



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA  
CAMPUS VII – GOVERNADOR ANTÔNIO MARIZ  
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E SOCIAIS APLICADAS  
CURSO DE LICENCIATURA PLENA EM MATEMÁTICA**

**MATHEUS DANTAS DE OLIVEIRA**

**A MATEMÁTICA CONTRA A PESTE: UMA INTRODUÇÃO AO MODELO SIR**

**PATOS  
2023**

MATHEUS DANTAS DE OLIVEIRA

**A MATEMÁTICA CONTRA A PESTE: UMA INTRODUÇÃO AO MODELO SIR**

Trabalho de Conclusão de Curso (Artigo) apresentado ao Curso de Licenciatura Plena em Matemática – CCEA – UEPB, como requisito parcial para obtenção do título de Licenciado em Matemática.

**Área de concentração:** Matemática Aplicada

**Orientador:** Prof. Dr. Arlandson Matheus Silva Oliveira

**PATOS  
2023**

É expressamente proibido a comercialização deste documento, tanto na forma impressa como eletrônica. Sua reprodução total ou parcial é permitida exclusivamente para fins acadêmicos e científicos, desde que na reprodução figure a identificação do autor, título, instituição e ano do trabalho.

O48m Oliveira, Matheus Dantas de.  
A Matemática Contra a Peste: Uma Introdução ao Modelo SIR [manuscrito] / Matheus Dantas de Oliveira. - 2023.  
26 p. : il. colorido.

Digitado.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Matemática) - Universidade Estadual da Paraíba, Centro de Ciências Exatas e Sociais Aplicadas, 2023.

"Orientação : Prof. Dr. Arlandson Matheus Silva Oliveira, Coordenação do Curso de Matemática - CCEA. "

1. Modelo SIR. 2. Equações Diferenciais. 3. Doenças Infeciosas. I. Título

21. ed. CDD 515.35

MATHEUS DANTAS DE OLIVEIRA

A MATEMÁTICA CONTRA A PESTE: UMA INTRODUÇÃO AO MODELO SIR

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Licenciatura em Matemática do Centro de Ciências Exatas e Sociais Aplicadas (CCEA) da Universidade Estadual da Paraíba, como requisito parcial à obtenção do grau de Licenciado em Matemática.

**Área de concentração:** Matemática Aplicada

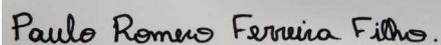
Aprovada em: 05/ 12 / 2023.

**BANCA EXAMINADORA**



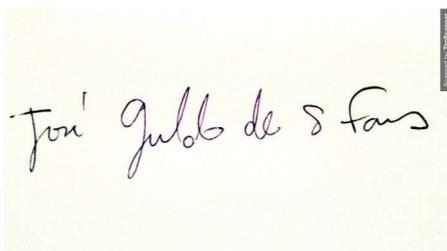
---

Prof. Dr. Arlandson Matheus Silva Oliveira (Orientador)  
Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)



---

Prof. Paulo Romero Ferreira Filho (Examinador)  
Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)



---

Prof. Me. José Ginaldo de Souza Farias (Examinador)  
Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)

*Dedico este trabalho a Deus, a minha eterna mãe Francisca, que sempre teve orgulho dos meus estudos, meu pai Manoel Filho, a todos os meus familiares e aos incríveis amigos que a matemática me presenteou.*

“A matemática se revela em mentes sensíveis, capazes de ver uma espiral em um girassol, ângulos em uma estrela e Deus no infinito.”

Manoel Rodrigues Paiva

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>6</b>
<b>2</b>	<b>A CONSTRUÇÃO DE MODELOS MATEMÁTICOS</b>	<b>7</b>
<b>2.1</b>	<b>Modelagem matemática</b>	<b>7</b>
<b>2.2</b>	<b>Modelos matemáticos</b>	<b>8</b>
<b>2.3</b>	<b>Equações Diferenciais</b>	<b>9</b>
<b>3</b>	<b>ESTRUTURAÇÃO DO MODELO SIR EM TEMPO CONTÍNUO</b>	<b>11</b>
<b>3.1</b>	<b>Modelo SIR sem dinâmica vital</b>	<b>11</b>
<b>3.1.1</b>	Intensidade de infecção	13
<b>3.1.2</b>	Reprodutibilidade basal	13
<b>3.1.3</b>	Número de infectados em função do número de suscetíveis	14
<b>3.2</b>	<b>Modelo SIR com dinâmica vital</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1</b>	Pontos de equilíbrio do modelo em dinâmica vital	17
<b>3.2.2</b>	Condição epidêmica	18
<b>3.3</b>	<b>Modelo SIR com vacinação constante</b>	<b>19</b>
<b>3.3.1</b>	Pontos de equilíbrio do modelo em vacinação constante	20
<b>3.4</b>	<b>Outra abordagem de <math>R_0</math> no modelo SIR simples</b>	<b>21</b>
<b>3.5</b>	<b>Simulação dos pontos de equilíbrio do modelo SIR</b>	<b>22</b>
<b>4</b>	<b>CONCLUSÃO</b>	<b>23</b>
	<b>REFERÊNCIAS</b>	<b>24</b>

## A MATEMÁTICA CONTRA A PESTE: UMA INTRODUÇÃO AO MODELO SIR

Matheus Dantas de Oliveira\*

### RESUMO

Neste artigo, apresentamos uma modelagem de epidemias, focando em doenças nas quais a recuperação confere imunidade ao indivíduo. O modelo SIR, proposto por Kermack e McKendrick em 1927, é fundamentalmente baseado em equações diferenciais, destacando-se por sua aplicação na compreensão quantitativa da dinâmica de propagação de doenças infecciosas. Tal modelo é analisado em tempo contínuo, com algumas especificidades, como consideração de dinâmica vital e a presença de vacinação constante. Nosso objetivo é fornecer uma compreensão da dinâmica do modelo, apresentando resultados significativos, incluindo a análise de pontos de equilíbrio no sistema SIR e as condições necessárias para a propagação de doenças infecciosas.

**Palavras-chave:** Modelo SIR. Equações Diferenciais. Doenças Infecciosas.

### ABSTRACT

In this article, we present an epidemic model, focusing on diseases in which recovery confers immunity to the individual. The SIR model, proposed by Kermack and McKendrick in 1927, is fundamentally based on differential equations, standing out for its application in the quantitative understanding of the dynamics of the spread of infectious diseases. This model is analyzed in continuous time, with some specificities, such as the consideration of vital dynamics and the presence of constant vaccination. Our goal is to provide an understanding of the dynamics of this model by presenting meaningful results, including an analysis of equilibrium points of the SIR system and the conditions necessary for the spread of infectious diseases.

