Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics, v. 9, n. 1, 2022.

Trabalho apresentado no XLI CNMAC, Unicamp - Campinas - SP, 2022.

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics
Preprint

Critério de Routh-Hurwitz em Modelos Epidemiológicos

Natanael de J. Oliveira[1] Patrícia N. da Silva[2]
UERJ, Rio de Janeiro, RJ

Segundo Brauer, Castillo-Chavez e Feng [1], modelos compartimentais são utilizados em muitas áreas como: ecologia, industria, epidemiologia e outros. Utilizaremos estes modelos para a transmissão de doenças. A população em estudo é dividida em compartimentos e são feitas hipóteses sobre a natureza e a taxa de transferência de um compartimento para outro. A variável independente de modelos compartimentais de EDOs é o tempo. As taxas de transferência entre os compartimentos são expressas matematicamente como derivadas em relação ao tempo do tamanho dos compartimentos.

Um dos primeiros modelos a ser estudado é o SIR, em que $S(t)$ denota o número de indivíduos que são suscetíveis à doença, ou seja, que não estão (ainda) infectados no instante t. $I(t)$ denota o número de indivíduos infectados, cada um deles é considerado infectante e capaz de disseminar a doença através de contato com suscetíveis. $R(t)$ denota o número de indivíduos que foram infectados e depois removidos. A remoção é realizada através do isolamento do resto da população, ou através da imunização contra a infecção ou pela recuperação da doença com imunidade total contra reinfecção.

O modelo SIR de Kermack e McKendrick [3] considera na classe de suscetíveis uma taxa de natalidade proporcional ao tamanho total da população e em cada uma das três classes do modelo, uma taxa de mortalidade proporcional ao seu tamanho. Este modelo permite que a população total cresça ou decaia exponencialmente se as taxas de natalidade e mortalidade forem distintas. Para obter um modelo que considere nascimentos e mortes naturais e no qual o tamanho total da população permaneça constante, podemos usar a abordagem proposta por Hethcote [2]. Nela, o tamanho total da população N permanece constante pois não se considera a mortalidade pela doença e as taxas de natalidade e mortalidade são iguais. Como $S + I + R = N$ e $N' = 0$, N é constante e R pode ser determinado se S e I forem conhecidos. Isto permite considerar um sistema bidimensional

$$\begin{aligned} S' &= -\beta SI + \mu(N - S) \\ I' &= \beta SI - \alpha I - \mu I \end{aligned} \tag{1}$$

As hipóteses subjacentes a este modelo são

(i) A taxa de novas infecções é dada pela Lei da Ação de Massa: a taxa de contato entre dois grupos numa população é proporcional ao tamanho de cada um dos grupos envolvidos. A constante de proporcionalidade está denotada por β

(ii) Os infectados deixam sua classe a uma taxa αI por unidade de tempo.

(iii) As taxas de natalidade e mortalidade são iguais e denotadas por μ.

(iv) Não há mortes causadas pela doença.

[1] natanaeldjo@gmail.com
[2] nunes@ime.uerj.br

Brauer, Castillo-Chavez e Feng [1] flexibilizam a hipótese (iii) e consideram um modelo mais geral em que as taxas de natalidade e mortalidade não são necessariamente iguais e a natalidade é dependente do tamanho total da população N:

$$\begin{aligned} S' &= \Lambda(N) - \beta SI - \mu S \\ I' &= \beta SI - \alpha I - \mu I \\ N' &= \Lambda(N) - \mu N \end{aligned} \tag{2}$$

Brauer, Castillo-Chavez e Feng [1] indicam que a análise qualitativa do modelo (2) depende dos conceitos de equilíbrio e de linearização de sistemas em torno de seus pontos de equilíbrio. Os autores não apresentam os detalhes mas indicam os passos da análise. Neste trabalho, calculamos os pontos de equilíbrio livre de doença e endêmico do modelo (2) e fazemos o estudo de estabilidade assintóticas deles.

Como (2) é um sistema que não pode ser reduzido a um sistema bidimensional como foi feito em (1), a matriz de coeficientes no processo de linearização em torno de um ponto de equilíbrio será 3×3 e a equação característica resultante é uma equação polinomial cúbica da forma

$$\lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3 = 0.$$

O comportamento das raízes no caso do ponto de equilíbrio livre de doença é mais simples. Já para o estudo de estabilidade do ponto de equilíbrio endêmico, usaremos as condições de Routh–Hurwitz [4, p. 27]:

$$a_1 > 0, a_1 a_2 > a_3 > 0.$$

Elas são condições necessárias e suficientes para que todas as raízes da equação característica tenham parte real negativa. Mostraremos que elas se verificam para o ponto de equilíbrio endêmico do modelo (2).

Agradecimentos

Os autores agradecem o apoio financeiro da FAPERJ, do CNPq e da UERJ.

Referências

[1] F. Brauer, C. Castillo-Chavez e Z. Feng. **Mathematical Models in Epidemiology**. Texts in Applied Mathematics. New York: Springer, 2019. ISBN: 9781493998289.

[2] Herbert W. Hethcote. “Qualitative analyses of communicable disease models”. Em: **Mathematical Biosciences** 28.3 (1976), pp. 335–356. ISSN: 0025-5564. DOI: `https://doi.org/10.1016/0025-5564(76)90132-2`.

[3] W.O. Kermack e A.G. McKendrick. “Contributions to the mathematical theory of epidemics—II. the problem of endemicity”. Em: **Bulletin of Mathematical Biology** 53.1 (1991). Reprinted from the Proceedings of the Royal Society, Vol. 138A, pp. 55–83 (1932) with the permission of The Royal Society., pp. 57–87. ISSN: 0092-8240. DOI: `https://doi.org/10.1016/S0092-8240(05)80041-2`.

[4] E.J. Routh. **A Treatise on the Stability of a Given State of Motion: Particularly Steady Motion**. Macmillan e Company, 1877.