Infeciosos-Removidos-Suscetíveis);
- SEIR (Suscetíveis-Expostos-Infeciosos-Removidos).

Estes modelos são representados por diagramas compartimentais e na sequência serão brevemente apresentados.

2.2.1 Modelo SI

O modelo SI (Suscetível-Infecioso), formado por dois compartimentos, considera que em uma população existam somente pessoas suscetíveis à doença ou pessoas infecciosas. A dinâmica consiste em um indivíduo suscetível que após adquirir a doença já pode infectar outros indivíduos e, ainda, ele permanecerá sempre nesta classe, ou seja, nunca se recuperará da doença. Por esse motivo, o modelo se adapta melhor

a doenças as quais não possuem cura, tais como o HIV (KEELING; ROHANI, 2008) (ALLEN, 1994).



Figura 4: Representação compartimental do Modelo SI.

Fonte: Elaborado pela autora.

2.2.2 Modelo SIS

O modelo SIS (Suscetível-Infeccioso-Suscetível), separa a população em suscetíveis e infecciosos. A dinâmica consiste em um indivíduo suscetível que após adquirir a doença já pode infectar outros indivíduos e, depois de um período, ele volta a ser um indivíduo suscetível. Este modelo é adequado para diversas doenças em que a recuperação do indivíduo não o torna imune e, como exemplos, podemos citar doenças transmitidas por bactérias, como tuberculose, meningite, gonorreia e sífilis (BRAUER; CHAVEZ, 2012) (HERBERT, 1976).



Figura 5: Representação compartimental do Modelo SIS.

Fonte: Elaborado pela autora.

2.2.3 Modelo SIR

O modelo SIR (Suscetível-Infeccioso-Recuperado), proposto em 1927 por Kermack e Mckendrick (KERMACK; MCKENDRICK, 1927), o qual é associado a doenças nas quais um indivíduo suscetível que após adquirir a doença já pode infectar outros indivíduos e, depois de um período, ele se recupera ou morre e passa para a classe dos removidos, não sendo mais suscetível à doença. Este modelo é usado para doenças onde, após a infecção e recuperação, o indivíduo torna-se imune e, como exemplos, podemos citar doenças como o sarampo, varicela e a rubéola, mais frequentes na infância (KEELING; ROHANI, 2008)(ROCHA, 2012).

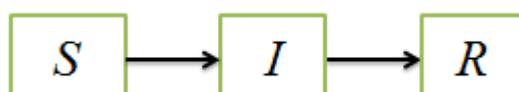


Figura 6: Representação compartimental do Modelo SIR.

Fonte: Elaborado pela autora.

2.2.4 Modelo SIRS

O modelo SIRS (Suscetível-Infecioso-Recuperado-Suscetível) também foi proposto por Kermarck e Mckendrick, em 1933, para descrever infecções epidêmicas.

É um modelo idêntico ao SIR, porém aplicável a casos onde a imunidade adquirida pelo indivíduo ao se recuperar não é permanente ou até mesmo não gera proteção total, deste modo o indivíduo volta a ser suscetível depois de um determinado período (KEELING; ROHANI, 2008). Este tipo de modelo é mais utilizado para estudar a dinâmica da infecção da gripe (ROCHA, 2012).

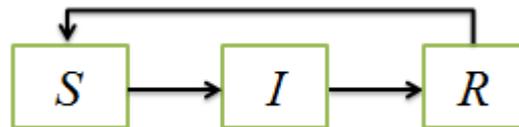


Figura 7: Representação compartimental do Modelo SIRS.

Fonte: Elaborado pela autora.

2.2.5 Modelo SEIR

O modelo SEIR (Suscetível-Exposto-Infecioso-Recuperado) possui um compartimento chamado de expostos e nele são considerados os indivíduos que já foram infectados, porém, ainda não estão transmitindo a doença (FERREIRA, 2021), ou seja, há um período entre a infecção e a eliminação do agente causador da doença. Quando este período é relativamente longo, ele pode influenciar significativamente nas previsões do modelo SIR, sendo necessário levar em conta a classe dos expostos.



Figura 8: Representação compartimental do Modelo SEIR.

Fonte: Elaborado pela autora.

2.3 Número Básico de Reprodução

Um parâmetro muito importante dentro da epidemiologia é o número básico de reprodução, normalmente denotado por R_0 . Ele é um parâmetro adimensional e representa o número médio de indivíduos que são infectados por um indivíduo durante seu período infeccioso quando ele é introduzido em uma população completamente suscetível.

Se $R_0 < 1$, cada onda de infecção terá menos indivíduos infectados em relação a inda anterior e, assim, a doença tende a desaparecer. Se $R_0 = 1$ o número de infectados é sempre o mesmo e, portanto, temos uma endemia. Se $R_0 > 1$, haverá

um número cada vez maior de pessoas infectadas, ou seja, haverá uma epidemia (GIESECKE, 2017). Um resumo dos valores de R_0 pode ser visto na Tabela 2.

Tabela 2: Cenários Epidemiológicos de acordo com o R_0 .

$R_0 < 1$	a doença tende a desaparecer
$R_0 = 1$	a doença se tornará endêmica
$R_0 > 1$	haverá uma epidemia

Fonte: GIESECKE, 2017.

Portanto, o número básico de reprodução é um parâmetro com grande potencial para ser utilizado como índice de vigilância epidemiológica, caracterizando os diferentes cenários para os valores de R_0 . A Tabela 3 apresenta valores estimados de R_0 para algumas doenças.

Tabela 3: Valores estimados para R_0 de algumas doenças infecciosas.

Doença	Local e Ano do Surto	Valor de R_0
Dengue	Fortaleza, Brasil/2003	2.0
Zika	Barranquilla, Colômbia/2025	3.8
Febre Amarela	Assunção, Paraguai/2008	4.1
Chikungunya	México/2015	3.44
Ebola	Guiné/2014	1.51
COVID-19	China/2020	3.28

Fonte: AMORIM, 2020.

Há várias maneiras de determinar o R_0 . Neste trabalho utilizaremos o método da Matriz Próxima Geração, introduzido em (RODRIGUES, 2012).

2.3.1 Matriz Próxima Geração

A Matriz Próxima Geração, denotada por \mathcal{M} , é a matriz quadrada

$$\mathcal{M} = FV^{-1}, \quad (1)$$

onde cada entrada da matriz F pode ser vista como uma função densidade de probabilidade para novas infecções e as entradas da matriz V representam os fluxos de saída e entrada de indivíduos, devido qualquer motivo que não sejam novas infecções.

O R_0 da doença pode ser obtido por

$$R_0 = \rho(\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}), \quad (2)$$

onde:

- \mathcal{F} e \mathcal{V} , representam as matrizes Jacobianas de F e V, respectivamente;
- \mathcal{V}^{-1} é a matriz inversa da matriz Jacobiana \mathcal{V} ;
- $\rho(\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}) = \max\{|\lambda|; \lambda \text{ é o autovalor de } \mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}\}$ e é chamado de raio espectral.

2.4 O uso do Controle dos Mosquitos como estratégia de controle

No Brasil, são utilizadas três formas de controle populacional do vetor, denominadas de controle químico por larvicida e adulticida e controle mecânico, que é realizada por meio da remoção dos criadouros (DONALISIO; GLASSER, 2002). Apesar de serem indispensáveis, os controles feitos com inseticidas acabam gerando a resistência da população de mosquitos (MACORIS et al., 1997) (BRAGA; VALLE, 2007) e impacto ambiental, muitas vezes comprometendo a efetividade da aplicação (BARRETO, 2005).

Segundo estudos com base na biologia do mosquito, a fase de mais fácil controle é a aquática, que é quando as larvas e pupas do mosquito estão restritas a recipientes confinados, antes da forma de mosquito alado. Assim a remoção e destruição de criadouros é a maneira mais eficiente de controlar da doença. Uma vez que o mosquito possui hábitos urbanos, a participação sistemática dos cidadãos no controle das populações do mosquito é indispensável (TERRALAB, 2023).

2.5 O uso da Vacina como estratégia de controle

O conceito de imunidade e a medição da imunidade induzida por vacinas são centrais para a epidemiologia de doenças infecciosas (GIESECKE, 2017).

Um aspecto de proteção induzida por vacina que é particular à epidemiologia de doenças infecciosas é que a vacinação, pelo menos na grande parte dos casos, não protege somente o sujeito vacinado, mas também as pessoas ao seu redor, devido a sua exposição ao patógeno diminuir. Então, se tivermos uma quantidade suficiente de pessoas vacinadas na população, a quantidade de exposição aos ainda não vacinados diminuirá a um ponto em que as epidemias não poderão mais ser sustentadas, e assim, teremos a imunidade de rebanho nessa população. Esse conceito de imunidade indireta de proteção de outras pessoas sendo vacinadas é importante quando se quer medir o efeito de uma vacina sobre os indivíduos. (GIESECKE, 2017)

A maneira ideal de medir a eficácia da vacina, é por meio de um ensaio clínico randomizado e controlado regular, onde um grupo de indivíduos é dividido em dois grupos, sendo que um grupo recebe a vacina e o outro recebe placebo. Os dois grupos são acompanhados por um período de tempo e o número de casos são contados, então é calculado a incidência para ambos os grupos, dividindo o número de casos pelo número de pessoas-meses ou pessoas-anos (GIESECKE, 2017).

Em 1760, o matemático suíço Daniel Bernoulli publicou um estudo sobre o impacto da imunização com a varíola bovina na expectativa de vida da população imunizada (SCHERER; MCLEAN, 2002). O processo de proteção de indivíduos contra a infecção por imunização tornou-se rotina, tendo um sucesso histórico na redução tanto de mortalidade quanto de morbidade. O impacto da vacinação pode ser considerado não somente como uma medida de proteção individual, mas também como coletivo. Embora a proteção individual direta seja o principal foco de um programa de vacinação em massa, os efeitos na população também contribuem de forma indireta para outra proteção individual por meio da imunidade de rebanho, a qual fornece proteção também para os indivíduos desprotegidos (FARRINGTON, 2003).

2.6 O uso de Mídias Sociais como estratégia de controle

A mobilização social para o enfrentamento da dengue e o controle do *Aedes aegypti* tem sido um desafio mundial. Alguns fatores como a verticalidade do Programa de Controle, foco no vetor e culpabilização do morador contribuem para o baixo engajamento da população. No modelo de controle atual que é direcionado à população o papel de ser somente espectadora nas ações realizadas pelos profissionais de saúde (CLARO; TOMASSINI; ROSA, 2004; RANGEL-S, 2008; SILVA; MALLMANN; VASCONCELOS, 2015).

Dessa modo, com o intuito de contribuir com uma abordagem onde a população atue como protagonista no controle da dengue e do seu vetor, foi elaborada uma Proposta de Vigilância Comunitária em Saúde, onde visa à criação de comitês populares, os quais se encontram localizados em escolas da rede pública estadual de ensino de Minas Gerais, sendo compostos por alunos, pais, professores e membros da comunidade, possuindo como tarefa atuar na perspectiva do território (MAFRA; CHAVES; LOWEN; CAMARGO, 2015; LIMA, 2016; FERNANDES et al., 2017). Elaborando o diagnóstico local e o planejamento de ações de enfrentamento a dengue e a proliferação do vetor, contribuindo para a criação de ambientes favoráveis à saúde, qualidade de vida e bem-estar.

Os princípios da promoção da saúde, empoderamento e participação social são entendidos como os caminhos para fortalecer o protagonismo da população (SICOLI; NASCIMENTO, 2003; ARREAZA; MORAES, 2010; VASCONCELOS; OLIVEIRA-

COSTA; MENDONÇA, 2016).

Para a Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS, 2004), a eficácia de iniciativas promovam a saúde está diretamente relacionada à sua capacidade de induzir engajamento comunitário, estimulando através da participação da população no processo de reconfiguração do território, o qual ocupa um lugar fundamental nas ações promotoras de saúde e de equidade (MAFRA; CHAVES; LOWEN; CAMARGO, 2015; LIMA, 2016; FERNANDES et al., 2017).

3 MODELO EPIDEMIOLÓGICO DA DENGUE

Neste capítulo é apresentado um modelo que contém seis compartimentos mutuamente exclusivos, baseado nas pesquisas de RODRIGUES (2012) e AMORIM (2020), apropriado à realidade da dengue.

A notação utilizada no modelo matemático inclui três estados epidemiológicos para a população de humanos:

S_h : a população de humanos suscetíveis;

I_h : a população de humanos infectados;

R_h : a população de humanos recuperados.

Neste modelo, considera-se: que o total da população humana $N_h(t)$ é constante, ou seja, $N_h(t) = N_h$ e $N_h = S_h(t) + I_h(t) + R_h(t)$ a qualquer momento t ; que a população é homogênea, ou seja, cada indivíduo interage com outro no mesmo nível e todos os indivíduos tem a mesma chance de contrair a doença; não há imigração e emigração; humanos nascem suscetíveis.

Além das três variáveis anteriores, temos outras três, que estão diretamente relacionadas as fêmeas dos mosquitos *Aedes aegypti*:

A_m : a população de mosquitos na fase aquática (incluindo ovos, pupas e larvas);

S_m : a população de mosquitos suscetíveis;

I_m : a população de mosquitos infectados.

Considera-se: que a população de mosquitos não se recupera pois o tempo de vida dele é curto; que cada mosquito tem a mesma probabilidade de picar qualquer humano; que a população de mosquitos da fase aquática é suscetível e que não há transmissão vertical, isto é, um mosquito infectado não pode transmitir a doença aos seus ovos.

Serão analisadas 3 situações: o controle na população dos mosquitos por meio de campanhas de limpeza (controle mecânico), larvicidas e adulticidas; controle através da vacinação dos humanos; controle com o auxílio de mídias sociais.

3.1 Modelo epidemiológico da dengue com controle na população dos mosquitos

Inicialmente, no modelo matemático são consideradas estratégias de controles na população dos mosquitos por meio de campanhas de limpeza (controle mecânico), larvicidas e adulticidas. Assim, através destes parâmetros, é possível estudar a influência deles na redução de pessoas infectadas pela dengue e encontrar a melhor estratégia para diminuir o número de humanos infectados.

Para possibilitar uma análise dos efeitos das campanhas no combate à doença, são introduzidos três parâmetros de controle na população de mosquitos. São eles:

- $c_A(t)$: mortalidade induzida pelo larvicida, $0 \leq c_A \leq 1$;
- $c_m(t)$: mortalidade induzida pelo adulticida, $0 \leq c_m \leq 1$;
- $\alpha(t)$: fração de indivíduos da fase aquática que escapam do controle mecânico, $0 < \alpha < 1$.

O controle através de larvicidas, c_A , possui como alvo os mosquitos imaturos que vivem na água antes de se tornarem adultos. O tratamento focal é feito com a aplicação de um produto larvicida diretamente nos depósitos positivos para formas imaturas de mosquitos que não podem ser eliminados de forma mecânica (ZARA et al., 2016). Segundo (LACEY, 2007) e (MITTAL, 2003), uma bactéria do solo, *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti), demonstrou ter uma alta eficácia contra organismos-alvo, principalmente em larvas de mosquitos e é aplicada por meio do solo ou através do ar em ambientes onde existem larvas. Essa bactéria é utilizada devido ao fato de que quando ela é aplicada de maneira adequada, praticamente não possui efeito em organismos não-alvo.

Já o controle através de adulticidas, c_m , é necessário quando as populações de mosquitos não podem mais serem tratadas em seu estágio larval. O tratamento Peri focal é feito através da aplicação de uma camada de adulticida de ação residual nas paredes externas dos criadouros localizados em pontos estratégicos, por meio de aspersor manual. Ele é indicado para localidades recém-infestadas como medida complementar ao tratamento focal em pontos estratégicos (ZARA et al., 2016).

O controle mecânico, implícito no parâmetro α , tem como objetivo realizar práticas capazes de eliminar o vetor e os criadouros, ou até mesmo reduzir o contato do mosquito com o humano. De modo geral, esse controle envolve a proteção, a destruição ou a destinação adequada de criadouros, drenagem de reservatórios e instalação de telas em janelas e portas (ZARA et al., 2016).