**Keywords:** SIR model. Differential Equations. Infectious diseases.

---

\*Aluno de graduação do Curso de Licenciatura Plena em Matemática do Centro de Ciências Exatas e Sociais Aplicadas, Campus VII – Governador Antônio Mariz (Patos–PB), Universidade Estadual da Paraíba. E-mail: matheus.dantas.oliveira@aluno.uepb.edu.br. Este artigo de conclusão de curso foi escrito sob orientação do Prof. Dr. Arlandson Matheus Silva Oliveira.

## 1 INTRODUÇÃO

Equações diferenciais são ferramentas matemáticas que podem ser usadas para resolver problemas em diferentes áreas, como ciências físicas, biológicas e sociais. Elas nos ajudam a entender como as variáveis estão relacionadas em um problema. Um campo exemplar que ilustra a interseção entre matemática e ciências aplicadas é a epidemiologia matemática. Aqui, a matemática se torna uma aliada crucial na compreensão da dinâmica das doenças infecciosas, na qual as equações diferenciais ganham grande destaque e importância.

Um dos principais objetivos ao estudar doenças infecciosas é a busca por meios mais eficazes de controle e, possivelmente, erradicação. É nesse contexto que os modelos matemáticos desempenham um papel de destaque, permitindo a otimização do uso de recursos limitados e o direcionamento de medidas de controle mais eficazes. Estratégias de controle podem ser empregadas de maneiras diferentes, dependendo das características específicas da doença, dos hospedeiros envolvidos e da dimensão da epidemia.

Dada a importância crítica deste campo de estudo, pesquisadores de todo o mundo se dedicam ao desenvolvimento de modelos matemáticos que contribuem para a compreensão e o controle de doenças infecciosas. A epidemiologia matemática, como um campo em constante expansão, está cada vez mais ganhando destaque, e a modelagem dessas doenças tornou-se uma área de pesquisa de grande interesse.

Neste trabalho, vamos explorar o Modelo SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado). Este modelo é particularmente relevante para doenças nas quais a imunidade é adquirida após a recuperação da infecção, incluindo doenças como a rubéola, o sarampo e a catapora. Através dessa análise, buscaremos contribuir para o avanço do conhecimento e para a melhoria das estratégias de controle dessas enfermidades.

A dinâmica do Modelo SIR é regida por um conjunto de equações diferenciais que descrevem como as taxas de transmissão, recuperação e contato entre os grupos mudam ao longo do tempo. Essas situações incluem a taxa de contato entre suscetíveis e infectados, bem como a taxa de recuperação dos infectados, que envolve a aquisição de imunidade. Essas taxas são fundamentais para entender como a doença se espalha e como uma estratégia de vacinação pode ser eficaz. É importante destacar que o modelo SIR é constituído por três equações diferenciais distintas, uma para cada categoria: suscetíveis, infectados e recuperados. Elas serão úteis para compreender a evolução de um surto epidêmico, possibilitando uma análise aprofundada e a previsão de medidas para a erradicação da doença.

Para ilustrar o funcionamento do modelo epidêmico SIR, começaremos na seção 2 explicando o processo de construção de modelos matemáticos utilizando as equações diferenciais. Na seção 3, exploraremos o funcionamento do modelo SIR em tempo contínuo, com consideração de dinâmica vital e na presença de vacinação constante.

## 2 A CONSTRUÇÃO DE MODELOS MATEMÁTICOS

Nesta seção, mostraremos como as equações diferenciais são empregadas na modelagem de problemas. Para aplicar as equações diferenciais nos variados campos em que se mostram úteis, é essencial, em primeiro lugar, elaborar uma equação diferencial adequada que descreve ou modela o problema em questão.

### 2.1 Modelagem matemática

De acordo com Bassanezi (2013), “Modelagem Matemática é um processo dinâmico utilizado para a obtenção e validação de modelos matemáticos. É uma forma de abstração e generalização com a finalidade de previsão de tendências. A modelagem consiste, essencialmente, na arte de transformar situações da realidade em problemas matemáticos cujas soluções devem ser interpretadas na linguagem usual.”

A Modelagem Matemática se destaca por sua capacidade de representar e compreender fenômenos do mundo real por meio de linguagem matemática. Essa abordagem consiste em traduzir situações concretas em problemas matemáticos, permitindo a construção de modelos que descrevem o comportamento de sistemas complexos. O processo de modelagem envolve a formulação de equações e relações matemáticas que capturam as características essenciais do fenômeno em estudo.

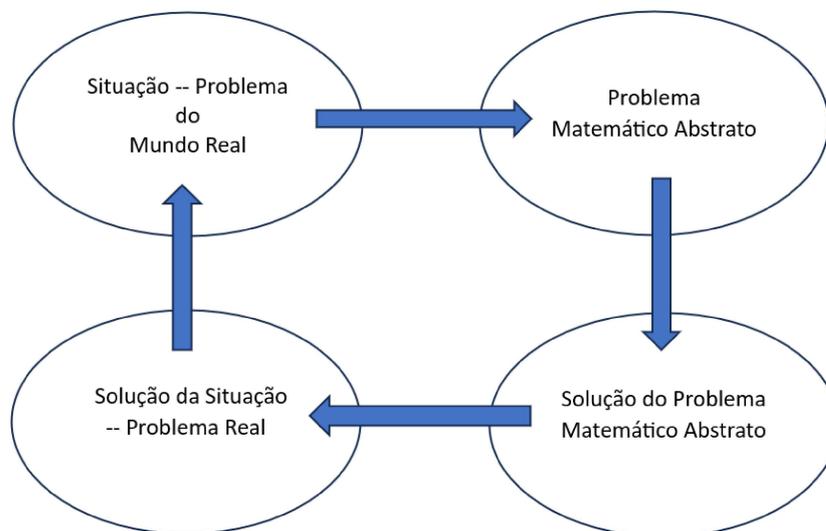


Figura 1: Diagrama simplificado do processo de modelagem. Fonte: BERTONE et al. (2014)

Um dos campos em que a Modelagem Matemática desempenha um papel importante é no ramo da epidemiologia, oferecendo uma abordagem analítica para compreender a propagação de doenças infecciosas. Essa ferramenta permite não apenas identificar características essenciais do processo, mas também avaliar os impactos de medidas de controle, como, por exemplo, a vacinação.