Para entender melhor a dinâmica da doença, a Figura 9 esquematiza as saídas e entradas de cada compartimento do modelo.

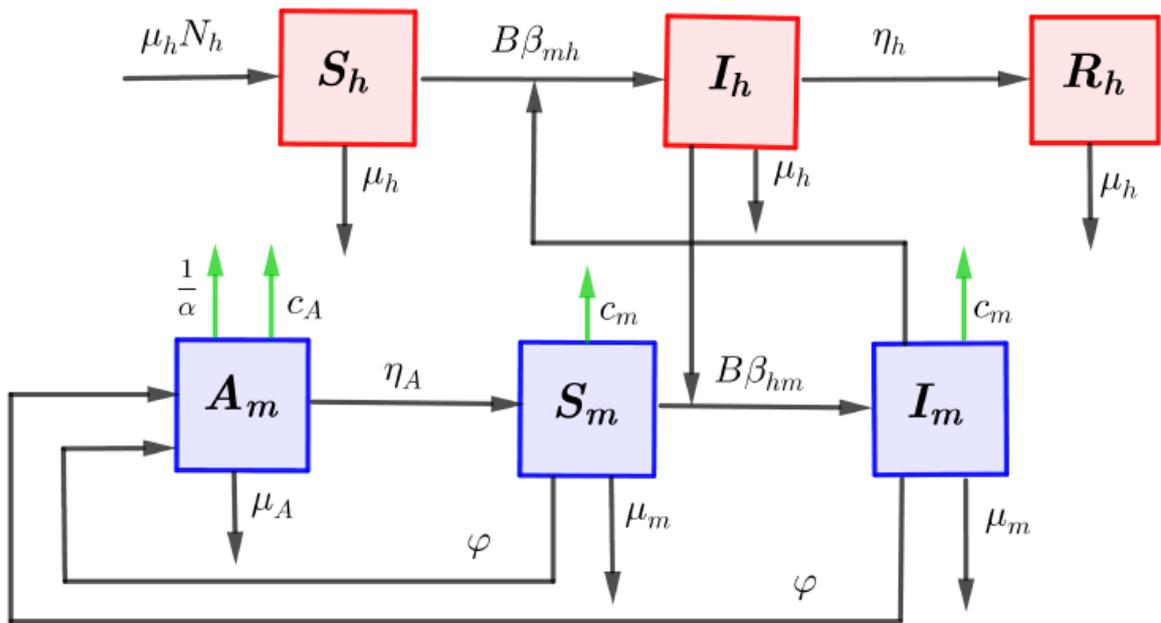


Figura 9: Modelo epidemiológico SIR+ASI.

Fonte: AMORIM, 2020.

O significado de cada parâmetro é dado por:

$\mu_h N_h$: taxa de recrutamento da população humana;

μ_h : taxa de mortalidade natural para humanos;

μ_m : taxa de mortalidade natural para mosquitos na fase adulta;

μ_A : taxa de mortalidade natural para mosquitos na fase aquática;

B : média de picadas do mosquito (por dia);

β_{mh} : probabilidade de transmissão (por picada) de mosquitos infectados para humanos;

β_{hm} : probabilidade de transmissão (por picada) de humanos infectados para mosquitos;

φ : número de ovos em cada depósito per capita (por dia);

η_h : taxa de recuperação da população humana;

η_A : taxa de maturação das larvas para o adulto (por dia);

k : número de larvas por humano;

O modelo matemático resultante do esquema representado pela Figura 9 é um sistema de equações diferenciais ordinárias, não linear, dado por:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \left(B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} + \mu_h \right) S_h \\ \frac{dI_h}{dt} = B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} S_h - (\eta_h + \mu_h) I_h \\ \frac{dR_h}{dt} = \eta_h I_h - \mu_h R_h \\ \frac{dA_m}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{\alpha k N_h} \right) (S_m + I_m) - (\eta_A + \mu_A + c_A) A_m \\ \frac{dS_m}{dt} = \eta_A A_m - \left(B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} + \mu_m + c_m \right) S_m \\ \frac{dI_m}{dt} = B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} S_m - (\mu_m + c_m) I_m \end{array} \right. \quad (3)$$

O sistema (3) está sujeito às seguintes condições iniciais:

$$\begin{aligned} S_h(0) &= S_{h0}, & I_h(0) &= I_{h0}, & R_h(0) &= R_{h0}, \\ A_m(0) &= A_{m0}, & S_m(0) &= S_{m0}, & I_m(0) &= I_{m0}. \end{aligned}$$

Na sequência, os pontos de equilíbrio e o número de reprodução básico do modelo SIR+ASI são apresentados.

3.1.1 Pontos de Equilíbrio do modelo SIR+ASI

Conhecer o comportamento e as propriedades das soluções de um modelo é importante para auxiliar na tomada de decisões. Uma das soluções que um modelo pode apresentar é a **solução de equilíbrio**, que não varia à medida que a variável independente varia. Isto quer dizer que, para determinar as soluções de equilíbrio de um sistema de EDO's, é preciso considerar a derivada de cada equação como sendo nula (BOYCE; DIPRIMA, 2002). Um **ponto de equilíbrio** consiste no conjunto de coordenadas, onde cada coordenada é representada pela solução de equilíbrio referente a cada variável dependente do sistema.

Neste trabalho, como as variáveis dependentes representam as populações de humanos e mosquitos, então soluções de equilíbrio negativas serão desconsideradas e, portanto, se considerará apenas pontos de equilíbrio **biologicamente viáveis**, ou seja, os que tem sentido biológico.

Assim, para determinar os pontos de equilíbrio biologicamente viáveis do sistema

(3), é preciso determinar S_h, I_h, R_h, A_m, S_m e I_m , não negativos, que satisfaçam todas as equações

$$\left\{ \begin{array}{l} \mu_h N_h - \left(B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} + \mu_h \right) S_h = 0 \\ B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} S_h - (\eta_h + \mu_h) I_h = 0 \\ \eta_h I_h - \mu_h R_h = 0 \\ \varphi \left(1 - \frac{A_m}{\alpha k N_h} \right) (S_m + I_m) - (\eta_A + \mu_A + c_A) A_m = 0 \\ \eta_A A_m - \left(B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} + \mu_m + c_m \right) S_m = 0 \\ B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} S_m - (\mu_m + c_m) I_m = 0 \end{array} \right. \quad (4)$$

Ao resolver o sistema (4), encontra-se três pontos de equilíbrio **biologicamente viáveis**:

- Equilíbrio livre da doença sem a presença de mosquitos (E_1^*), que será desconsiderado devido a não existência de vetor;
- Equilíbrio livre da doença com a presença de mosquitos (E_2^*);
- Equilíbrio Endêmico (E_3^*).

Além destes três pontos existe um outro ponto de equilíbrio com componentes negativas, que não é biologicamente viável, e portanto será desconsiderado (AMORIM, 2020).

Como este sistema é um sistema não linear e autônomo, podemos estudar o comportamento das soluções que estão próximas de cada um desses pontos de equilíbrio fazendo a linearização do sistema em torno de cada ponto de equilíbrio. Esta linearização resulta em novo sistema, agora linear, cuja matriz é a matriz Jacobi-ana aplicada em cada ponto de equilíbrio.

A matriz Jacobiana para o sistema (3) é dada por

$$J = \begin{bmatrix} J_{11} & 0 & 0 & 0 & 0 & -B\beta_{mh}\frac{S_h}{N_h} \\ B\beta_{mh}\frac{I_m}{N_h} & -(\eta_h + \mu_h) & 0 & 0 & 0 & B\beta_{mh}\frac{S_h}{N_h} \\ 0 & \eta_h & -\mu_h & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & J_{44} & J_{45} & J_{46} \\ 0 & -B\beta_{hm}\frac{S_m}{N_h} & 0 & \eta_A & J_{55} & 0 \\ 0 & B\beta_{hm}\frac{S_m}{N_h} & 0 & 0 & B\beta_{hm}\frac{I_h}{N_h} & -(\mu_m + c_m) \end{bmatrix} \quad (5)$$

onde

$$J_{11} = -\left(B\beta_{mh}\frac{I_m}{N_h} + \mu_h\right),$$

$$J_{44} = -\left(\frac{\varphi(S_m + I_m)}{\alpha k N_h} + \eta_A + \mu_A + c_A\right),$$

$$J_{45} = \varphi\left(1 - \frac{A_m}{\alpha k N_h}\right),$$

$$J_{46} = \varphi\left(1 - \frac{A_m}{\alpha k N_h}\right),$$

$$J_{55} = -\left(B\beta_{hm}\frac{I_h}{N_h} + \mu_m + c_m\right).$$

A seguir, será analisada a estabilidade dos pontos de equilíbrio E_2^* e E_3^* .

- *Equilíbrio livre da doença com a presença de mosquitos*

Este ponto de equilíbrio é dado por

$$E_2^* = (N_h, 0, 0, A_m^*, S_m^*, 0) \quad (6)$$

onde

$$A_m^* = \frac{[\eta_A\varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)]\alpha k N_h}{\eta_A\varphi}$$

$$S_m^* = \frac{[\eta_A\varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)]\alpha k N_h}{(\mu_m + c_m)\varphi}.$$

Para que este ponto de equilíbrio seja biologicamente viável é necessário que

$$\eta_A\varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) > 0. \quad (7)$$

Neste caso, descarta-se a possibilidade $\eta_A\varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) = 0$ pois teria-se o ponto de equilíbrio E_1^* .

Observa-se que, para este ponto de equilíbrio, tanto os humanos quanto os mosquitos estão presentes no ambiente, porém não há vírus circulando.

A matriz Jacobiana (5), aplicada neste ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(E_2^*) = \begin{vmatrix} -\mu_h & 0 & 0 & 0 & 0 & -B\beta_{mh} \\ 0 & -(\eta_h + \mu_h) & 0 & 0 & 0 & B\beta_{mh} \\ 0 & \eta_h & -\mu_h & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m} & \frac{(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)}{\eta_A} & \frac{(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)}{\eta_A} \\ 0 & J_{52}(E_2^*) & 0 & \eta_A & -(\mu_m + c_m) & 0 \\ 0 & J_{62}(E_2^*) & 0 & 0 & 0 & -(\mu_m + c_m) \end{vmatrix},$$

onde

$$J_{52}(E_2^*) = -\frac{[\eta_A \varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)]B\beta_{hm}\alpha k}{(\mu_m + c_m)\varphi},$$

$$J_{62}(E_2^*) = \frac{[\eta_A \varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)]B\beta_{hm}\alpha k}{(\mu_m + c_m)\varphi}.$$

A equação característica é dada por $p(\lambda) = \det(J(E_2^*) - \lambda I) = 0$ que, na forma expandida, pode ser escrita como:

$$p(\lambda) = \begin{vmatrix} -\mu_h - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & -B\beta_{mh} \\ 0 & -(\eta_h + \mu_h) - \lambda & 0 & 0 & 0 & B\beta_{mh} \\ 0 & \eta_h & -\mu_h - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m} - \lambda & \frac{(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)}{\eta_A} & \frac{(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)}{\eta_A} \\ 0 & J_{52}(E_2^*) & 0 & \eta_A & -(\mu_m + c_m) - \lambda & 0 \\ 0 & J_{62}(E_2^*) & 0 & 0 & 0 & -(\mu_m + c_m) - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

ou seja,

$$(-\mu_h - \lambda)(-(\eta_h + \mu_h) - \lambda)(-\mu_h - \lambda) \left(-\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m} - \lambda \right) (-(\mu_m + c_m) - \lambda)(-(\mu_m + c_m) - \lambda) = 0$$

Organizando os termos, obtém-se:

$$[\mu_h + \lambda]^2 [(\eta_h + \mu_h) + \lambda] \left(-\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m} - \lambda \right) [(\mu_m + c_m) + \lambda]^2 = 0.$$

Assim, os autovalores associados ao ponto E_2^* são os seguintes:

$$\begin{aligned}\lambda_1 &= \lambda_2 = -\mu_h, \\ \lambda_3 &= -(\eta_h + \mu_h), \\ \lambda_4 &= -\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m}, \\ \lambda_5 &= \lambda_6 = -(\mu_m + c_m).\end{aligned}$$

Como os autovalores são negativos, então o ponto de equilíbrio E_2^* é *assintoticamente estável*

- *Equilíbrio Endêmico*

Este ponto de equilíbrio é dado por

$$E_3^* = (S_h^*, I_h^*, R_h^*, A_m^*, S_m^*, I_m^*)$$

onde

$$S_h^* = \frac{[\mu_h B \beta_{hm} + (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)](\mu_m + c_m) \varphi N_h}{[(\eta_A \varphi - (\eta_A + \mu_A)(\mu_m + c_m)) \alpha k B \beta_{mh} + (\mu_m + c_m) \mu_h \varphi] B \beta_{hm}},$$

$$I_h^* = \frac{[(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi] \alpha k \mu_h B^2 \beta_{mh} \beta_{hm} N_h + (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)^2 \mu_h \varphi N_h}{[((\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi) \alpha k B \beta_{mh} - (\mu_m + c_m) \mu_h \varphi] (\eta_h + \mu_h) B \beta_{hm}},$$

$$R_h^* = \frac{[(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi] \alpha k \eta_h B^2 \beta_{mh} \beta_{hm} N_h + (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)^2 \eta_h \varphi N_h}{[((\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi) \alpha k B \beta_{mh} - (\mu_m + c_m) \mu_h \varphi] (\eta_h + \mu_h) B \beta_{hm}},$$

$$A_m^* = \frac{[\eta_A \varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)] \alpha k N_h}{\eta_A \varphi},$$

$$S_m^* = \frac{[\eta_A \varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)] \alpha k B \beta_{mh} + (\mu_m + c_m) \mu_h \varphi (\eta_h + \mu_h) N_h}{[\mu_h B \beta_{hm} + (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)] \varphi B \beta_{mh}},$$

$$I_m^* = \frac{[\eta_A \varphi - (\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m)] \alpha k \mu_h B^2 \beta_{mh} \beta_{hm} N_h - (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)^2 \mu_h \varphi N_h}{[\mu_h B \beta_{hm} + (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)] (\mu_m + c_m) \varphi B \beta_{mh}}.$$

Observe que, neste caso, as duas populações existem e o vírus está circulando no ambiente pois há tanto humanos quanto mosquitos infectados.

A matriz Jacobiana (5), aplicada neste ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(E_3^*) = \begin{bmatrix} J_{11}(E_3^*) & 0 & 0 & 0 & 0 & J_{16}(E_3^*) \\ J_{21}(E_3^*) & -(\eta_h + \mu_h) & 0 & 0 & 0 & J_{26}(E_3^*) \\ 0 & \eta_h & -\mu_h & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m} & J_{45}(E_3^*) & J_{46}(E_3^*) \\ 0 & J_{52}(E_3^*) & 0 & \eta_A & J_{55}(E_3^*) & 0 \\ 0 & J_{62}(E_3^*) & 0 & 0 & J_{65}(E_3^*) & -(\mu_m + c_m) \end{bmatrix}$$

onde:

$$J_{11} = -\left(B\beta_{mh} \frac{I_m^*}{N_h} + \mu_h\right),$$

$$J_{16} = -B\beta_{mh} \frac{S_h^*}{N_h},$$

$$J_{21} = B\beta_{mh} \frac{I_m^*}{N_h},$$

$$J_{26} = B\beta_{mh} \frac{S_h^*}{N_h},$$

$$J_{45} = \varphi \left(1 - \frac{A_m^*}{\alpha k N_h}\right),$$

$$J_{46} = \varphi \left(1 - \frac{A_m^*}{\alpha k N_h}\right),$$

$$J_{52} = -B\beta_{hm} \frac{S_m^*}{N_h},$$

$$J_{55} = -\left(B\beta_{hm} \frac{I_h^*}{N_h} + \mu_m + c_m\right),$$

$$J_{62} = B\beta_{hm} \frac{S_m^*}{N_h},$$

$$J_{65} = B\beta_{hm} \frac{I_h^*}{N_h},$$

A equação característica é dada por $p(\lambda) = \det(J(E_3^*) - \lambda I) = 0$, que, na forma expandida, pode ser escrita como:

$$p(\lambda) = \begin{vmatrix} J_{11}(E_3^*) - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & J_{16}(E_3^*) \\ J_{21}(E_3^*) & -(\eta_h + \mu_h) - \lambda & 0 & 0 & 0 & J_{26}(E_3^*) \\ 0 & \eta_h & -\mu_h - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m} - \lambda & J_{45}(E_3^*) & J_{46}(E_3^*) \\ 0 & J_{52}(E_3^*) & 0 & \eta_A & J_{55}(E_3^*) - \lambda & 0 \\ 0 & J_{62}(E_3^*) & 0 & 0 & J_{65}(E_3^*) & -(\mu_m + c_m) - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

Logo,

$$p(\lambda) = (J_{11}(E_3^*) - \lambda)(-(\eta_h + \mu_h) - \lambda)(-\mu_h - \lambda) \left(-\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m} - \lambda \right) (J_{55}(E_3^*) - \lambda)(-(\mu_m + c_m) - \lambda)$$

onde:

$$J_{11}(E_3^*) = \frac{[(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi] \alpha k \mu_h B^2 \beta_{mh} \beta_{hm} - (\mu_m + c_m) \mu_h^2 \varphi B \beta_{hm}}{[\mu_h B \beta_{hm} + (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)](\mu_m + c_m) \varphi}$$

$$J_{55}(E_3^*) = -\frac{[(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi] [\mu_h B \beta_{hm} + (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)] \alpha k B \beta_{mh}}{[(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi] (\eta_h + \mu_h) \alpha k B \beta_{mh} - (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m) \mu_h \varphi}.$$

Assim, os autovalores associados ao ponto E_3^* são:

$$\lambda_1 = \frac{[(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi] \alpha k \mu_h B^2 \beta_{mh} \beta_{hm} - (\mu_m + c_m) \mu_h^2 \varphi B \beta_{hm}}{[\mu_h B \beta_{hm} + (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)](\mu_m + c_m) \varphi},$$

$$\lambda_2 = -(\eta_h + \mu_h),$$

$$\lambda_3 = -\mu_h,$$

$$\lambda_4 = -\frac{\eta_A \varphi}{\mu_m + c_m},$$

$$\lambda_5 = -\frac{[(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi] [\mu_h B \beta_{hm} (\eta_h + \mu_h) (\mu_m + c_m) \alpha k B \beta_{mh}]}{[(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi] (\eta_h + \mu_h) \alpha k B \beta_{mh} - (\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m) \mu_h \varphi},$$

$$\lambda_6 = -(\mu_m + c_m).$$

Assim, o ponto E_3^* é assintoticamente estável se $(\eta_A + \mu_A + c_A)(\mu_m + c_m) - \eta_A \varphi < 0$. Portanto, E_3^* é estável sempre que E_2^* for biologicamente viável.

Na sequência é apresentado o cálculo do número básico de reprodução R_0 , para o modelo dado pelo sistema (3), utilizando o método da matriz próxima geração.

3.1.2 Número de Reprodução Básico do modelo SIR+ASI

Conforme a Seção 2.3, considerando somente os compartimentos epidemiológicos que denotam novas infecções I_h e I_m , e reescrevendo na forma $\frac{dx}{dt} = F - V$:

$$F = \begin{bmatrix} B \beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} S_h \\ B \beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} S_m \end{bmatrix}, \quad V = \begin{bmatrix} (\eta_h + \mu_h) I_h \\ (\mu_m + c_m) I_m \end{bmatrix}.$$

As matrizes Jacobianas são:

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} 0 & B\beta_{mh}\frac{S_h^*}{N_h} \\ B\beta_{hm}\frac{S_m^*}{N_h} & 0 \end{bmatrix}, \quad \mathcal{V} = \begin{bmatrix} \eta_h + \mu_h & 0 \\ 0 & \mu_m + c_m \end{bmatrix}.$$

Assim,

$$\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{B\beta_{mh}S_h^*}{(\mu_m + c_m)N_h} \\ \frac{B\beta_{hm}S_m^*}{(\eta_h + \mu_h)N_h} & 0 \end{bmatrix}.$$

Da Subsecção 2.3.1, a matriz $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$ resulta da produção total de novas infecções durante o período de uma infecção. O maior autovalor fornece o crescimento mais rápido da população infectada, o que quer dizer que R_0 é o raio espectral da matriz $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$ em um ponto de equilíbrio. Assim, determinando os autovalores ξ da matriz $\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}$:

$$\det(\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} - \xi I) = 0$$

$$\begin{vmatrix} -\xi & \frac{B\beta_{mh}S_h^*}{(\mu_m + c_m)N_h} \\ \frac{B\beta_{hm}S_m^*}{(\eta_h + \mu_h)N_h} & -\xi \end{vmatrix} = 0$$

e, portanto, a equação característica é dada por:

$$\xi^2 - \frac{B^2\beta_{mh}\beta_{hm}S_h^*S_m^*}{(\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)N_h^2} = 0$$

e suas raízes são:

$$\xi = \pm \left(\frac{B^2\beta_{mh}\beta_{hm}S_h^*S_m^*}{(\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)N_h^2} \right)^{\frac{1}{2}}.$$

De (2), obtém-se

$$R_0 = \left(\frac{B^2\beta_{mh}\beta_{hm}S_h^*S_m^*}{(\eta_h + \mu_h)(\mu_m + c_m)N_h^2} \right)^{\frac{1}{2}}.$$

O modelo possui duas populações diferentes, sendo elas, hospedeiro e vetor, e o número básico de reprodução deve de refletir na infecção transmitida do hospedeiro para o vetor, ou do vetor para o hospedeiro.

O número reprodutivo básico R_0 pode ser escrito como $R_0 = (R_{hm} \times R_{mh})^{\frac{1}{2}}$ onde

$$R_{hm} = \frac{B\beta_{hm}S_m}{N_h(\eta_h + \mu_h)} \text{ e } R_{mh} = \frac{B\beta_{mh}S_h}{N_h(c_m + \mu_m)}.$$

Em R_{hm} , o termo $\frac{B\beta_{hm}S_m}{N_h}$ representa o produto entre a probabilidade de transmissão da doença de humanos para mosquitos em uma população suscetível de vetores, e o termo $\frac{1}{\eta_h + \mu_h}$ representa o período virêmico humano.

Da mesma forma, em R_{mh} , o termo $\frac{B\beta_{mh}S_h}{N_h}$ descreve a transmissão da doença do mosquito para a população humana suscetível, e o termo $\frac{1}{c_m + \mu_m}$ representa a duração da vida de um mosquito adulto.

Se o $R_0 < 1$, temos que, em média, um indivíduo infectado é capaz de infectar menos de um novo indivíduo durante o curso de seu período infeccioso, e desse modo a doença não pode aumentar. Porém, se $R_0 > 1$, então cada indivíduo é capaz de infectar mais de uma pessoa, e assim, a doença pode invadir a população.

3.2 Modelo epidemiológico da dengue com controle dos mosquitos e vacinação dos humanos

O modelo epidemiológico apresentado no sistema de equações (3), foi adaptado para levar em consideração a vacinação da população, ficando esse sistema composto pelas seguintes equações (observa-se na cor vermelho a inserção dos novos termos no modelo):

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \left(B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} + \mu_h \right) S_h - \nu_h S_h \\ \frac{dI_h}{dt} = B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} S_h - (\eta_h + \mu_h) I_h \\ \frac{dR_h}{dt} = \eta_h I_h - \mu_h R_h \\ \frac{dV}{dt} = \nu_h S_h - \mu_h V \\ \frac{dA_m}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{\alpha k N_h} \right) (S_m + I_m) - (\eta_A + \mu_A + c_A) A_m \\ \frac{dS_m}{dt} = \eta_A A_m - \left(B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} + \mu_m + c_m \right) S_m \\ \frac{dI_m}{dt} = B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} S_m - (\mu_m + c_m) I_m \end{array} \right. \quad (8)$$

Esse sistema de equações com a variável da vacina é baseado nos estudos de (KURAUCHI, 2020). Nesse modelo, a população humana total $N_h(t)$ é dividida em quatro classes suscetíveis, infecciosos, recuperados e vacinados, onde:

- $S_h(t)$: representa os humanos suscetíveis;
- $I_h(t)$: representa os humanos infecciosos;
- $R_h(t)$: representa os humanos recuperados;
- $V(t)$: representa o índice de vacinados;

e a variável ν_h é a taxa de vacinação.

3.3 Modelo epidemiológico da dengue com controle dos mosquitos, vacinação dos humanos e uso de mídias sociais como estratégia de controle

O modelo epidemiológico apresentado no sistema de equações (8), foi adaptado para, além do controle dos mosquitos e da vacinação, levar em consideração o uso de mídias sociais como estratégia de controle, ficando esse sistema composto pelas seguintes equações (observa-se na cor azul a inserção dos novos termos no modelo):

$$\left\{ \begin{array}{l}
 \frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \left(B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} + \mu_h \right) S_h - \nu_h S_h - \beta M S_h + \delta A_h \\
 \frac{dI_h}{dt} = B\beta_{mh} \frac{I_m}{N_h} S_h - (\eta_h + \mu_h) I_h \\
 \frac{dR_h}{dt} = \eta_h I_h - \mu_h R_h \\
 \frac{dV}{dt} = \nu_h S_h - \mu_h V \\
 \frac{dA_m}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{\alpha k N_h} \right) (S_m + I_m) - (\eta_A + \mu_A + c_A) A_m \\
 \frac{dS_m}{dt} = \eta_A A_m - \left(B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} + \mu_m + c_m \right) S_m - \epsilon A_h S_m \\
 \frac{dI_m}{dt} = B\beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} S_m - (\mu_m + c_m) I_m - \epsilon A_h I_m \\
 \frac{dM}{dt} = \tau I_h - \tau_0 (M - M_0) \\
 \frac{dA_h}{dt} = \beta M S_h - \delta A_h - \mu_h A_h
 \end{array} \right. \quad (9)$$

O sistema de equações acima, onde é inserida, além dos dois controles anteriores, a variável do uso de mídia sociais, tem como base o estudo de (KALRA; RATTI, 2022).

Nesse modelo, a população humana total $N_h(t)$ é dividida em quatro classes suscetíveis, infecciosos, recuperados e consciente, onde:

- $S_h(t)$: representa os humanos suscetíveis;
- $I_h(t)$: representa os humanos infecciosos;
- $R_h(t)$: representa os humanos recuperados;
- $V(t)$: representa o índice de vacinados;
- $A_h(t)$: representa os humanos conscientes no que diz respeito à sua consciência ou estado de doença.

O vetor total da população $N_m(t)$ é dividida em duas classes: vetores suscetíveis $S_m(t)$ e vetores infectados $I_m(t)$.

No sistema (9), além das variáveis descritas previamente, $M(t)$ é o número de campanhas realizadas pela mídia para conscientizar as pessoas naquele momento. A variável β é a taxa de disseminação de programas de conscientização. Essa conscientização os ajuda a criar uma nova classe denominada classe ciente. Presume-se que a população consciente tomará todas as precauções para sua segurança e conseguirá fazê-lo; δ é a taxa em que a classe consciente perde a consciência devido ao desaparecimento da memória ou de algumas questões sociais; ϵ é a taxa na qual a população consciente se esforça para reduzir a população de vetores em vários esforços como drenagem adequada de água, limpeza, etc; τ é a taxa na qual os programas de conscientização através da mídia são executados; τ_0 é a taxa na qual esses programas declinam; M_0 é o número dos programas de linha de base mantidos no sistema.

As campanhas de mídia realizadas são consideradas dependentes do número de infectados na comunidade. A queda nas campanhas de mídia também estão incluídas no modelo. Essa descendência pode ser devido a causas sociais, razões psicológicas ou monotonicidade desses programas. Nem todos, exceto um certo número deles, são mantidos no sistema após algum tempo, pois são chances de presença de vetores infectados no sistema.

Está sendo assumido que hospedeiro e a população de vetores se mistura livremente e a doença se espalha apenas por contato direto. Mais ainda, é um doença transmitida por vetores. Portanto, para controlar a transmissão da doença, o controle vetorial é muito importante. Para isso, adicionamos inseticida como medida de controle no modelo.

4 RESULTADOS

Neste capítulo, apresentamos alguns resultados do modelo (3) e suas adaptações, modelos (8) e (9), obtidos a partir de simulações numéricas no *software* SCILAB, utilizando o método de Runge-Kutta de ordem 4.

4.1 Resultados encontrados para as simulações considerando o controle na população de mosquitos

Nesta seção são apresentados os resultados do modelo (3) que considera o controle na população de mosquitos.

Os parâmetros que descrevem a transmissão do vírus dengue para este modelo foram retirados de (AMORIM, 2020) e baseados em (RODRIGUES; MONTEIRO; TORRES, 2014), e são apresentados na Tabela 4. As condições iniciais consideradas foram:

$$\begin{aligned} S_h(0) &= 479990, & I_h(0) &= 10, & R_h(0) &= 0, \\ A_m(0) &= 480000k, & S_m(0) &= 480000m, & I_m(0) &= 0. \end{aligned}$$

Nas simulações foram variados os parâmetros α , c_A e c_m . Assim, ao variarmos o parâmetro α , estudamos a influência das campanhas de remoção dos locais de reprodução do mosquito na transmissão do vírus. O mesmo acontece quando variamos os parâmetros c_A e c_m que correspondem, respectivamente, à aplicação de larvicida e adulticida. Esses parâmetros estão nas seguintes equações do modelo:

$$\frac{dA_m}{dt} = \varphi \left(1 - \frac{A_m}{\alpha k N_h} \right) (S_m + I_m) - (\eta_A + \mu_A + c_A) A_m$$

$$\frac{dS_m}{dt} = \eta_A A_m - \left(B \beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} + \mu_m + c_m \right) S_m$$

$$\frac{dI_m}{dt} = B \beta_{hm} \frac{I_h}{N_h} S_m - (\mu_m + c_m) I_m$$

Tabela 4: Parâmetros do Modelo Epidemiológico $SIR + ASI$.

Descrição	Valor Usado
N_h : população humana	480.000
N_m : população dos mosquitos	6×480.000
μ_h : taxa de mortalidade natural para humanos	$\frac{1}{71 \times 365}$
μ_A : mortalidade natural de mosquitos (fase aquática)	$\frac{1}{4}$
μ_m : mortalidade natural de mosquitos (fase adulta)	$\frac{1}{10}$
η_h : taxa de recuperação de humanos	$\frac{1}{3}$
η_A : taxa de maturação das larvas	0.08
β_{hm} : probabilidade de transmissão de I_h para mosquito	0.375
β_{mh} : probabilidade de transmissão de I_m para humano	0.375
B : média de picadas do mosquito	0.8
φ : número de ovos em cada depósito	6
k : número de larvas por humano	3
m : número de mosquitos fêmeas por humano	6
c_A : proporção de larvicida	[0, 1]
c_m : proporção de adulticida	[0, 1]
α : proporção de controle mecânico	(0, 1]

Fonte: (AMORIM, 2020).

As Figuras 10 e 11 descrevem as populações humanas e de mosquitos na ausência de qualquer controle, respectivamente. Analisando os cenários, observa-se que o número de infecções humanas tem um pico entre 30 e 40 dias. Já a infecção de mosquitos tem um atraso quando comparado aos humanos, tendo o seu pico bem próximo dos 40 dias. Nesse caso, como não teve controle, todos os suscetíveis foram infectados e não houve mortes.