## 2.2 Modelos matemáticos

A Modelagem Matemática é uma ferramenta poderosa em diversas áreas, ela permite aos pesquisadores explorar cenários, testar hipóteses e tomar decisões informadas. No entanto, é importante reconhecer que nenhum modelo é perfeito, e sua utilidade está diretamente ligada à precisão das simplificações e suposições feitas durante o processo de construção.

Os modelos matemáticos podem ser elaborados de acordo com a natureza dos fenômenos ou situações analisadas, sendo classificados conforme o tipo de abordagem matemática empregada.

**Definição 2.1.** Chamaremos de Modelo Matemático a um conjunto de símbolos e relações matemáticas que representam de alguma forma um objeto estudado.

Conforme Bertone et al.(2014), “Um modelo epidemiológico (sistema de equações diferenciais) que considera o grupo de infectados como sendo homogêneo e onde todos os seus elementos têm as mesmas propriedades é um exemplo de um modelo objeto”. O Modelo Objeto é a representação de um objeto ou fato concreto. Tal representação pode ser pictórica (um desenho), um esquema compartimental, um mapa, fórmula matemática, um conjunto de símbolos etc.

Quando se elaboram modelos matemáticos, é fundamental ter em mente que cada problema é único, e a capacidade de modelagem não pode ser simplificada em um conjunto fixo de regras. Na verdade, a criação de um modelo predominante muitas vezes representa a parte mais desafiadora de um problema. Apesar disso, pode ser útil listar alguns passos que fazem muitas vezes parte do processo, abordados por Boyce e Diprima (2010):

1. Identifique as variáveis independente e dependente e atribua letras para representá-las. Muitas vezes a variável independente é o tempo.
2. Escolha as unidades de medida de cada variável. Essa escolha é, de certa forma, arbitrária, mas algumas escolhas podem ser mais convenientes do que outras. Por exemplo, escolhermos medir o tempo em segundos no caso de um objeto em queda e em meses no problema populacional.
3. Use o princípio básico subjacente ou a lei que rege o problema em investigação. Isso pode ser uma lei física amplamente reconhecida, como a lei do movimento de Newton, ou pode ser uma hipótese um tanto especulativa baseada na sua própria experiência ou em observações. De qualquer modo, é provável que essa etapa não seja uma etapa puramente matemática, mas uma em que será necessário ter familiaridade com o campo de aplicação onde o problema se originou.
4. Expresse o princípio ou lei do passo 3 em função das variáveis escolhidas no passo 1. Isso pode ser mais fácil falar do que fazer. Pode exigir constantes físicas ou parâmetros e a determinação de valores apropriados para eles. Ou pode envolver o uso de variáveis auxiliares, ou intermediárias, que têm que estar relacionada com as variáveis primárias.

5. Certifique-se de que cada parcela em sua equação está nas mesmas medidas físicas. Se isso não acontecer, sua equação está errada e você deve tentar consertá-la. Se as unidades são as mesmas, então sua equação está pelo menos consistente do ponto de vista dimensional, embora possa conter outros erros que esse teste não revela.
6. Em alguns problemas, o resultado do passo 4 é uma única equação diferencial, que constitui o modelo matemático desejado. Lembre-se, no entanto, de que em problemas mais complexos o modelo matemático resultante pode ser muito mais complicado, podendo envolver, por exemplo, um sistema com várias equações diferenciais.

A construção de modelos matemáticos usando equações diferenciais é uma abordagem poderosa para entender e prever o comportamento de sistemas complexos em uma variedade de campos, incluindo a epidemiologia. Neste trabalho, será abordado um desses modelos, o modelo epidêmico SIR (Suscetível-Infetado-Recuperado), que desempenha um papel no estudo e no controle de doenças infecciosas.

### 2.3 Equações Diferenciais

A utilização de equações diferenciais é fundamental na aplicação de modelos matemáticos. Aqui, abordaremos alguns aspectos da teoria de equações diferenciais.

**Definição 2.2.** Equações diferenciais ordinárias (EDO's) são equações que contêm somente derivadas ordinárias de uma ou mais variáveis dependentes em relação a uma única variável independente e é uma relação do tipo

$$F\left(t, u(t), \frac{du}{dt}, \frac{d^2u}{dt^2}, \frac{d^3u}{dt^3}, \dots, \frac{d^nu}{dt^n}\right) = 0, \quad (1)$$

onde  $u = u(t)$ ,  $\frac{d^k u}{dt^k}$  é a derivada de  $u$  de ordem  $k$  e  $F$  é uma função dada inicialmente.

**Definição 2.3.** A ordem de uma equação diferencial é dada de acordo com a derivada de maior ordem que aparece na equação.

Uma solução de uma equação diferencial é uma função que satisfaz a equação dada.

Uma equação diferencial juntamente com condições iniciais dadas é denominada problema de valor inicial, ou simplesmente PVI, e é uma relação do tipo

$$\begin{cases} \frac{du}{dt} = f(t, u), & t > t_0, \\ u(t_0) = u_0. \end{cases} \quad (2)$$

De modo geral, uma Equação Diferencial Ordinária (EDO) pode ter várias funções que a satisfazem. Para obter uma solução única, é essencial conhecer o valor inicial  $u_0$  da função solução em um ponto específico  $t_0$ . Em suma, os dados do problema devem incluir a condição  $u(t_0) = u_0$ , permitindo a determinação da solução específica da EDO.

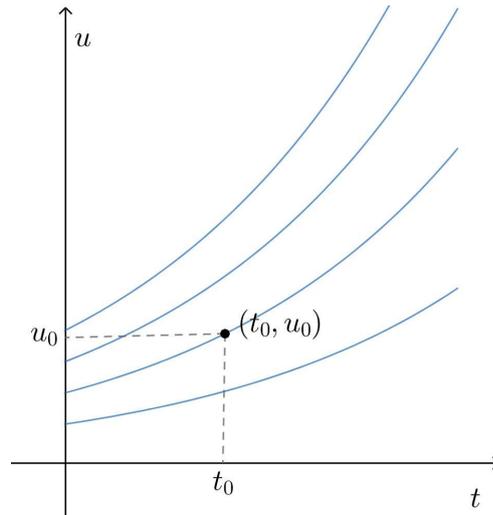


Figura 2: Família de soluções de uma EDO. Fonte: JUVITO (2022).

Em diversas situações, a modelagem de problemas por meio de equações diferenciais envolve mais de uma variável. Considere, por exemplo, o comportamento de um sistema econômico, onde as variáveis podem incluir taxas de produção, demanda e custos. Para abordar e analisar esses problemas, é necessário empregar mais de uma variável dependente e mais de uma equação. Nesses casos, os sistemas de equações diferenciais são ferramentas fundamentais para a análise e resolução.

**Definição 2.4.** Um sistema de equações diferenciais ordinárias de primeira ordem é um conjunto de  $n$  equações que envolvem as  $n$  variáveis dependentes, suas derivadas de primeira ordem e a variável independente:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{du_1}{dt} = F_1(t, u_1, u_2, \dots, u_n) \\ \frac{du_2}{dt} = F_2(t, u_1, u_2, \dots, u_n) \\ \vdots \\ \frac{du_n}{dt} = F_n(t, u_1, u_2, \dots, u_n), \end{array} \right. \quad (3)$$

onde  $u_1, u_2, \dots, u_n$  são as variáveis dependentes da variável independente  $t$ .

Ressalta-se que não é necessário criar sistemas de equações de ordem superior a 1, uma vez que uma equação diferencial de ordem  $k$  pode ser reformulada de maneira equivalente como um sistema de equações diferenciais de primeira ordem.

**Definição 2.5.** Um sistema de equações diferenciais ordinárias de primeira ordem é chamado de autônomo quando as funções  $F_i, i = 1, \dots, n$ , não dependem explicitamente da variável independente  $t$ , mas apenas das variáveis  $u_1, u_2, \dots, u_n$ , ou seja,

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{du_1}{dt} = F_1(u_1, u_2, \dots, u_n) \\ \frac{du_2}{dt} = F_2(u_1, u_2, \dots, u_n) \\ \vdots \\ \frac{du_n}{dt} = F_n(u_1, u_2, \dots, u_n). \end{array} \right. \quad (4)$$

**Definição 2.6.** Um ponto  $x \in \mathbb{R}^n$  é dito ponto de equilíbrio do sistema (4) se  $F_i(x) = 0$ , onde  $i = 1, \dots, n$ .

### 3 ESTRUTURAÇÃO DO MODELO SIR EM TEMPO CONTÍNUO

Nesta seção, aprofundaremos nossa compreensão da estrutura deste modelo epidêmico em tempo contínuo, explorando suas características e especificidades em três cenários diferentes: sem dinâmica vital, com dinâmica vital e a presença de vacinação constante. O modelo SIR em tempo contínuo é uma ferramenta fundamental para analisar como as doenças se propagam ao longo do tempo, considerando variações importantes, como a taxa de natalidade e mortalidade da população, bem como o impacto da vacinação.

O problema que motiva a análise e a criação do modelo SIR é formulado conforme o estudo de Kermack e McKendrick. Em *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*, eles afirmam que “Uma (ou mais) pessoa infectada é introduzida em uma comunidade de indivíduos mais ou menos sensíveis à doença em questão. A doença se espalha a partir do contato do infectado com o não-infectado por contato infeccioso. Cada pessoa infectada passa pelo curso de sua doença, e, finalmente, é removida do número daqueles que estão doentes, por recuperação ou por morte. [...] com o desenrolar da epidemia, o número de membros não-infectados da comunidade se torna reduzido. [...] No decorrer do tempo, a epidemia pode chegar ao fim” (KERMACK e MCKENDRICK, 1927, p. 700-701, tradução Aline de Oliveira Vieira).

#### 3.1 Modelo SIR sem dinâmica vital

Nesta variação do modelo sem dinâmica vital, consideramos o tamanho da população constante, ignorando fatores como nascimentos e mortes na população em meio à análise de uma doença (esses casos serão tratados como casos de remoção). Portanto, não há categorias ou compartimentos específicos para indivíduos que nascem ou morrem no modelo SIR sem dinâmica vital. Essa simplificação é adequada quando a epidemia é de curta duração e o número de nascimentos e mortes é relativamente pequeno em comparação com o tamanho total da população e a taxa de propagação da doença. Ele é adequado para doenças em que a imunidade é permanente ou quando a população não sofre alterações significativas devido a nascimentos ou mortes durante o período da epidemia.

Considere duas taxas não negativas  $\beta$  e  $g$  na modelagem. A taxa de transmissão  $\beta$  representa a taxa segundo a qual os indivíduos suscetíveis se tornam infectados quando entram em contato

com a doença. Enquanto isso, a taxa de recuperação  $g$  representa o ritmo com que os indivíduos infectados se recuperam e desenvolvem imunidade.

A imagem abaixo ilustra o fluxo dos indivíduos no modelo SIR sem dinâmica vital, oferecendo uma representação visual do movimento dos indivíduos ao longo do tempo.

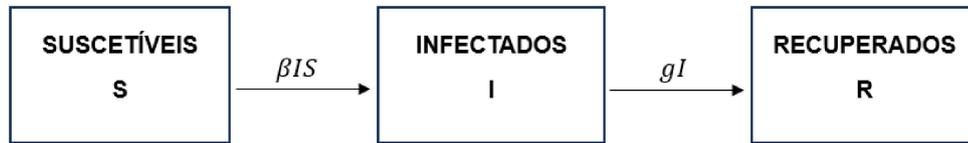


Figura 3: Esquema compartimental do modelo SIR sem dinâmica vital

Vamos assumir que a mudança no número de suscetíveis ao longo do tempo é proporcional à quantidade de contatos entre indivíduos suscetíveis e infectados, e é negativa, uma vez que os indivíduos fazem a transição dessa classe para a classe dos infectados, assim:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta IS. \quad (5)$$

A variação no número de infectados ao longo do tempo é determinada pela diferença entre o número de novas infecções e a parcela de infectados que se recuperaram, adquiriram imunidade ou morreram. Assim:

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta IS - gI. \quad (6)$$

A variação do número de recuperados ao longo do tempo está relacionada à proporção de infectados que se recuperaram, adquiriram imunidade ou morreram. Dessa forma:

$$\frac{dR(t)}{dt} = gI \quad (7)$$

Dessa maneira, as equações (5), (6) e (7) representam o modelo SIR sem dinâmica vital:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta IS \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta IS - gI \\ \frac{dR(t)}{dt} = gI \end{cases} . \quad (8)$$

Sabendo que a população total,  $T(t)$ , é dada pela soma das populações dos indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados e, por hipótese, é constante (logo, podemos assumir  $T \equiv 1$ ), temos:

$$S(t) + I(t) + R(t) = T(t) = 1 \quad (9)$$

A terceira equação do sistema (8) pode ser obtida por meio de (9) e das demais equações de (8). Segue-se que, para a análise deste modelo, podemos considerar apenas as duas primeiras equações do sistema (8), ou seja,

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta IS \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta IS - gI \end{cases} \quad (10)$$

No modelo SIR proposto, duas intervenções desempenham um papel de destaque. O primeiro deles é a intensidade da infecção, que define a maneira como o vírus se propaga e a rapidez com que se dissemina na população. O segundo parâmetro é o índice de reprodutibilidade basal, que exerce influência significativa no crescimento, estabilização e declínio da doença. Essas intervenções desempenham um papel crucial em nossa compreensão da dinâmica de epidemias e são determinantes na formulação de estratégias eficazes de controle e prevenção.