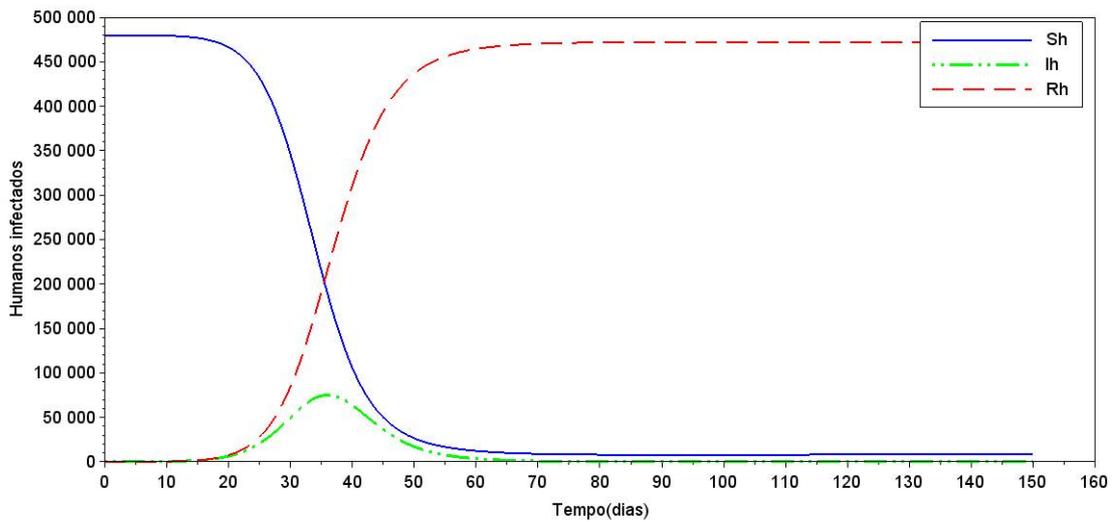


Figura 10: População humana sem controle.

Fonte: Elaborado pela autora.

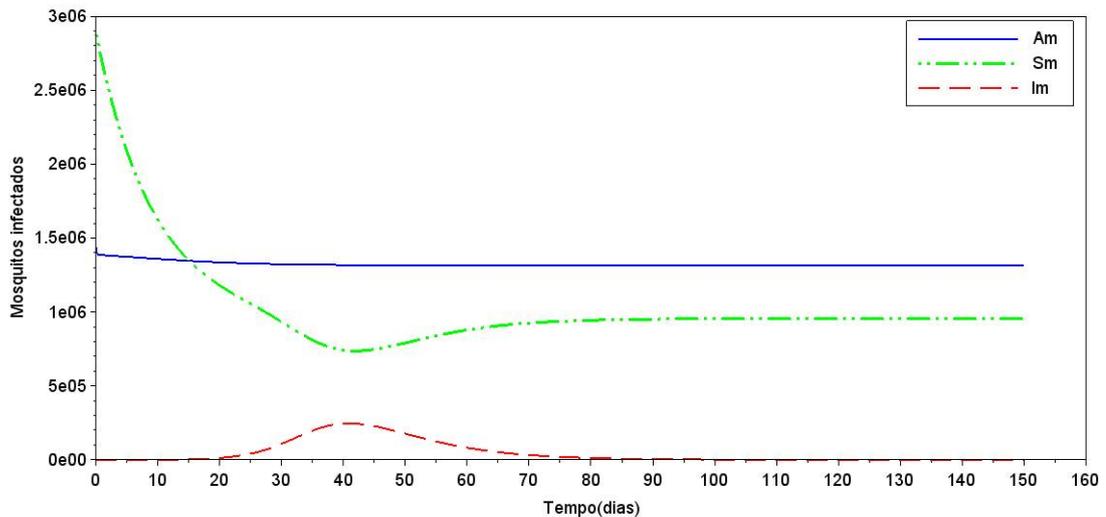


Figura 11: População de mosquitos sem controle.

Fonte: Elaborado pela autora.

A seguir, é apresentado um conjunto de simulações usando as diferentes medidas de controle na população dos mosquitos. Em cada figura somente um tipo de controle é utilizado continuamente, o que significa que outros controles não foram utilizados. As figuras 12 e 13 tratam do controle de larvicida, 14 e 15 do controle de adulticida, 16 e 17 do controle mecânico. Fazendo o uso de uma pequena quantidade de cada controle, nota-se que o número de pessoas infectadas diminui de maneira considerável. Apesar de todos os gráficos apresentarem cinco cenários, em alguns casos as curvas se aproximam tanto do zero que se tornam difíceis de serem diferenciadas.

Nas Figuras 12 e 13, é possível observar o comportamento dos humanos e dos mosquitos infectados quando há aplicação de diferentes proporções de larvicida, c_A . Nos cenários de 1 a 5 têm-se $c_A = 0; 0.25; 0.5; 0.75; 1$, respectivamente. O mesmo é realizado nas figuras 14 e 15 observando o controle com diferentes proporções de adulticida, c_m , considerando os cenários de 1 a 5 com $c_m = 0; 0.05; 0.1; 0.15; 1$, respectivamente.

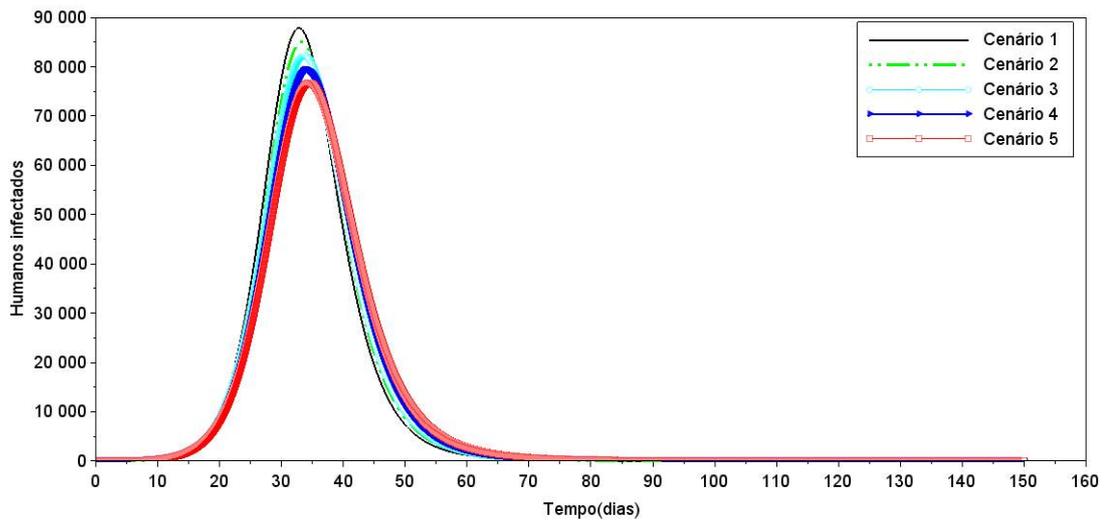


Figura 12: Humanos infectados com diferentes proporções de larvicida.

Fonte: Elaborado pela autora.

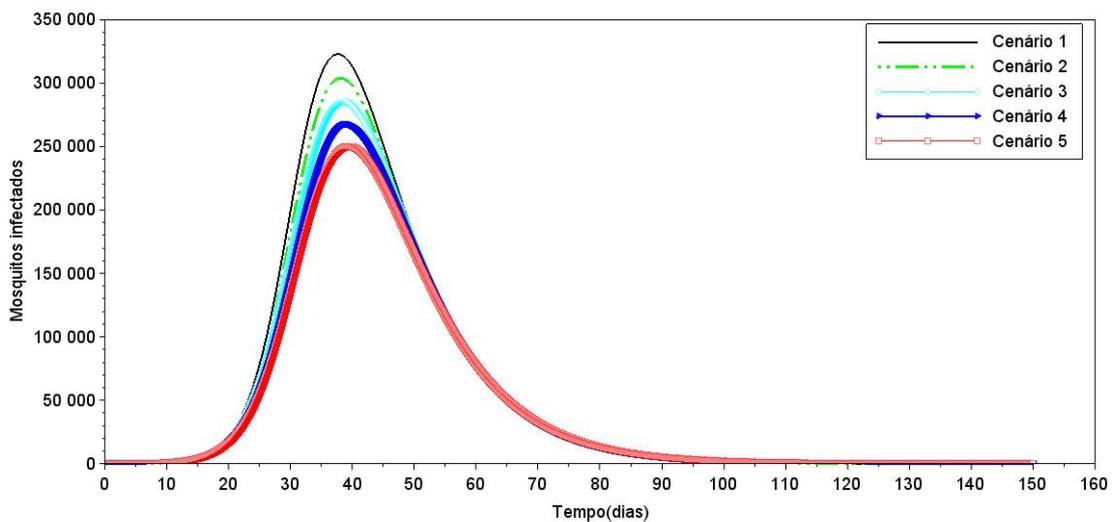


Figura 13: Insetos infectados com diferentes proporções de larvicida.

Fonte: Elaborado pela autora.

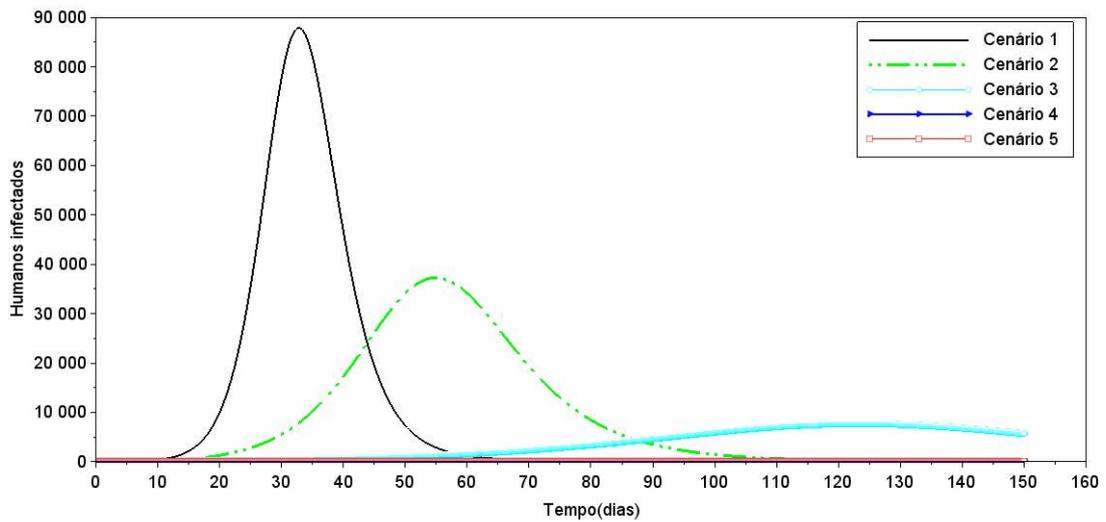


Figura 14: Humanos infectados com diferentes proporções de adulticida.
Fonte: Elaborado pela autora.

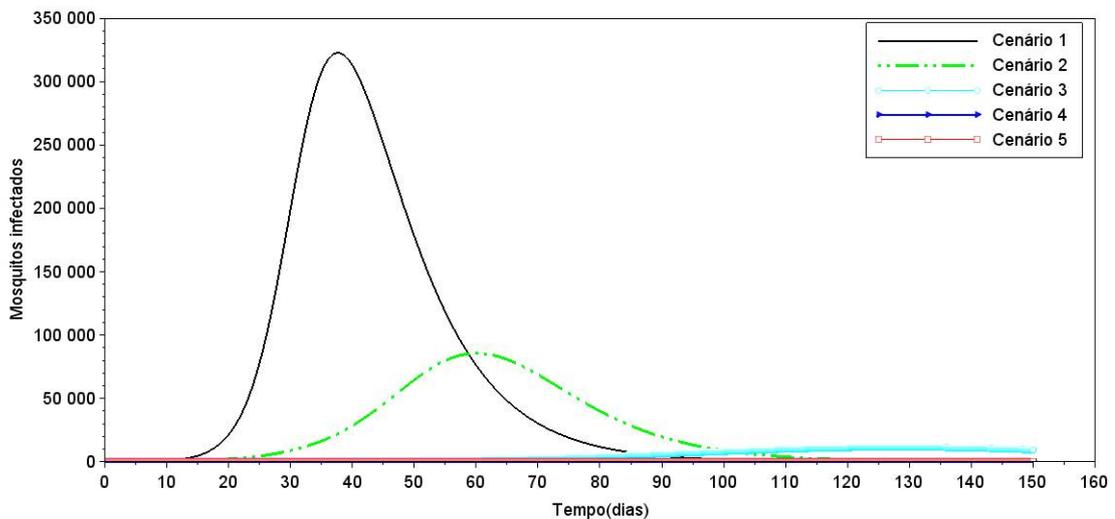


Figura 15: Insetos infectados com diferentes proporções de adulticida.
Fonte: Elaborado pela autora.

As Figuras 12 e 13 mostram que excelentes resultados para a população humana são obtidos cobrindo apenas 25% da população com inseticida para mosquitos adultos. As simulações foram feitas considerando que o *Aedes aegypti* não se torne resistente ao inseticida e que seja financeiramente possível aplicar inseticida durante todo o tempo.

Nota-se também que o adulticida foi o controle mais eficaz, visto que, com a baixa porcentagem de inseticida o número de humanos infectados foi menor. Porém, considerar um controle somente com adulticida é um tanto arriscado, uma vez que o uso

prolongado de adulticidas leva o mosquito a criar intolerância ao mesmo (Figuras 14 e 15).

Nas Figuras 16 e 17 é possível observar que conforme obtém-se um aumento dos níveis de campanhas educativas de prevenção, tem-se uma diminuição considerável de mosquitos e pessoas infectadas. Os cenários de 1 a 5 são definidos por $\alpha = 1; 0.75; 0.5; 0.25; 0.01$, respectivamente.

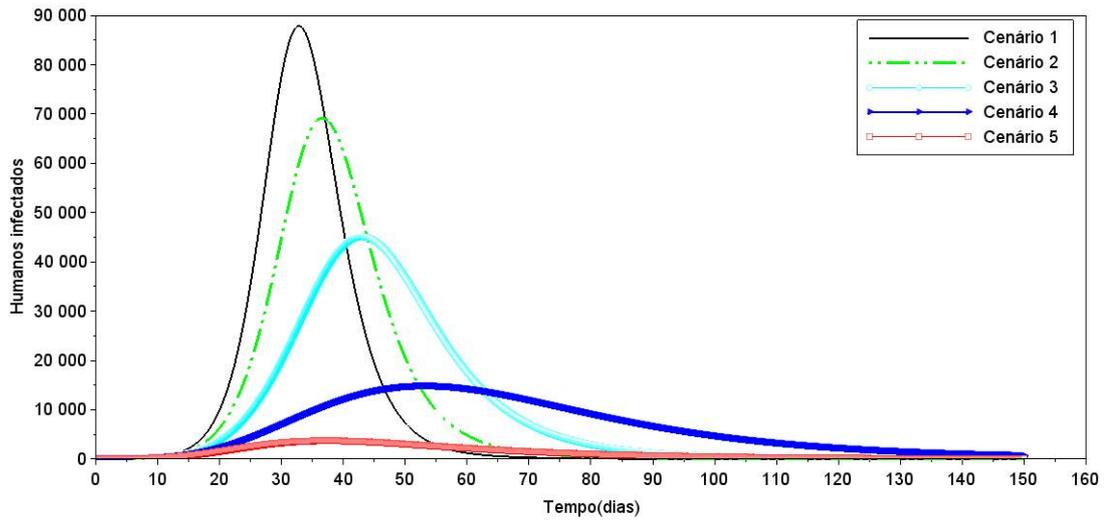


Figura 16: Humanos infectados com diferentes proporções de controle mecânico.

Fonte: Elaborado pela autora.