### 3.1.1 Intensidade de infecção

A intensidade de infecção é um fator determinante no grau de risco que um indivíduo suscetível, pertencente à população, enfrenta ao se tornar infectado. Isso nos permite avaliar até que ponto um indivíduo já infectado pode disseminar potencialmente a doença para outros. O parâmetro  $\beta$ , associado à taxa de crescimento da infecção, desempenha um papel crucial nesse processo, regendo a transição da população de suscetíveis ( $S(t)$ ) para a população de infectados ( $I(t)$ ). A fração de indivíduos infectados é diretamente influenciada pela taxa de infecção  $\beta$  em relação ao total de habitantes da população, representada por  $T(t)$ . Sabendo que um indivíduo infectado não pode infectar outros indivíduos a não ser os suscetíveis, a capacidade de um indivíduo infectado infectar outras pessoas é dada por

$$\frac{\beta S(t)}{T(t)}, \quad (11)$$

chamada de razão de infecção. Assim, a quantidade de novos infectados num dado tempo  $t$  é

$$\frac{\beta IS}{T}, \quad (12)$$

chamada de incidência da doença, que representa a transferência dos indivíduos da classe de suscetíveis para a classe de infectados.

### 3.1.2 Reprodutibilidade basal

Um dos principais aspectos que estamos investigando é determinar se a doença terá capacidade de se espalhar. Se a doença se propagar, analisaremos sua trajetória ao longo do tempo até que sua infecção seja interrompida.

Uma condição necessária para que a doença se espalhe na população é ter a variação dos infectados maior do que zero. Analisando a segunda equação do sistema (10), uma condição necessária para que uma doença se espalhe na população é ter a variação dos infectados ao longo do tempo maior do que zero, ou seja,

$$\frac{dI}{dt}(0) > 0 \iff (\beta S_0 - g)I_0 > 0 \iff \frac{\beta S_0}{g} > 1. \quad (13)$$

O número  $R_0 = \frac{\beta S_0}{g}$  é definido como a taxa de reprodutibilidade basal. Este índice  $R_0$  é o termo utilizado para designar o número de casos secundários da doença gerados a partir de um caso primário que um indivíduo infectado produz durante todo o seu período de infecção entre a população inteiramente suscetível. Essa taxa descreve a capacidade de uma doença infecciosa de se espalhar em uma população.

Por (13) sabemos que a doença se espalha se cada indivíduo infectar mais de 1 suscetível, ou seja,

$$R_0 > 1 \iff \frac{\beta S_0}{g} > 1 \iff S_0 > \frac{g}{\beta}. \quad (14)$$

Portanto, há um número crítico de suscetíveis quando  $S_0 > \frac{g}{\beta}$  para que a doença se espalhe. Caso  $R_0 > 1$ , ocorre um crescimento no número de indivíduos infectados, resultando em uma epidemia. Se  $R_0 < 1$ , uma epidemia tende a declinar e desaparecer gradualmente. Por outro lado, quando  $R_0 = 1$ , a doença continua de maneira instável na população, podendo se disseminar ou extinguir.

### 3.1.3 Número de infectados em função do número de suscetíveis

Outra maneira de analisar a propagação da doença é observar como o número de infectados varia em relação ao número de suscetíveis, ou seja,  $I(S)$ . Vamos iniciar esta análise examinando a derivada de  $I$  em relação a  $S$ .

$$\frac{dI}{dS} = \frac{dI/dt}{dS/dt} = \frac{\beta IS - gI}{-\beta IS} = -1 + \frac{g}{\beta S}. \quad (15)$$

Por uma questão de simplicidade notacional, sejam

$$\dot{S} = \frac{dS(t)}{dt} \quad \text{e} \quad \dot{I} = \frac{dI(t)}{dt}.$$

Embora expressemos  $I$  em termos de  $S$ , é importante lembrar que, após o início da propagação da doença, quando tivermos um número inicial de suscetíveis  $S_0$ , uma quantidade de indivíduos suscetíveis diminuirá à medida que o tempo avança. Portanto, para que uma epidemia seja estabelecida, é necessário que o número inicial de suscetíveis  $S_0$  seja tal que  $\frac{\dot{I}}{\dot{S}}(S_0) < 0$  (pois, à medida que  $S$  diminui,  $I$  aumenta), ou seja,  $\frac{g}{\beta S_0} < 1$ , o que implica em  $S_0 > \frac{g}{\beta}$ .

Integrando (15) com relação a  $S$ , teremos:

$$I(S) = -S + \frac{g}{\beta} \ln(S) + k, \quad (16)$$

sendo  $k$  uma constante de integração. Observe a família de soluções:

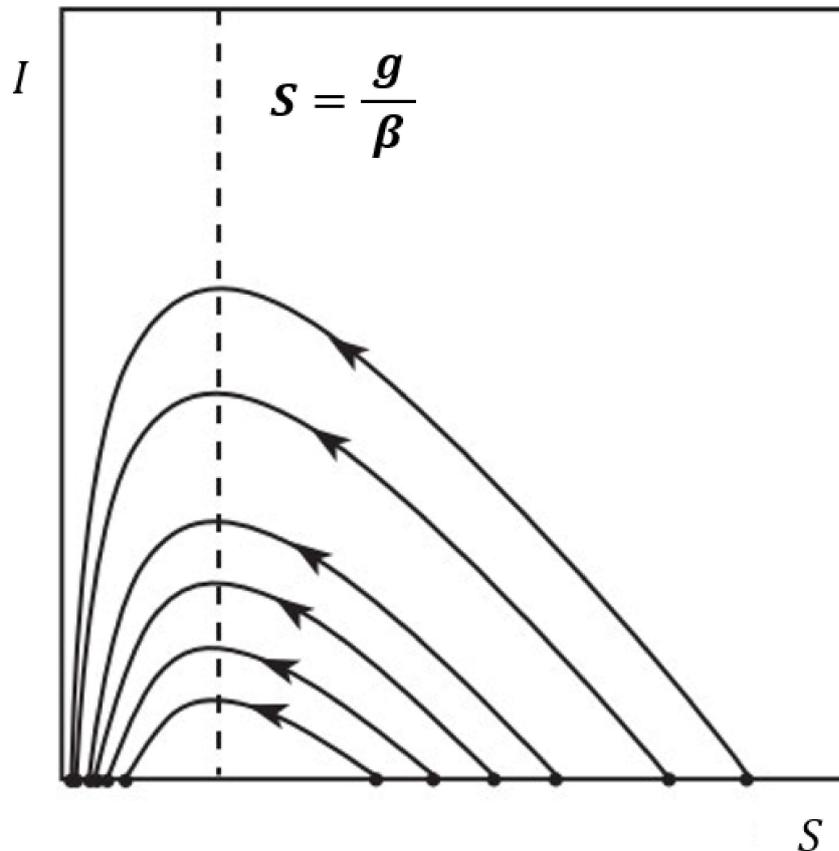


Figura 4: Família de soluções de (16). Figura adaptada.

Ao analisarmos a família de soluções, observamos que o comportamento de uma epidemia está inicialmente relacionado à quantidade de indivíduos suscetíveis,  $S_0$ , na população. Em outras palavras, quanto maior o número de indivíduos suscetíveis acima do valor crítico  $\frac{g}{\beta}$ , maior será o número de indivíduos que se tornarão infectados. À medida que o número de suscetíveis diminui até atingir o limite  $S(t) = \frac{g}{\beta}$  em algum ponto no tempo  $t$ , uma epidemia se encerra, e o número de novos infectados começa a diminuir até atingir zero. Enquanto isso há uma grande entrada de novos indivíduos na classe dos recuperados.

Assim, se  $I_0 = 0$  a população está livre da doença e  $S_0 = S(t) = T(t)$ , para todo  $t$ . Mas, se  $I_0 > 0$ , temos o seguinte:

- Se  $S_0 \leq \frac{g}{\beta}$ , o número de infectados decrescerá até chegar a zero;
- Se  $S_0 > \frac{g}{\beta}$  então teremos uma epidemia, com o número de infectados crescendo até que se atinja o valor crítico de suscetíveis  $S(t) = \frac{g}{\beta}$ , para algum instante de tempo  $t$ , quando, então,  $I(t)$  começa a decrescer até zerar.

### 3.2 Modelo SIR com dinâmica vital

Nesta variação do modelo SIR considera-se o número de nascimentos e mortes na população. Os nascimentos referem-se aos indivíduos suscetíveis (livres da doença). É importante observar que as mortes podem ser por causas naturais ou em decorrência da doença e que o número de nascimentos é igual ao número de mortes, mantendo assim uma população  $T$  constante. Definimos os parâmetros não negativos  $m$ ,  $\beta$  e  $g$  como taxa de natalidade/mortalidade, taxa de infecção e taxa de recuperação, respectivamente.

Admitimos as seguintes hipóteses para a utilização do modelo SIR: (i) todos os indivíduos nascem suscetíveis; (ii) tamanho da população constante (para isso, consideramos as taxas de natalidade e mortalidade constantes e iguais); (iii) infectados que se recuperam ganham imunidade; (iv) interação entre os componentes se dá de forma homogênea; (v) não há emigração nem imigração.

Veja abaixo a representação do modelo SIR com dinâmica vital:

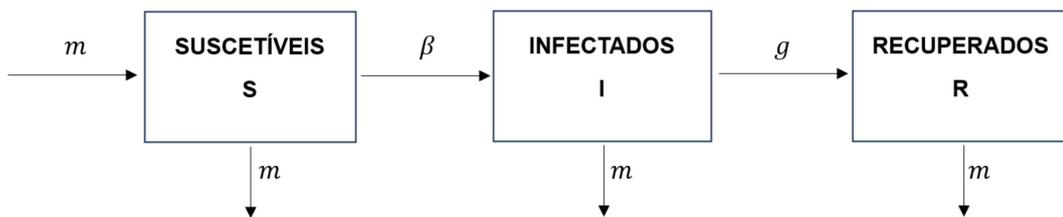


Figura 5: Esquema compartimental do modelo SIR com dinâmica vital

As setas indicam o fluxo de entrada e saída de cada compartimento segundo as taxas  $m$ ,  $\beta$  e  $g$ . Se  $m$  ou  $g$  é igual a 0 e 1, estamos diante de casos triviais (por exemplo, se  $m = 0$ , não haverá nascimento ou mortalidade dos indivíduos da população, então, com o passar do tempo, todos os indivíduos suscetíveis se tornariam infectados e, posteriormente, recuperados). Logo, consideramos para estes parâmetros as seguintes restrições:  $0 < m, g < 1$ .

A partir do esquema compartimental apresentado na figura 3, montamos o modelo SIR com dinâmica vital em tempo contínuo, obtendo o seguinte sistema de equações:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = mT - \frac{\beta IS}{T} - mS \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta IS}{T} - mI - gI \\ \frac{dR}{dt} = gI - mR \end{cases}, \quad (17)$$

onde  $S(t)$  representa a população de suscetíveis (indivíduos que estão propensos à infecção, caso sejam expostos à doença),  $I(t)$  representa a população de infectados (indivíduos que contraíram a doença e podem transmiti-la aos suscetíveis) e  $R(t)$  representa a população de recuperados (indivíduos que são imunes à infecção e, conseqüentemente, não afetam de nenhuma forma a dinâmica de transmissão).

Sabendo que a população total,  $T(t)$ , é dada pela soma das populações dos indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados e, por hipótese, é constante, temos  $\frac{dT(t)}{dt} = 0$ . Além disso, podemos assumir  $T \equiv 1$ , ou seja,

$$S(t) + I(t) + R(t) = T(t) = 1 \quad (18)$$

Assim, obtemos:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = m - \beta IS - mS \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - mI - gI \\ \frac{dR}{dt} = gI - mR \end{cases} \quad (19)$$

Com isso, temos a taxa de variação de indivíduos em cada compartimento no instante de tempo  $t$ . A terceira equação de (19) pode ser obtida por meio de (18) e das demais equações de (19), sendo

$$R(t) = 1 - S(t) - I(t). \quad (20)$$

### 3.2.1 Pontos de equilíbrio do modelo em dinâmica vital

Segue-se que, para a análise deste modelo, podemos considerar apenas as duas primeiras equações do sistema (19), ou seja,

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = m - \beta IS - mS \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - mI - gI \end{cases} \quad (21)$$