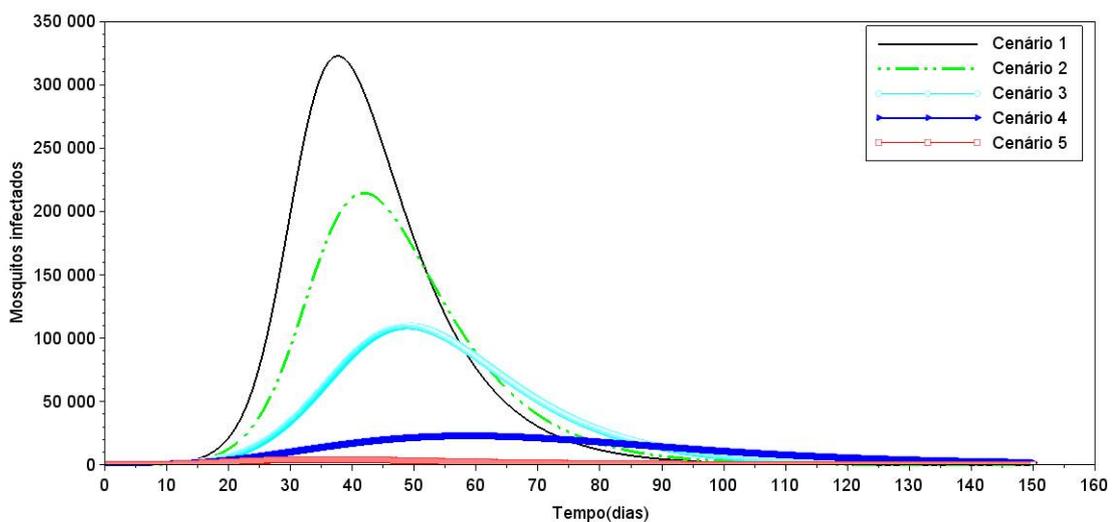


Figura 17: Mosquitos infectados com diferentes proporções de controle mecânico.

Fonte: Elaborado pela autora.

Nas figuras 18 e 19 foram utilizados para os cenários de 1 a 5 os valores de

$c_A = 0; 0.01; 0.05; 0.1; 0.15$, $c_m = 0; 0.01; 0.05; 0.1; 0.15$ e $\alpha = 1; 0.99; 0.95; 0.9; 0.85$, respectivamente. Observam-se diferentes simulações, todas com três proporções de controles diferentes. Nota-se que com a aplicação de 10% de cada controle é possível estabilizar o número de humanos e de mosquitos próximo de zero.

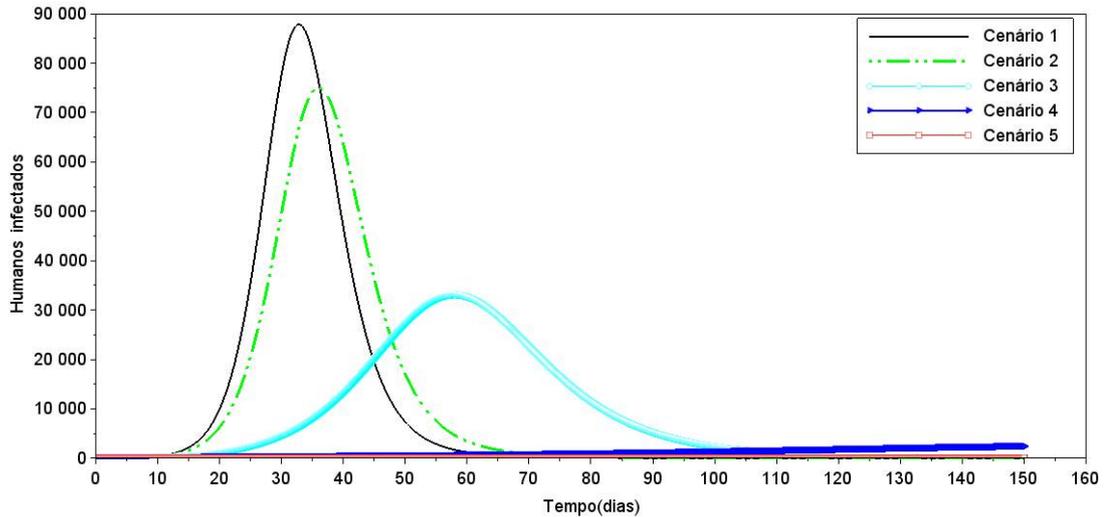


Figura 18: Humanos infectados com diferentes controles.

Fonte: Elaborado pela autora.

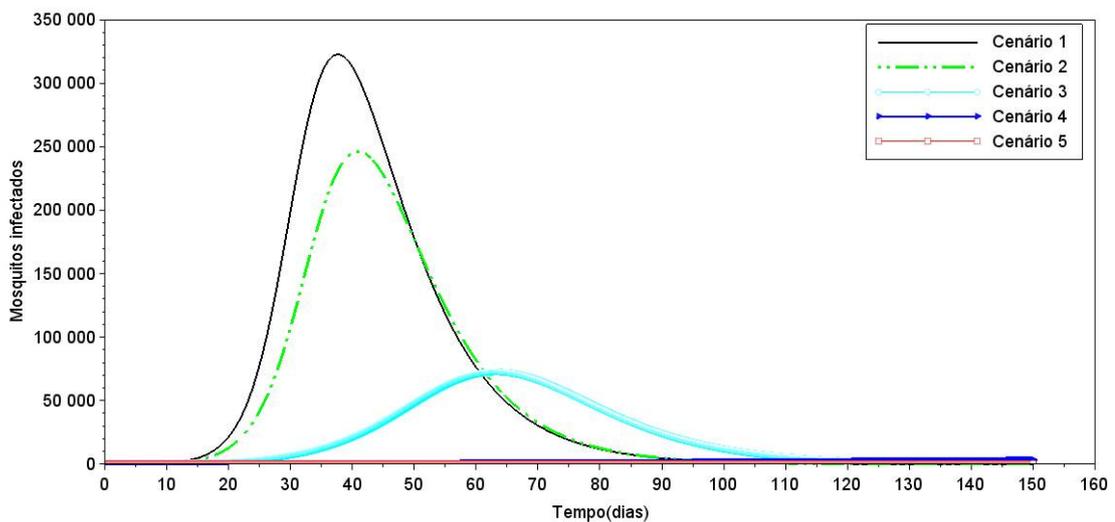


Figura 19: Mosquitos infectados com diferentes controles.

Fonte: Elaborado pela autora.

Para se ter uma redução considerável no número de humanos e de mosquitos infectados, basta aplicar somente 5% de cada controle com base nas simulações das figuras 18 e 19. Desse modo, fixando os valores dos controles em 5%, ou seja,

$c_A = c_m = 1 - \alpha = 0.05$, basta aplicá-los de modo simultâneo para que se encontre o comportamento das populações de humanos e de mosquitos, o que pode ser observado nas Figuras 20 e 21.

Note que com o controle de 5% nem todos os suscetíveis irão se contaminar, caso tivesse um controle 100% eficiente os suscetíveis nunca seriam contaminados e se manteriam constantes. Quanto mais eficiente o controle, menor a chance de um suscetível se tornar infectado.

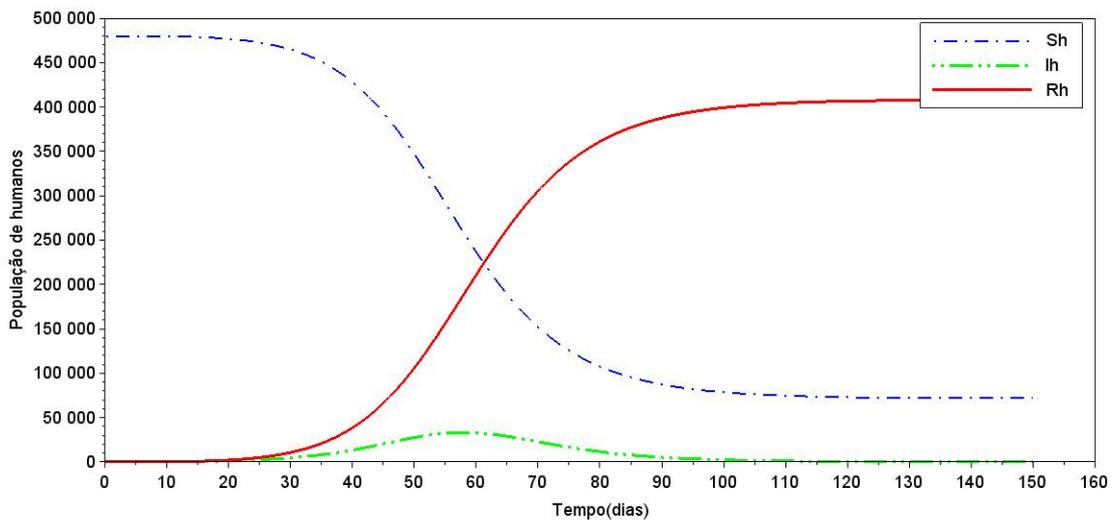


Figura 20: População humana com 5% de controle.

Fonte: Elaborado pela autora.

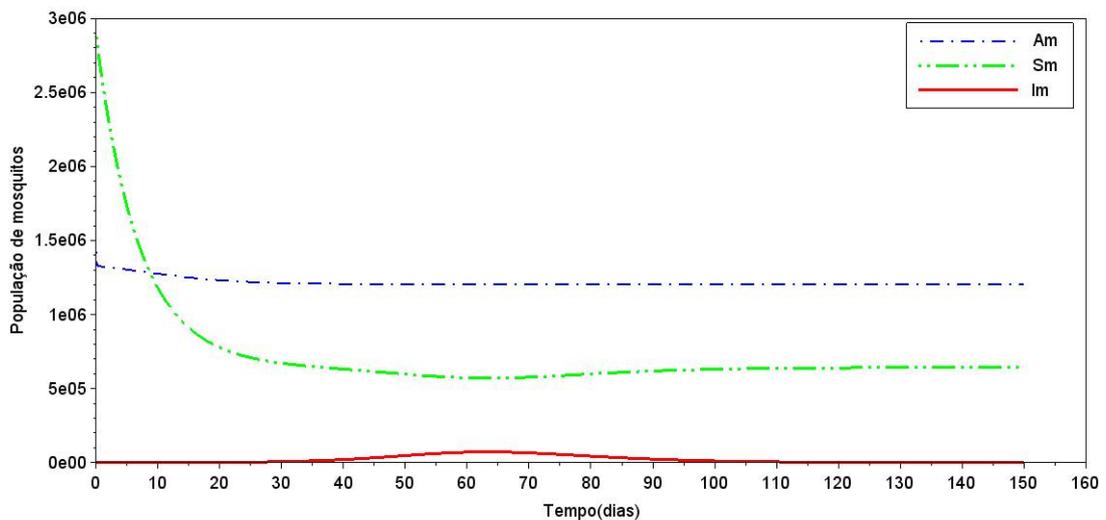


Figura 21: População de mosquitos com 5% de controle.

Fonte: Elaborado pela autora.

4.2 Resultados encontrados para as simulações considerando o controle na população de mosquitos e com a variável da vacina

Nesta seção são apresentados os resultados do modelo (8) que considera o controle na população de mosquitos e da vacinação. Foram utilizados os parâmetros que descrevem a transmissão do vírus da dengue apresentados na Tabela 4 e as condições iniciais consideradas foram:

$$S_h(0) = 479990, \quad I_h(0) = 10, \quad R_h(0) = 0, \\ A_m(0) = 480000k, \quad S_m(0) = 480000m, \quad I_m(0) = 0, \quad V(0) = 0.$$

Nas simulações, os valores para o controle do vetor foram mantidos constantes: $\alpha = 0,99$ e $c_A = c_m = 1 - \alpha$. Além disso, foi considerado que a vacina possui uma eficácia de 75%. Em cada cenário foram inseridos diferentes porcentagens de população vacinada, a saber:

- Cenário 1 - Sem vacinação
- Cenário 2 - 10 % de vacinados
- Cenário 3 - 20 % de vacinados
- Cenário 4 - 50 % de vacinados
- Cenário 5 - 100 % de vacinados

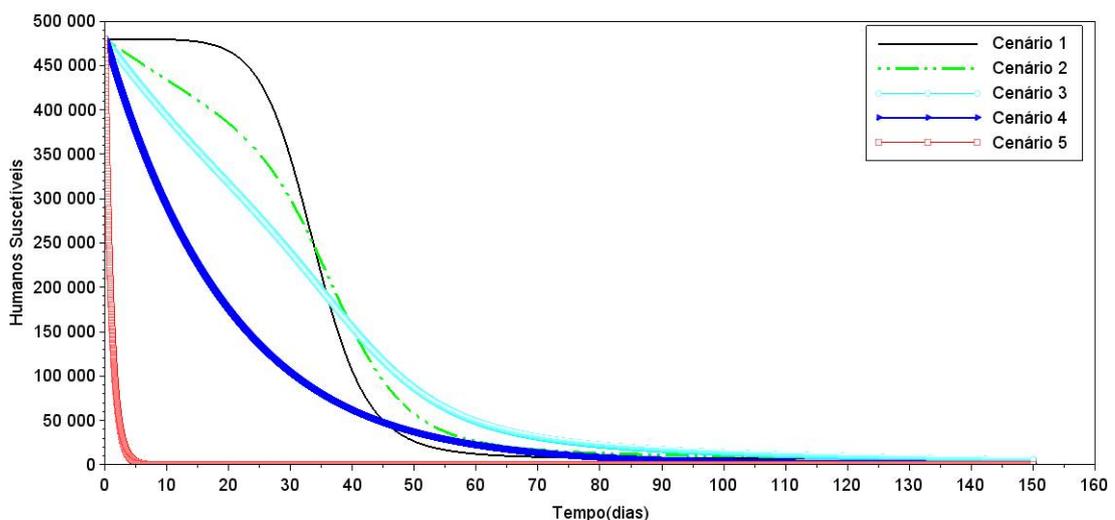


Figura 22: População de humanos suscetíveis com o uso da vacina.

Fonte: Elaborado pela autora.

Na Figura 22 é possível observar o comportamento da população de humanos suscetíveis com o uso da vacina. Verifica-se que a medida que mais pessoas são vacinadas, mais rapidamente estas deixam a classe dos suscetíveis.

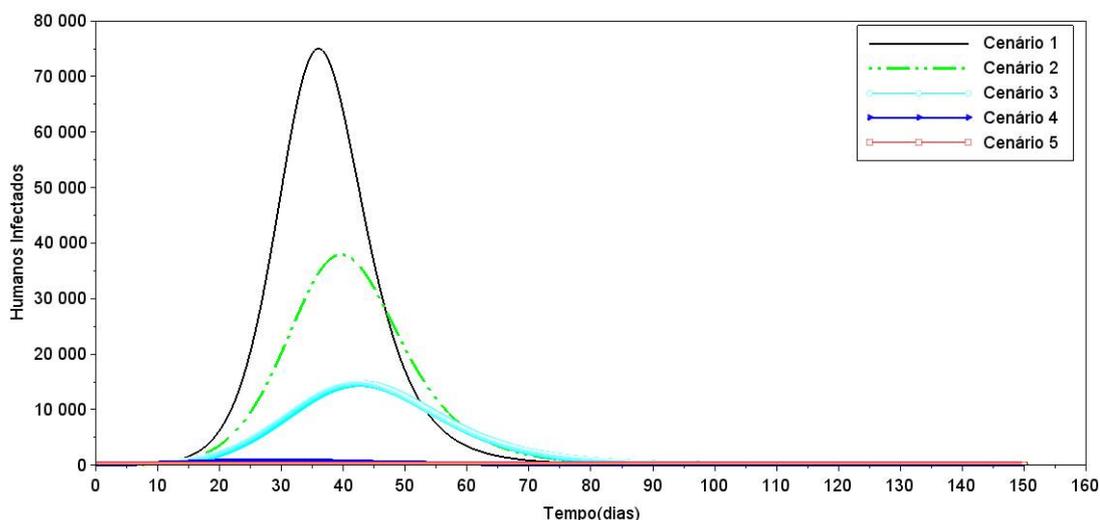


Figura 23: População de humanos infectados com o uso da vacina.

Fonte: Elaborado pela autora.

Na Figura 23 é possível notar que na ausência de vacinação, ocorre um aumento significativo no número de casos de infectados, atingindo aproximadamente 75.000 casos no pico, que ocorre após 35 dias. À medida que a população começa a ser vacinada, esses números diminuem consideravelmente, uma vez que as pessoas suscetíveis deixam de contrair a doença e adquirem imunidade. Vale ressaltar que no Cenário 5, onde todas as pessoas são vacinadas, não há casos de infectados.

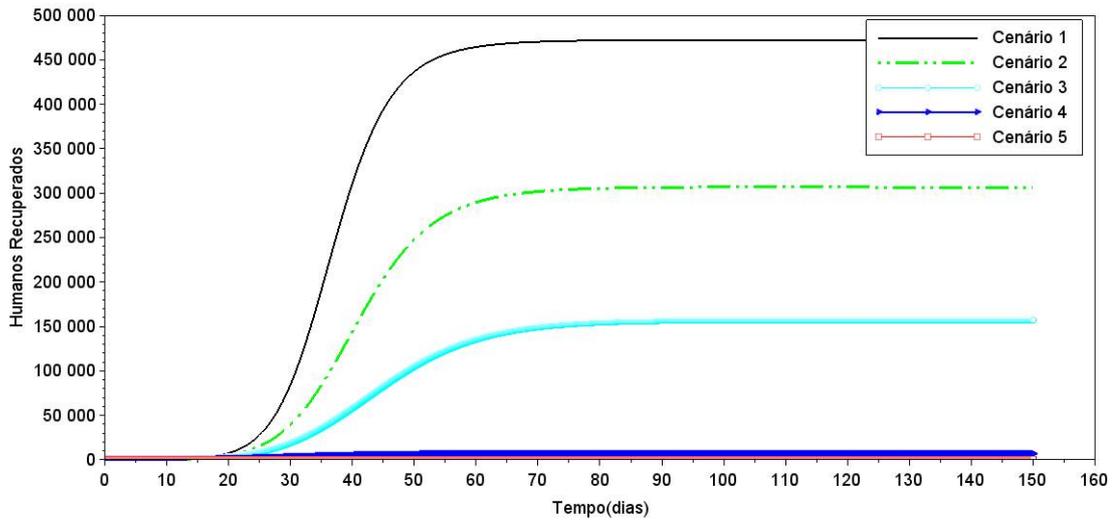


Figura 24: População de recuperados com o uso da vacina.

Fonte: Elaborado pela autora.

Na classe dos recuperados, note que como há uma alta contaminação quando não a vacinação, temos então um alto índice de recuperados, conforme mostrado na Figura 24.

4.3 Resultados encontrados para as simulações considerando o controle dos mosquitos, a vacinação e o uso de mídias sociais como estratégia de controle

Nesta seção são apresentados os resultados do modelo (9) que considera o controle na população de mosquitos, vacinação da população e uso de mídias sociais.

Foram utilizados os parâmetros que descrevem a transmissão do vírus da dengue apresentados na Tabela 4 e as condições iniciais consideradas foram:

$$\begin{aligned}
 S_h(0) &= 479990, & I_h(0) &= 10, & R_h(0) &= 0, \\
 A_m(0) &= 480000k, & S_m(0) &= 480000m, & I_m(0) &= 0, \\
 V(0) &= 0, & M(0) &= 0.
 \end{aligned}$$

Os demais parâmetros utilizados foram: $\tau = 0,0015$; $\tau_0 = 0,22$; $M_0 = 5$; $\alpha = 0,01$; $c_m = c_a = 0,99$.

Os cenários analisados foram:

- Cenário 1 - foi considerado somente o controle do mosquito
- Cenário 2 - foi considerado somente o controle por mídia

- Cenário 3 - foi considerado o controle por mídia e vacina

Para ter uma melhor compreensão do efeito de vários aspectos de programas iniciando a conscientização sobre a dinâmica da doença, variamos os parâmetros β e ϵ . Primeiramente, variamos β , a taxa de disseminação de programas de conscientização, de $\beta = 0,001$ (no cenário 1) a $\beta = 0,1$ (nos cenários 2 e 3). Ainda, o valor de ϵ , a taxa na qual a população consciente reduz população de vetores foi variado de $\epsilon = 0,0001$ (no cenário 1) para $\epsilon = 0,01$ (nos cenários 2 e 3).

Observe que no cenário 1, foi analisado o controle biológico do vetor para controlar a doença, e a mídia possui um valor bem reduzido. Ao espalhar a conscientização na população, pode-se conseguir controlar a doença utilizando uma menor quantidade de inseticida, salvando assim o meio ambiente de efeitos prejudiciais. Este tópico deverá ser investigado no futuro, de modo a confirmar a afirmação.

Cumpra observar que, apenas para uma melhor visualização dos resultados, os gráficos abaixo são apresentados com uma proporção $\approx (5 : 1000)$.

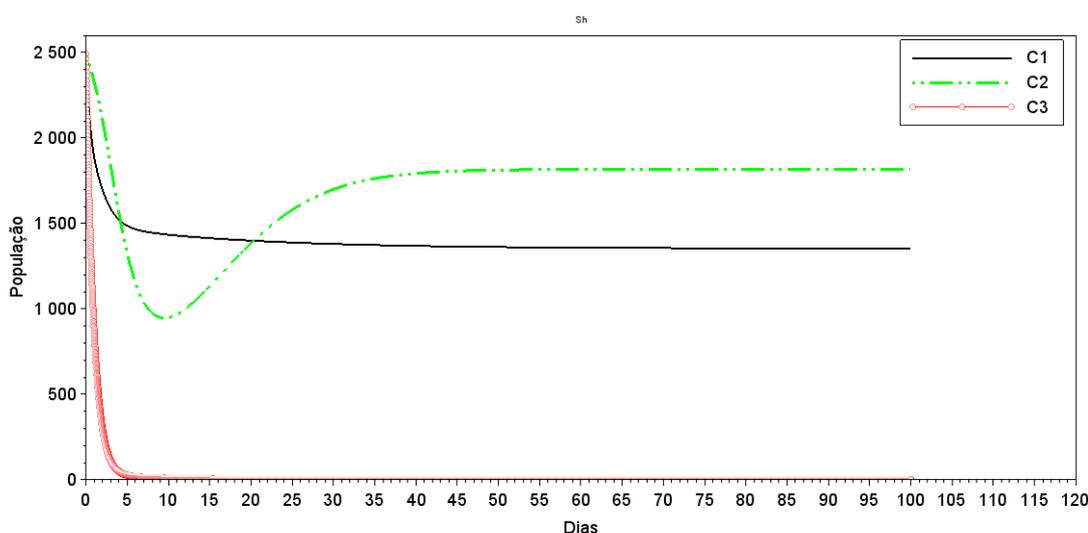


Figura 25: Com controle de Mídia e Vacina - Suscetíveis

Fonte: Elaborado pela autora.

Na Figura 25, pode-se observar a distribuição da classe dos suscetíveis em três cenários: sem controle, com controle por mídia e com controle por mídia e vacinação. No Cenário 1, a população entra em contato com mosquitos, e após um período de 5 a 10 dias, há uma intervenção para controlar a população de mosquitos. Isso resulta em uma redução da população de suscetíveis, que se mantém estável por algum tempo. No Cenário 2, é considerado o controle por mídia. Pode-se ver que, após a conscientização da população, há uma redução no número de suscetíveis. No entanto, esse efeito é temporário, pois após um período de tempo, devido ao esquecimento do

controle, o número de suscetíveis começa a aumentar novamente. No Cenário 3, onde é aplicado o controle por mídia e vacinação, verifica-se uma redução significativa no número de suscetíveis após aproximadamente 5 dias. A combinação da eficácia do controle por mídia e da vacinação resulta consistentemente na diminuição da quantidade de pessoas suscetíveis à doença.

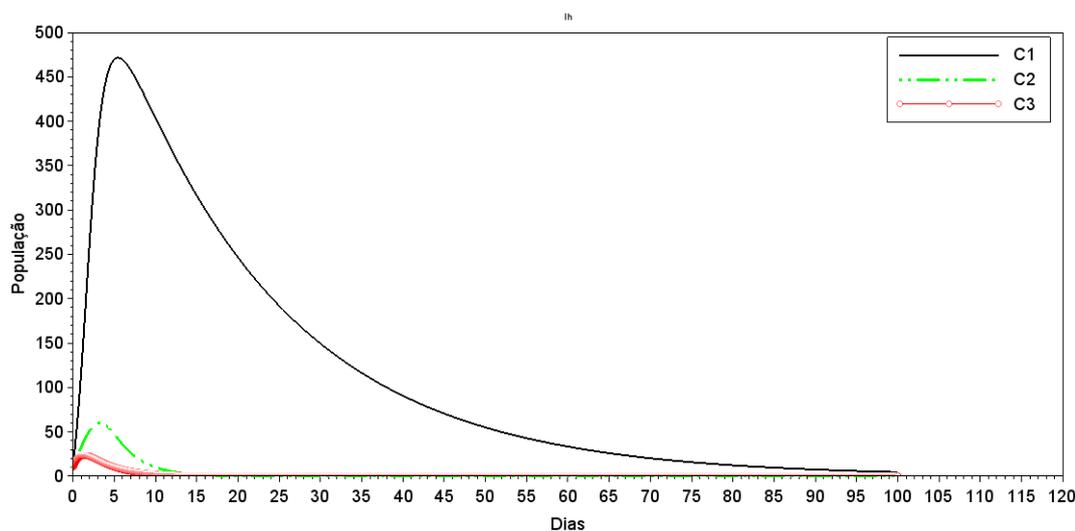


Figura 26: Com controle de Mídia e Vacina - Infectados

Fonte: Elaborado pela autora.

A Figura 26 evidencia a diferença significativa na dinâmica dos infectados nos diferentes cenários, destacando a importância de estratégias de controle, como conscientização e vacinação, na redução da propagação da doença. No Cenário 1, em que ocorre o controle dos mosquitos, o número de pessoas infectadas apresenta um aumento considerável, atingindo seu pico entre 5 e 10 dias. Isso indica que o controle dos mosquitos não é eficaz o suficiente para conter a propagação da doença, resultando em um alto número de infectados. No Cenário 2, observamos uma redução significativa no número de infectados. O pico é alcançado em torno de 5 dias, mostrando que a implementação de medidas de controle, como a conscientização por meio da mídia, tem um impacto positivo na redução da propagação da doença. Já no Cenário 3, onde são aplicadas medidas de controle combinadas, como vacinação e conscientização por mídia, o número de infectados é bastante baixo. Isso confirma a eficácia da vacinação e do papel da mídia na disseminação de informações preventivas. A combinação dessas estratégias resulta em um controle efetivo da doença, mantendo um baixo número de infectados ao longo do tempo.

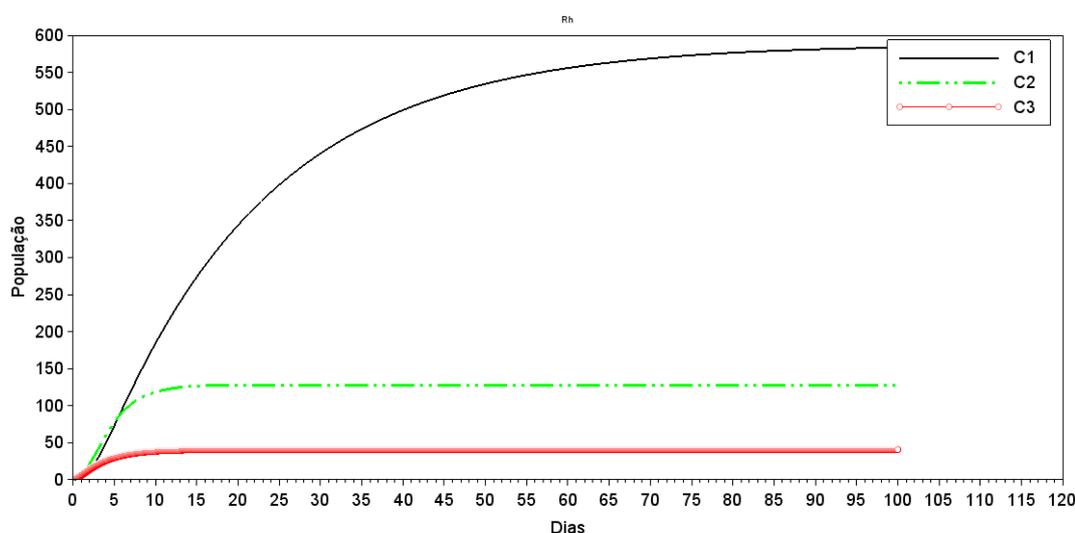


Figura 27: Com controle de Mídia e Vacina - Recuperados

Fonte: Elaborado pela autora.

Observa-se a relação entre o número de infectados e o número de recuperados nos diferentes cenários na Figura 27, onde, no Cenário 1, onde há um alto número de infectados, consequentemente, também é observado um grande número de recuperados. Isso ocorre devido à dinâmica natural da doença, em que os indivíduos infectados se recuperam ao longo do tempo. Nos Cenários 2 e 3, quando medidas de controle são implementadas, é possível observar uma redução considerável no número de recuperados. Isso ocorre porque as medidas de controle, como conscientização e outras estratégias, têm o objetivo de diminuir a propagação da doença e, consequentemente, o número de infectados. Com menos pessoas infectadas, o número de recuperados também é reduzido.

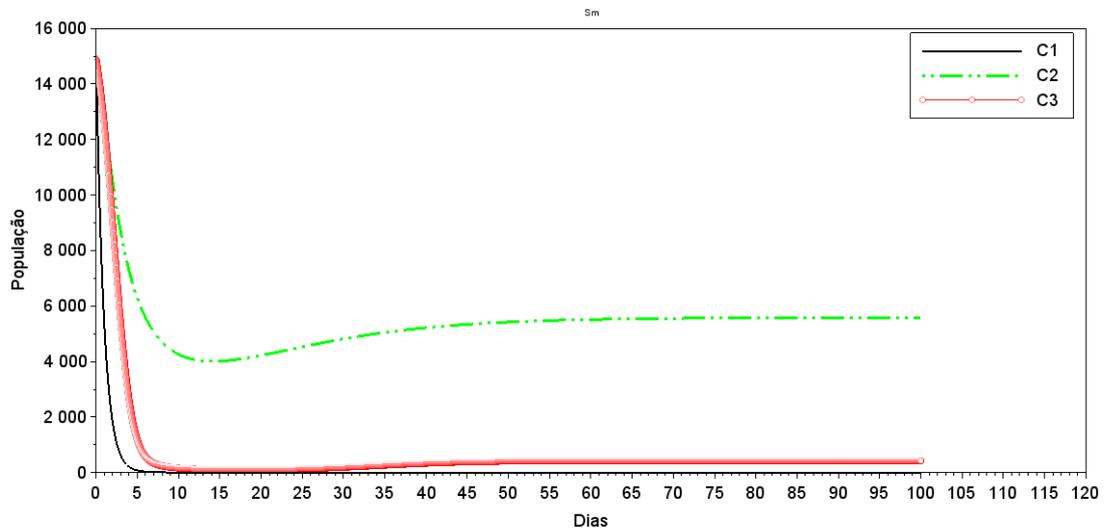


Figura 28: Com controle de Mídia e Vacina - Vetores Suscetíveis

Fonte: Elaborado pela autora.

Na Figura 28, observa-se a eficácia do controle dos vetores suscetíveis nos diferentes cenários: Cenário 1, Cenário 2 e Cenário 3: No Cenário 1, onde é aplicado somente o controle do mosquito, tem-se que o controle dos vetores suscetíveis ocorre de forma mais eficaz. Isso significa que há uma redução significativa no número de vetores suscetíveis ao longo do tempo, contribuindo para a diminuição da proliferação da doença; no Cenário 2, é observada uma diminuição dos vetores suscetíveis em torno de 10 dias. No entanto, essa diminuição não é tão considerável em comparação aos demais cenários. Isso indica que o controle adotado nesse cenário não é tão eficiente na redução dos vetores suscetíveis; no Cenário 3, onde a população humana encontra-se vacinada, mesmo com o aumento de vetores, não ocorre proliferação da doença. Isso destaca a importância da vacinação como uma medida eficaz de controle, pois reduz a suscetibilidade das pessoas à doença, mesmo quando os vetores estão presentes.