Os pontos de equilíbrio do sistema ocorrem quando as populações de suscetíveis e infectados mantêm-se constantes, ou seja, não apresentam crescimento ou decréscimo. Em termos matemáticos, esses pontos de equilíbrio são definidos quando as derivadas se igualam a zero.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = 0 \\ \frac{dI}{dt} = 0 \end{cases} \quad (22)$$

**Proposição 3.1.** *O sistema (21) apresenta os pontos de equilíbrio  $E_0 = (1, 0)$ , chamado equilíbrio livre de infecção, e  $E_1 = \left(\frac{m+g}{\beta}, \frac{m}{m+g} \left[1 - \frac{m+g}{\beta}\right]\right)$ , chamado de equilíbrio epidêmico.*

*Demonstração.* Devemos encontrar os pontos  $(S, I)$  soluções do seguinte sistema homogêneo

$$\begin{cases} m - \beta IS - mS = 0 \\ \beta IS - mI - gI = 0 \end{cases} \quad (23)$$

Da segunda equação de (23), temos

$$(\beta S - g - m)I = 0$$

deste modo,

$$I = 0 \quad \text{ou} \quad \beta S - g - m = 0.$$

Caso  $I = 0$ , substituindo na primeira equação, obtemos

$$m - mS = 0;$$

assim, como  $0 < m < 1$ , temos

$$S = 1.$$

Assim  $E_0 = (1, 0)$  é um ponto de equilíbrio do sistema (21).

Por outro lado, se  $\beta S - g - m = 0$ , ou seja,  $S = \frac{m+g}{\beta}$ , temos

$$m - \beta I \frac{m+g}{\beta} - m \frac{m+g}{\beta} = 0$$

que pode ser reescrito como

$$I(m+g) = m \left[ 1 - \frac{m+g}{\beta} \right]$$

e nos fornece

$$I = \frac{m}{m+g} \left[ 1 - \frac{m+g}{\beta} \right].$$

Deste modo,  $E_1 = \left( \frac{m+g}{\beta}, \frac{m}{m+g} \left[ 1 - \frac{m+g}{\beta} \right] \right)$  é o outro ponto de equilíbrio do sistema (21). □

### 3.2.2 Condição epidêmica

Uma condição necessária para que a doença se espalhe na população é ter a variação dos infectados maior do que zero. Analisando a segunda equação de (21), vemos que

$$\frac{dI}{dt}(0) > 0 \Rightarrow (\beta S(0) - m - g)I(0) > 0 \Rightarrow R_0 = \frac{\beta S(0)}{m+g} > 1 \quad (24)$$

em que a constante  $R_0 = \frac{\beta S(0)}{m+g}$  é denominada reprodutibilidade basal (é o número médio de infecções causada por um único indivíduo). Sabemos que será estabelecida uma epidemia quando  $R_0 > 1$ , isto é, se

$$S(0) > \frac{m+g}{\beta} \quad (25)$$

Então, existe um número crítico de suscetíveis  $S(0) > \frac{m+g}{\beta}$  para que a doença se espalhe na população. Portanto, se  $I(0) = 0$  a população está livre da doença, mas, se  $I(0) > 0$ , temos o seguinte:

- Se  $S(0) \leq \frac{m+g}{\beta}$ , o número de infectados decrescerá até chegar a zero;
- Se  $S(0) > \frac{m+g}{\beta}$ , então teremos uma doença se espalhando na população, com o número de infectados crescendo até que se atinja o valor crítico de suscetíveis  $S(t) = \frac{m+g}{\beta}$ , para algum instante de tempo  $t$ , quando, então,  $I(t)$  começa a decrescer até zerar.

### 3.3 Modelo SIR com vacinação constante

A implementação de medidas de controle, como a vacinação, é uma abordagem eficaz para gerenciar a transmissão de doenças. Consideramos  $p$  a proporção de sucesso da campanha de vacinação constante, sendo  $0 < p < 1$ . Para modelos com vacinação constante, o esquema compartimental pode ser descrito abaixo

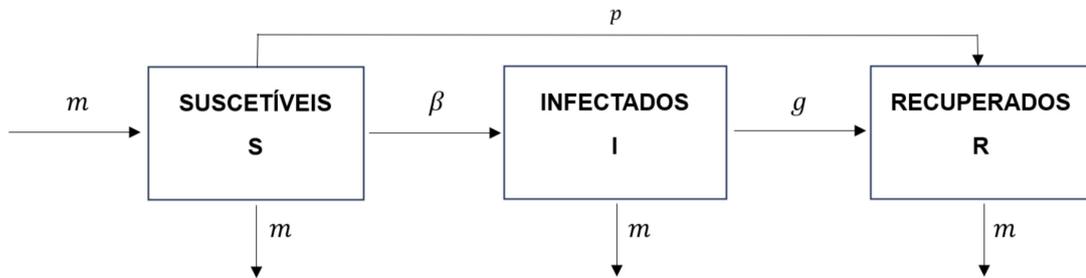


Figura 6: Esquema compartimental do modelo SIR com vacinação constante

As setas indicam o fluxo de entrada e saída de cada compartimento e os parâmetros  $m$ ,  $\beta$ ,  $p$  e  $g$  representam as taxas de natalidade/mortalidade, de infecção, vacinação e de recuperação, respectivamente. Lembrando que  $0 < m, g < 1$  e  $\beta > 0$ .

O tamanho da população é normalizado para a unidade, sendo  $S(t) + I(t) + R(t) = T(t) = 1$

Com as campanhas de vacinação constantes, a proporção de indivíduos recém-nascidos suscetíveis diminui para  $(1-p)m$ , enquanto o compartimento dos indivíduos recuperados tem um aumento de  $pm$ . Levando em conta que a população total foi normalizada para a unidade, o sistema de equações contínuas para o modelo com vacinação constante é definido da seguinte forma

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = (1-p)m - \beta IS - mS \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - mI - gI \\ \frac{dR}{dt} = pm + gI - mR \end{cases} \quad (26)$$

Para analisarmos os pontos de equilíbrio do sistema (26), basta considerarmos as duas primeiras equações,  $\frac{dS}{dt}$  e  $\frac{dI}{dt}$ . De maneira análoga aos modelos sem dinâmica vital e com dinâmica vital, a última equação do sistema pode ser obtida por meio das demais equações e o fato da população ser normalizado para a unidade.