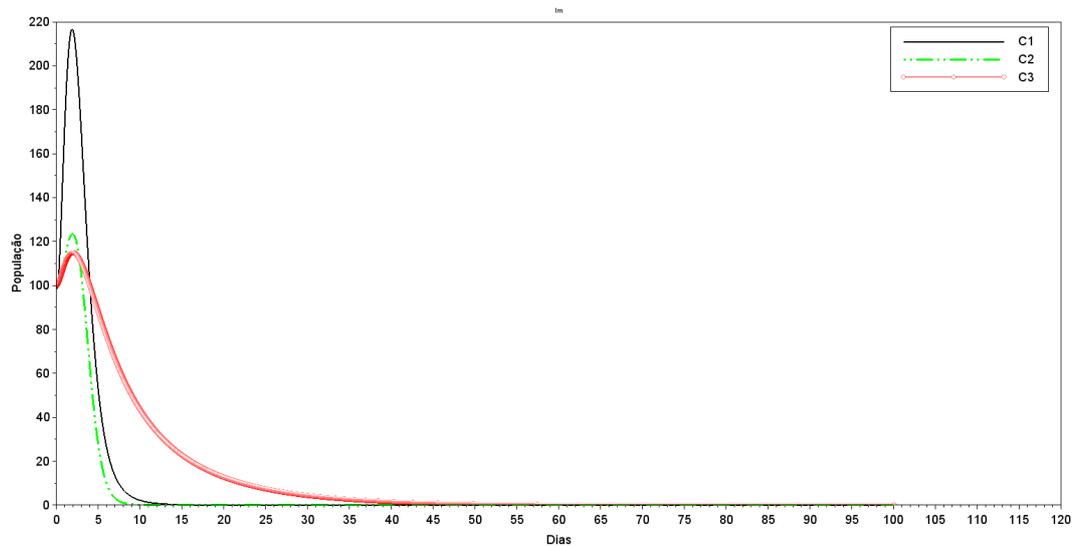


Figura 29: Com controle de Mídia e Vacina - Vetores Infectados

Fonte: Elaborado pela autora.

Os efeitos da contaminação dos vetores nos diferentes cenários são mostrados na Figura 29. No Cenário 1, mesmo com o controle dos vetores, é notável que o grande número de humanos infectados resulta em uma alta taxa de contaminação nos poucos vetores remanescentes. Isso indica que, apesar dos esforços de controle, a presença de um grande número de humanos infectados dificulta o controle efetivo dos vetores, perpetuando a propagação da doença. Já no Cenário 2, com o controle por meio da mídia, observa-se uma diminuição considerável no número de vetores infectados. Essa redução está diretamente relacionada à conscientização da população, que adota medidas de prevenção e reduz a exposição dos vetores à fonte de infecção. Além disso, a população de humanos infectados também é menor nesse cenário, indicando uma eficácia do controle da doença. No Cenário 3, em que apenas a população humana é imunizada por meio da vacina, é importante destacar que o controle dos vetores leva mais tempo. Isso ocorre porque, embora a vacinação proteja os humanos, os vetores ainda estão presentes e podem continuar transmitindo a doença por um período prolongado. É necessário aguardar o tempo necessário para que a população de vetores seja controlada gradualmente.

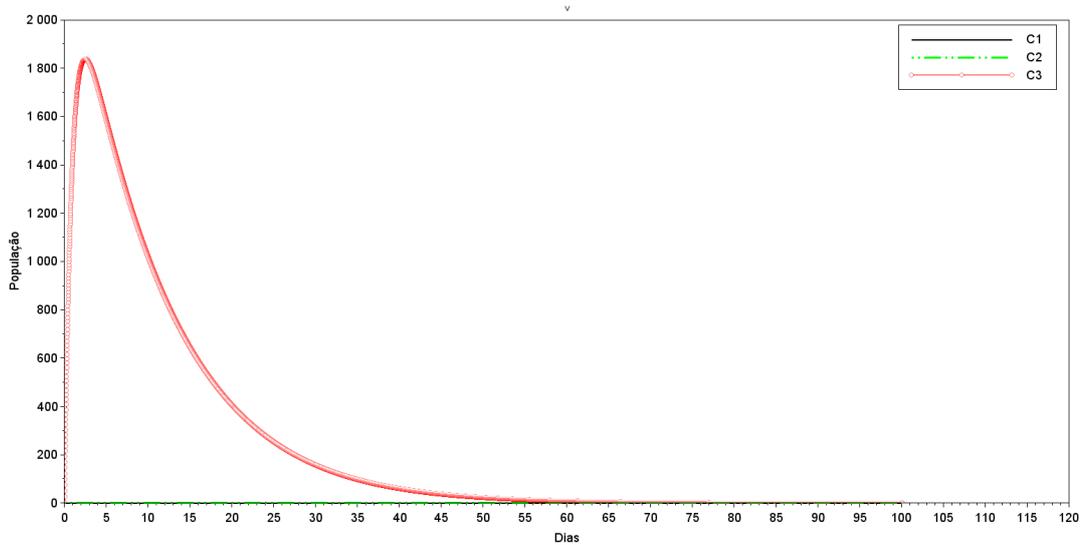


Figura 30: Com controle de Mídia e Vacina - Vacinas
 Fonte: Elaborado pela autora.

A Figura 30 exibe o gráfico da aplicação de vacinas nos diferentes cenários. É importante notar que nos Cenários 1 e 2, não há aplicação de vacina, portanto, os valores correspondentes permanecem nulos. No entanto, no Cenário 3, observa-se o efeito da vacinação na população humana.

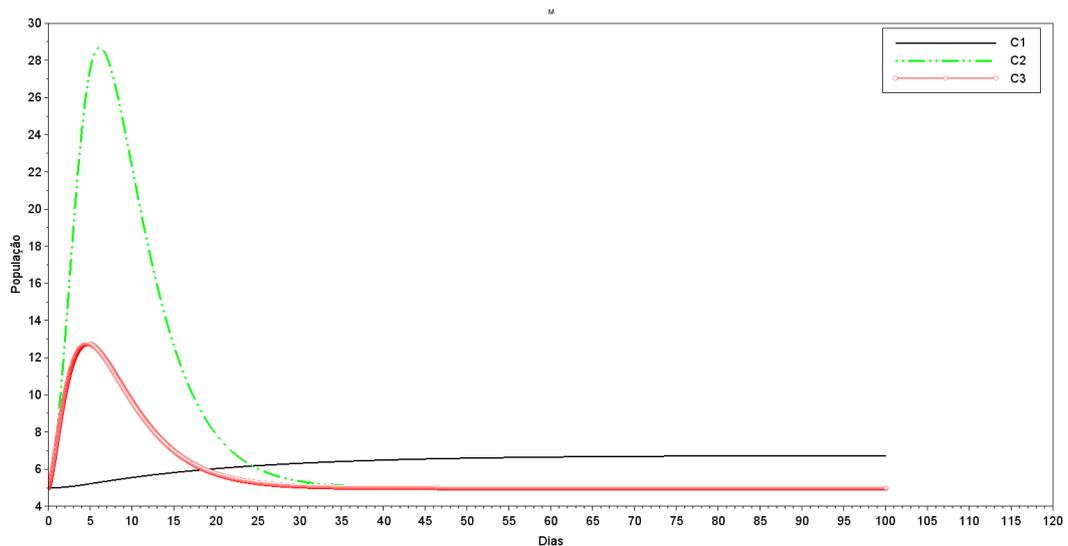


Figura 31: Com controle de Mídia e Vacina - Mídia Social
 Fonte: Elaborado pela autora.

A Figura 31 apresenta o gráfico que ilustra a aplicação da mídia social como um

meio de controle direto tanto para o combate aos mosquitos quanto para a vacinação da população. É importante notar que, à medida que o uso da mídia social aumenta, ocorre uma maior conscientização entre a população sobre a importância da vacinação. Além disso, esse aumento na conscientização também resulta em um controle mais efetivo dos vetores, com uma redução significativa em sua população. Através do uso da mídia social como ferramenta de divulgação e informação, é possível promover a adoção de medidas preventivas, como a vacinação, e melhorar o controle dos vetores, contribuindo assim para a redução da propagação da doença.

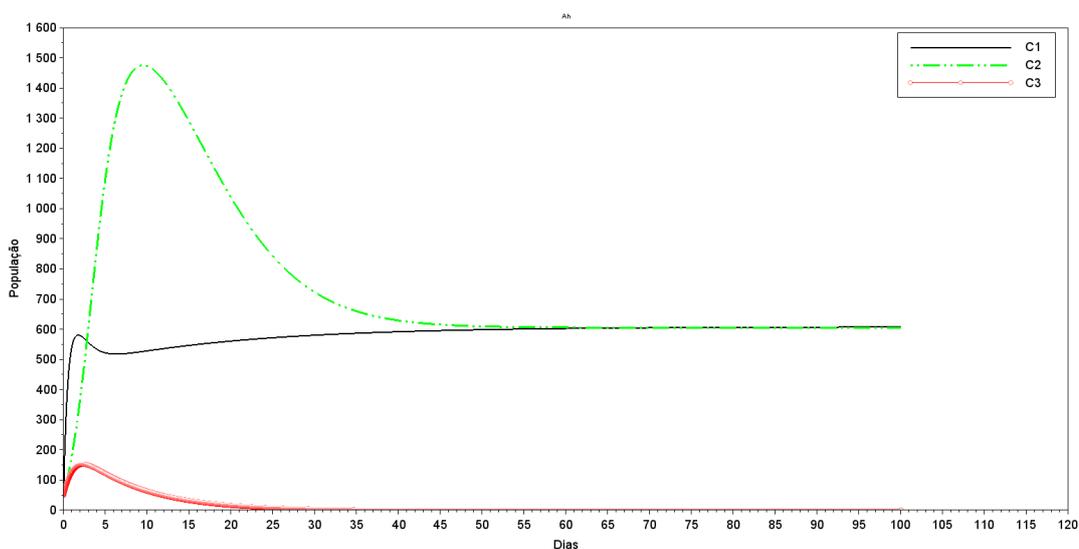


Figura 32: Com controle de Mídia e Vacina - População de mosquitos contaminados
Fonte: Elaborado pela autora.

A Figura 32 apresenta o gráfico da população de mosquitos quando são aplicados o controle por meio da mídia e a vacinação. Ao analisar a Figura 25 e a Figura 28, observa-se um alto número de indivíduos suscetíveis nos primeiros dias da análise, e essa população suscetível permanece elevada ao longo desse período. Isso justifica a redução no crescimento da população de mosquitos contaminados após o dia 5. Da mesma forma, no Cenário 2, é observado um índice elevado de mosquitos, assim como um número significativo de indivíduos suscetíveis. Essa condição justifica o pico elevado em torno de 10 dias, indicando uma maior propagação da doença nesse período. No Cenário 3, onde há controle de mosquitos e vacinação, é observada uma baixa população de mosquitos ao longo do processo. Isso ocorre devido à redução da população suscetível, resultante da combinação do controle dos mosquitos e da vacinação da população. A aplicação dessas medidas de controle contribui para a diminuição do número de mosquitos e, conseqüentemente, para a redução da disseminação da doença.

5 CONCLUSÕES E PERSPECTIVAS FUTURAS

Como apresentado no início do trabalho, tínhamos como objetivo geral estudar um modelo matemático epidemiológico compartimental existente na literatura, onde fosse possível modelar a propagação da dengue em uma população.

Utilizando um modelo SIR+ASI, foram analisadas 3 situações de medidas de controle para a redução do número de pessoas infectadas. O modelo inicial foi estudado por (AMORIM, 2020), baseado em (RODRIGUES; MONTEIRO; TORRES, 2014).

Inicialmente foram consideradas no modelo medidas de controle na população dos mosquitos, através do uso de inseticidas e campanhas de limpeza dos possíveis focos (campanhas educativas).

Após a aplicação dessas medidas de controle no modelo SIR+ASI, foi feita uma análise qualitativa dos mesmos. Foram apresentados os pontos de equilíbrio e suas respectivas condições de estabilidade, assim como o número básico de reprodução correspondente para cada um dos modelos estudados.

Os resultados da implementação do modelo matemático utilizando o software SCI-LAB, cujo sistema de EDOs foi resolvido numericamente pelo método de Runge-Kutta, foram apresentados na seção 4. O modelo com controle sobre os mosquitos, apesar de não ter apresentado um menor número de infectados, possui a estratégia mais acessível a população, principalmente no que se refere às campanhas educativas de prevenção da dengue.

Na sequência, a variável de vacinação foi incorporada ao modelo para analisar as condições e os números de humanos e mosquitos infectados, mesmo na ausência de uma vacina disponível. Assim, torna-se crucial conscientizar a população sobre a importância de reduzir o número de vetores da doença. Nesse sentido, a inclusão do impacto das mídias sociais no controle educativo no modelo demonstrou de forma significativa sua eficácia no controle dos vetores da doença.

Como resultado, podemos concluir que a relação entre o número de infectados e recuperados nos diferentes cenários destaca a importância das medidas de controle não apenas na redução dos infectados, mas também dos recuperados. Essas medidas têm como objetivo controlar a disseminação da doença e minimizar seu impacto

na população, resultando em uma redução geral no número de casos.

Como perspectiva futura tem-se a necessidade de avaliar o efeito da doença sob o ponto de vista estocástico, uma vez que há uma série de fatores inerentes ao processo, que não tem como ser analisados de forma determinística.

REFERÊNCIAS

- ALLEN, L. J. S. Some discrete-time SI, SIR, and SIS epidemic models. **Mathematical Biosciences**, v.124, n.1, p.83–105, 1994.
- AMORIM, M. P. **Modelos Matemáticos e Computacionais da Dengue via Equações Diferenciais Ordinárias com Estratégias de Controle**. 2020. Dissertação de Mestrado — Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional em Ciência e Tecnologia da Universidade Federal Fluminense, Volta Redonda/RJ.
- ANDRAUD, M.; HENS, N.; MARAIS, C.; BEUTELS, P. Dynamic epidemiological models for dengue transmission: a systematic review of structural approaches. **PLoS One**, v.7, n.11, p.e49085, 2012.
- BARRETO, C. *Aedes aegypti* – Resistencia aos Inseticidas Químicos e as Novas Alternativas de Controle. **Revista Eletronica Faculdades Monte Belo**, v.1, n.2, p.62–73, 2005.
- BASÁÑEZ, M. G.; RODRÍGUEZ, D. J. Dinámica de transmisión y modelos matemáticos en enfermedades transmitidas por vectores. **Entomotropica**, v.19, n.3, p.113–134, 2004.
- BOYCE, W. E.; DIPRIMA, R. C. **Equações Diferenciais Elementares e Problemas de Valores de Contorno**. Rio de Janeiro: LTC Editora, 2002.
- BRAGA, I. A.; VALLE, D. *Aedes aegypti*: histórico do controle no Brasil. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v.16, p.113–118, 2007.
- BRAUER, F.; CHAVEZ, C. C. **Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology**. New York: Springer, 2012.
- BRAUER, F.; CHAVEZ, C. C.; FENG, Z. **Mathematical Models in Epidemiology**. New York: Springer, 2019.
- BURDEN, R. R.; FAIRES, J. D.; BURDEN, A. M. **Análise Numérica**: Tradução da 10ª edição norte-americana. 3.ed. São Paulo: Cengage Learning, 2015. Tradução de All Tasks. Revisão Técnica de Helena Maria Ávila de Castro.

CDC. **Centers for Disease Control and Prevention (CDC)**. Disponível em: <http://www.cdc.gov/Dengue/prevention/index.html>.

CHAVES, L. L.; OLIVEIRA, P. P. B. de; MONTEIRO, L. H. A. Um Modelo Epidemiológico Baseado em Autômatos Celulares Probabilistas Assíncronos. **Proceeding Series of the Brazilian Society of Applied and Computational Mathematics**, v.4, n.1, p.1–6, 2016.

DENGUE VÍRUS NET. **Dengue**. Disponível em: <http://denguevirusnet.com/>. Acesso em: 07 de setembro 2022.

DEROUICH, M.; BOUTAYEB, A. Dengue fever: Mathematical modelling and computer simulation. **Appl. Math. Comput**, v.177(2), p.528–544, 2006.

DEROUICH, M.; BOUTAYEB, A.; TWIZELL, E. A model of dengue fever. **Biomedical Engineering Online**, v.2(4), p.1–10, 2003.

DONALISIO, M. R.; GLASSER, C. M. Vigilância Entomológica e Controle de Vetores do Dengue. **Revista Brasileira de Epidemiologia**, v.5, n.3, p.259–272, 2002.

ESTEVA, L.; VARGAS, C. Coexistence of different serotypes of dengue virus. **Journal of Mathematical Biology**, v.46, n.1, p.31–47, 2003.

FARRINGTON, C. P. On vaccine efficacy and reproduction numbers. **Mathematical Biosciences**, v.185, n.1, p.89–109, 2003.

FERREIRA, M. L. **Modelagem Matemática em Dinâmica da População como uma Estratégia no Ensino da Matemática**. 2021. Dissertação de Mestrado — Programa de Pós-Graduação Mestrado Profissional em Matemática em Rede Nacional da Universidade Federal de Viçosa, Florestal/MG.

GIESECKE, J. **Modern Infectious Disease Epidemiology**. Boca Raton, Florida: CRC/Press, 2017.

HAILONG, L.; YU, R. X.; SHUANG, L. Analysis of the efficiency of the preventing and isolating treatments of SARS based on mathematical model. **Int. J. Biomath**, v.19, p.72–76, 2004.

HARTLEY, L. M.; DONNELLY, C. A.; GARNETT, G. P. The seasonal pattern of dengue in endemic areas: mathematical models of mechanisms Get access Arrow. **Transactions of The Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene**, v.96, n.4, p.387–397, 2002.

HASTINGS, A. Editorial - An ecological theory journal at last. **Theoretical Ecology**, v.1, n.1, p.1–4, 2008.

HERBERT, W. H. Qualitative analyses of communicable disease models. **Mathematical Biosciences**, v.28, n.3-4, p.335–356, 1976.

ISERLES, A. **A First Course in the Numerical Analysis of Differential Equations**. 2.ed. New York: Cambridge University Press, 2008.

JUSTO, D. A. R.; SAUTER, E.; AZEVEDO, F. S.; GUIDI, L. F.; KONZEN, P. H. A. **Cálculo Numérico: Um Livro Colaborativo: Versão Scilab**. UFRGS: REAMAT, 2020.

K. I. BOS, V. J. S.; GOLDING, G. B. A draft genome of yersinia pestis from victims of the black death. **Nature**, v.478, p.506–510, 2011.

KALRA, P.; RATTI, I. Mathematical Modeling on Yellow Fever with Effect of Awareness Through Media. **Journal of Physics: Conference Series**, v.2267, n.1, p.1–9, 2022.

KEELING, M. J.; ROHANI, P. **Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals**. New Jersey: Princeton University Press, 2008. 3-9p.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. **Proceedings of the Royal Society of London**, v.115, n.772, p.700–721, 1927.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. Contribution to the mathematical theory of epidemics - I. **Bulletin of Mathematical Biology**, v.53, n.1-2, p.33–55, 1991.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. Contribution to the mathematical theory of epidemics - II. The problem of endemicity. **Bulletin of Mathematical Biology**, v.53, n.1-2, p.57–87, 1991.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. Contribution to the mathematical theory of epidemics - III. Further studies of the problem of endemicity. **Bulletin of Mathematical Biology**, v.53, n.1-2, p.89–118, 1991.

KURAUCHI, M. L. **Modelagem do efeito de uma vacina ontra a dengue na educação da evolução da resistência contra o antibiótico devido uso inadequado em casos de dengue**. 2020. Tese de Doutorado — Programa de Patologia da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo, São Paulo/SP.

LABORATÓRIO OSWALDO CRUZ. **Mosquito *Aedes aegypti***. Disponível em <https://www.oswaldocruz.com/site/noticias-de-saude/13-noticias-de-saude/365-ministerio-da-saude-confirma-nova-doenca-transmitida-pelo-mosquito-da-dengue>.

LACEY, L. A. Bacillus thuringiensis serovariety israelensis and bacillus sphericus for mosquito control. **Journal of the American Mosquito Control Association**, v.23, n.2, p.133–163, 2007.

MACORIS, M.; MAZINE, C.; ANDRIGHETTI, M.; YASUMARO, S. Factors favoring houseplant container infestation with *Aedes aegypti* larvae in Marília SP, Brazil. **Rev Panam Salud Publica**, v.1, p.280–286, 1997.

MAIDANA, N. A.; YANG, H. M. A Spatial Model to Describe the Dengue Propagation. **Trends in Computational and Applied Mathematics**, v.8, n.1, p.83–92, 2007.

MARTCHEVA, M. **An Introduction to Mathematical Epidemiology**. New York: Springer, 2015.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. **Dengue**. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/d/dengue>. Acesso em: 07 de setembro 2022.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. **Boletim Epidemiológico - Volume 53, Nº 48**. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/boletins/epidemiologicos/edicoes/2022/boletim-epidemiologico-vol-53-no48/view>. Acesso em: 17 de janeiro de 2023.

MITTAL, P. K. Biolavicides in vector control: challenges and prospects. **Journal of vector borne diseases**, v.40, n.20, p.1–2, 2003.

MORENS, D. M.; FAUCI, A. S. Emerging Pandemic Diseases: How We Got to COVID-19. **Cell**, v.182, n.5, p.1077–1092, 2020.

MURRAY, J. D. **Mathematical Biology . I. An introduction**. New York: Springer, 2002.

NEWTON, E. A. C.; REITER, P. A model of the transmission of dengue fever with an evaluation of the impact of ultra-low volume (ULV) insecticide applications on dengue epidemics. **The American Society of Tropical Medicine and Hygiene**, v.47, n.6, p.709–720, 1992.

OPAS. **Módulos de Princípios de Epidemiologia para o Controle de Enfermidades. Módulo 2: Saúde e doença na população**. Brasília: Ministério da Saúde, 2010.

OPAS. **Dengue**. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/topicos/dengue>.

OTERO, M.; SCHWEIGMANN, N.; SOLARI, H. G. A stochastic spatial dynamical model for *Aedes aegypti*. **Bull. Math. Biol.**, v.70(5), p.1297–1325, 2008.

ROCHA, D. I. C. **Modelos Matemáticos Aplicados à Epidemiologia**. 2012. Dissertação de Mestrado — Faculdade de Economia da Universidade do Porto (FEP), Volta Redonda/RJ.

RODRIGUES, H. S. **Optimal control and numerical optimization applied to epidemiological models**. 2012. Tese de Doutorado — Programa Doutoral em Matemática e Aplicações da Universidade de Aveiro, Portugal.

RODRIGUES, H. S.; MONTEIRO, M. T. T.; TORRES, D. F. Vaccination models and optimal control strategies to dengue. **Mathematical Biosciences**, v.247, p.1–12, 2014.

SANTOS, L. B. L.; PINHO, S. T. R. Modelagem da dinâmica de propagação de epidemias de Dengue em centros urbanos. **XXVI Seminário Estudantil de Pesquisa, Salvador**, 2007.

SCHERER, A.; MCLEAN, A. Mathematical models of vaccination. **British Medical Bulletin**, v.62, n.1, p.187–199, 2002.

TERRALAB. **DengueME**: Um software para modelagem e simulação da transmissão do vírus dengue. Disponível em: <https://www2.decom.ufop.br/terralab/dengue-me-um-software-para-modelagem-e-simulacao-da-transmissao-do-virus-dengue/>. Acesso em: 07 de junho 2023.

TODA MATÉRIA. **Mosquito *Aedes aegypti***: ciclo de vida e a transmissão de doenças. Disponível em <https://www.todamateria.com.br/aedes-aegypti>.

WEARING, H. J. Ecological and immunological determinants of dengue epidemics. **Proc. Natl. Acad. Sci USA**, v.103(31), p.11802–11807, 2006.

YANG, H. M. **Estudos dos Efeitos da Vacinação em Doenças de Transmissão Direta. Epidemiologia Matemática**. Campinas, SP: Editora da Unicamp, 2001.

YANG, H. M.; FERREIRA, C. P. Assessing the effects of vector control on dengue transmission. **Applied Mathematics and Computation**, v.198, p.401–413, 2008.

ZARA, A. L. S. A.; SANTOS, S. M.; FERNANDES-OLIVEIRA, E. S.; CARVALHO, R. G.; COELHO, G. E. Estratégias de controle do *Aedes aegypti*: uma revisão. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v.25, n.2, p.391–404, 2016.

ZHANG, X. S.; VYNNYCKY, E.; CHARLETT, A. Transmission dynamics and control measures of COVID-19 outbreak in China: a modelling study. **Sci.Rep.**, v.11, p.1–12, 2021.

ZHANG, Z. B. The outbreak pattern of SARS cases in China as revealed by a mathematical model. **Ecol. Model.**, v.204, p.420–426, 2007.

ANEXO A MÉTODOS DE RUNGE-KUTTA

Um grupo de métodos iterativos, denominados métodos de Runge-Kutta, são utilizados para a aproximação numérica de soluções de equações diferenciais ordinárias (EDOs). Eles foram originalmente desenvolvidos por Carl Runge no final do século XIX para resolver problemas de valor inicial, e posteriormente generalizados por Martin Wilhelm Kutta para incorporar sistemas de equações diferenciais de primeira ordem.

Ao invés de calcular as derivadas, os métodos de Runge-Kutta comparam a função com um polinômio de Taylor apropriado, o que permite avaliar a função em cada passo de tempo. Eles são uma generalização de outros métodos numéricos, como o método de Euler melhorado, incorporando mais estágios de cálculo para obter ordens de precisão mais altas.

Os métodos de Runge-Kutta podem ser explícitos, calculando o estado do sistema em um tempo posterior ao estado atual, ou implícitos, considerando tanto o tempo atual quanto o tempo posterior para solucionar o problema. Este trabalho se concentra em um método explícito específico de quarta ordem, denominado Método de Runge-Kutta de quarta ordem e quatro estágios.

De uma forma geral, seguindo os trabalhos de JUSTO et al. (2020) e ISERLES (2008), considere inicialmente o problema de valor inicial:

$$u'(t) = f(t, u(t)), \quad (10)$$

$$u(t_0) = a. \quad (11)$$

Ao integrarmos a EDO em $[t^{(n)}, t^{(n+1)}]$, obtemos:

$$u^{(n+1)} = u^{(n)} + \int_{t^{(n)}}^{t^{(n+1)}} f(t, u(t)) dt. \quad (12)$$

Os demais métodos de passo simples utilizam somente os valores extremos da função, f_n e f_{n+1} . Já os métodos Runge-Kutta explícitos, como forma de aumentar a ordem do método, admitem o uso de outros valores de $f(t, u)$ nos pontos $\{\tau_1, \tau_2, \dots, \tau_\nu\}$, entre o intervalo $[t^{(n)}, t^{(n+1)}]$, de acordo com o esquema abaixo:

$$\begin{array}{ccccccc}
 u_n & & & & & & u_{n+1} \\
 | & & & & & & | \\
 \hline
 t^{(n)} & & & & & & t^{(n+1)} \\
 \\
 \tau_1 & \tau_2 & \dots & \tau_\nu & & & \\
 t^{(n)} & t^{(n)} + c_2 h & \dots & t^{(n)} + c_\nu h & & &
 \end{array}$$

Note que $\tau_j = t^{(n)} + c_j h$. Inicialmente, considera-se que $c_1 = 0$, coincidindo com o extremo do intervalo esquerdo, porém o extremo direito não necessariamente coincide com o último ponto. Assim, a integral é aproximada pelo seguinte esquema de ν pontos:

$$\int_{t^{(n)}}^{t^{(n+1)}} f(t, u(t)) dt \approx u_n + h \sum_{j=1}^{\nu} b_j f(\tau_j, u(\tau_j)). \quad (13)$$

Nesta expressão, b_j são os pesos da quadratura. Dessa forma, o próximo passo é estimar os valores de $u(\tau_j)$ com base nos estágios anteriores. Assim, será possível atualizar o valor de $f(t, u)$. Seja

$$\begin{aligned}
 \tilde{u}_1 &= u^{(n)} \\
 \tilde{u}_2 &= u_n + h a_{21} k_1 \\
 \tilde{u}_3 &= u_n + h [a_{31} k_1 + a_{32} k_2] \\
 \tilde{u}_4 &= u_n + h [a_{41} k_1 + a_{42} k_2 + a_{43} k_3] \\
 &\vdots \\
 \tilde{u}_\nu &= u_n + h [a_{\nu 1} k_1 + a_{\nu 2} k_2 + \dots + a_{\nu \nu} k_\nu] \\
 u^{(n+1)} &= u_n + h [b_1 k_1 + b_2 k_2 + \dots + b_\nu k_\nu],
 \end{aligned} \quad (14)$$

onde $k_j = f(\tau_j, \tilde{u}_j)$. A matriz Runge-Kutta é dada por $A := (a_{ij})$ e é uma matriz triangular inferior, com diagonal zero. Os pesos e os nós Runge-Kutta são dados por b_j e c_j respectivamente. Estes coeficientes podem ser organizados em uma tabela:

$$\begin{array}{c|c}
 c & A \\
 \hline
 & b^T
 \end{array},$$

ou seja:

$$\begin{array}{c|ccc}
 c_1 & 0 & 0 & 0 \\
 c_2 & a_{21} & 0 & 0 \\
 c_3 & a_{31} & a_{22} & 0 \\
 \hline
 & b_1 & b_2 & b_3
 \end{array}.$$

A tabela acima geralmente é reescrita, omitindo-se os termos nulos, acima da diagonal:

c_1			
c_2	a_{21}		
c_3	a_{31}	a_{22}	
	b_1	b_2	b_3

Dentre todos os esquemas de Runge-Kutta (RK) de quarta ordem, os dois mais conhecidos são: o método de Runge-Kutta 3/8 e o método de Runge-Kutta clássico. Seus esquemas estão descritos nas seguintes tabelas:

0				
$\frac{1}{3}$	$\frac{1}{3}$			
$\frac{2}{3}$	$-\frac{1}{3}$	1		
1	1	-1	1	
	$\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{1}{8}$

Tabela 5: RK 3/8

0				
$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$			
$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{2}$		
1	0	0	1	
	$\frac{1}{6}$	$\frac{2}{6}$	$\frac{2}{6}$	$\frac{1}{6}$

Tabela 6: RK clássico

Neste estudo, utiliza-se o método de Runge-Kutta clássico. Seu esquema iterativo, de acordo com (BURDEN; FAIRES; BURDEN, 2015) é dado por:

$$\begin{aligned}
 k_1 &= hf(t_i, w_i), \\
 k_2 &= hf\left(t_i + \frac{h}{2}, w_i + \frac{k_1}{2}\right), \\
 k_3 &= hf\left(t_i + \frac{h}{2}, w_i + \frac{k_2}{2}\right), \\
 k_4 &= hf(t_{i+1}, w_i + k_3), \\
 w_{i+1} &= w_i + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4),
 \end{aligned} \tag{15}$$

onde k_1 e k_4 representam os valores das funções nos extremos e k_2 e k_3 são aproximações diferentes para a inclinação no meio do intervalo.

A principal vantagem desse método é que ele fornece uma boa precisão com um custo computacional relativamente baixo em comparação com outros métodos numéricos. Ele permite obter uma solução com um erro da ordem de $O(h^4)$, onde h é o tamanho do passo utilizado no método. Isso significa que, ao diminuir o tamanho do passo, a precisão da solução aumenta de forma significativa. Portanto, o método de Runge-Kutta de quarta ordem e quatro estágios é uma boa escolha e é confiável para a solução de equações diferenciais ordinárias nessa área de estudo.

Um Modelo Epidemiológico para o Estudo da Dengue Considerando o Controle do Vetor – Letiane Ludwig Mielke



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Instituto de Física e Matemática
Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática



Dissertação

Um Modelo Epidemiológico para o Estudo da Dengue Considerando o Controle do Vetor

LETIANE LUDWIG MIELKE

Pelotas, 2024