Ressaltamos que, para ser usado um modelo com uma campanha de vacinação, só faz sentido se tivermos uma reprodutividade basal maior que 1,  $R_0 > 1$ . Como foi mostrado nos modelos anteriores, caso  $R_0 < 1$ , o sistema declinará para o ponto livre de infecção e não haverá epidemia, tornando desnecessária a aplicação de uma estratégia de vacinação. O cálculo de  $R_0$  é o mesmo utilizado no modelo com dinâmica vital, em vista que não houve mudanças na equação de infectados.

### 3.3.1 Pontos de equilíbrio do modelo em vacinação constante

Vamos encontrar os pontos de equilíbrio do sistema (26), utilizando as equações de suscetíveis e de infectados do modelo SIR em questão.

**Proposição 3.2.** *O sistema para o modelo com campanha de vacinação constante admite dois pontos de equilíbrio,  $E_0 = (1 - p, 0)$ , chamado de equilíbrio livre de infecção, e  $E_1 = \left( \frac{m + g}{\beta}, m \left[ \frac{1 - p}{m + g} - \frac{1}{\beta} \right] \right)$ , chamado de equilíbrio epidêmico.*

*Demonstração.* Com o intuito de encontrarmos os pontos de equilíbrio do sistema, devemos fazer

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = 0 \\ \frac{dI}{dt} = 0 \end{cases}.$$

Deste modo, temos

$$\begin{cases} (1 - p)m - \beta IS - mS = 0 \\ \beta IS - mI - gI = 0 \end{cases}.$$

Da segunda equação do sistema, obtemos  $(\beta S - m - g)I = 0$ . Então,

$$I = 0 \text{ ou } S = \frac{m + g}{\beta}$$

Caso  $I = 0$ , substituindo na primeira equação, temos  $S = 1 - p$ . Logo  $E_0 = (1 - p, 0)$  é o primeiro ponto de equilíbrio, chamado equilíbrio livre de infecção.

Por outro lado, sendo  $S = \frac{m + g}{\beta}$ , substituindo na primeira equação:

$$(1 - p)m - \frac{\beta(m + g)I}{\beta} - \frac{m(m + g)}{\beta} = 0,$$

ou seja,

$$(m + g)I = \frac{(1 - p)m\beta - m(m + g)}{\beta};$$

assim,

$$I = \frac{(1 - p)m\beta - m(m + g)}{\beta(m + g)},$$

que pode ser reescrito como

$$I = \frac{(1-p)m\beta}{\beta(m+g)} - \frac{m(m+g)}{\beta(m+g)};$$

então

$$I = \frac{(1-p)m}{(m+g)} - \frac{m}{\beta},$$

que nos fornece

$$I = m \left[ \frac{1-p}{m+g} - \frac{1}{\beta} \right].$$

Então  $E_1 = \left( \frac{m+g}{\beta}, m \left[ \frac{1-p}{m+g} - \frac{1}{\beta} \right] \right)$  é o segundo ponto de equilíbrio do sistema (26), chamado equilíbrio epidêmico.  $\square$

### 3.4 Outra abordagem de $R_0$ no modelo SIR simples

No modelo SIR mais simples, em que assume-se uma população constante e desconsideram-se fatores como nascimentos e mortes de indivíduos na população, a equação que determina a variação dos infectados é dada da seguinte forma

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta IS}{T} - gI, \quad (27)$$

em que as taxas  $\beta$  e  $g$  representam os parâmetros de infecção e recuperação, respectivamente. Com isso, temos a taxa de variação de indivíduos no compartimento de infectados no instante de tempo  $t$ . A população total  $T(t)$  é dada pela soma dos indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados.

**Proposição 3.3.** *O parâmetro  $R_0$  de reprodutibilidade basal, dado por meio da equação de infectados (27) possui  $R_0 = \frac{\beta}{g}$  como valor.*

*Demonstração.* Na condição inicial de uma doença, vamos assumir que a quantidade de suscetíveis  $S(t)$  é igual a população total  $T(t)$ . Assim, de (27),

$$\frac{dI}{dt} = \beta I - gI;$$

daí,

$$I'(t) - (\beta - g)I = 0.$$

Resolvendo esta EDO pelo método do fator integrante, temos que seu fator de integração é

$$\mu = e^{\int -(\beta-g)dt} \Rightarrow \mu = e^{-(\beta-g)t};$$

multiplicando o fator de integração na EDO, temos

$$I'(t) \cdot e^{-(\beta-g)t} - (\beta - g)I \cdot e^{-(\beta-g)t} = 0;$$

assim,

$$[e^{-(\beta-g)t} \cdot I(t)]' = 0$$

Aplicando a integral em ambos os lados da igualdade, temos

$$e^{-(\beta-g)t} \cdot I(t) = I(0),$$

que nos fornece

$$I(t) = I(0) \cdot e^{(\beta-g)t},$$

considerando que  $I(t) \geq 0 \Leftrightarrow I(0) \geq 0$ .

Da função encontrada, temos

$$I(t) = I(0) \cdot e^{g\left(\frac{\beta}{g}-1\right)t};$$

o termo  $\frac{\beta}{g}$  é a reprodutibilidade basal desejada; assim:

$$R_0 = \frac{\beta}{g}.$$

□

Note que a função  $I(t) = I(0) \cdot e^{g(R_0-1)t}$  admite crescimento exponencial quando  $R_0 > 1$ ; logo, neste caso, temos uma epidemia. Caso contrário, se  $R_0 < 1$  teremos um decrescimento exponencial, que implicaria a não existência de uma epidemia.

### 3.5 Simulação dos pontos de equilíbrio do modelo SIR

Podemos usar ferramentas computacionais para investigar os pontos de equilíbrio do modelo SIR e seus comportamentos. A figura abaixo descreve o ponto de equilíbrio endêmico para uma população pequena de pessoas suscetíveis a um vírus, com o objetivo de mostrar o comportamento de cada população (representada por suas curvas). Trabalhamos com o simulador criado por Juan Carlos Ponce Campuzano no GeoGebra (<https://www.geogebra.org/classic/utbemrca>).

Quando analisamos as curvas representativas de cada compartimento ao longo do tempo, um dos aspectos mais importantes é identificar os pontos de equilíbrio. Esses pontos são aqueles em que as derivadas em relação ao tempo de cada compartimento são iguais a zero. Ao identificar esses pontos de equilíbrio nas curvas, podemos determinar como a epidemia se desenvolve ao longo do tempo. Por exemplo, se a taxa de infecção superar a taxa de recuperação, a epidemia continuará a se espalhar. Se a taxa de recuperação superar a taxa de infecção, a epidemia diminuirá. Essa análise ajuda a compreender a evolução das epidemias e é fundamental para o planejamento de medidas de controle e intervenções de saúde pública.

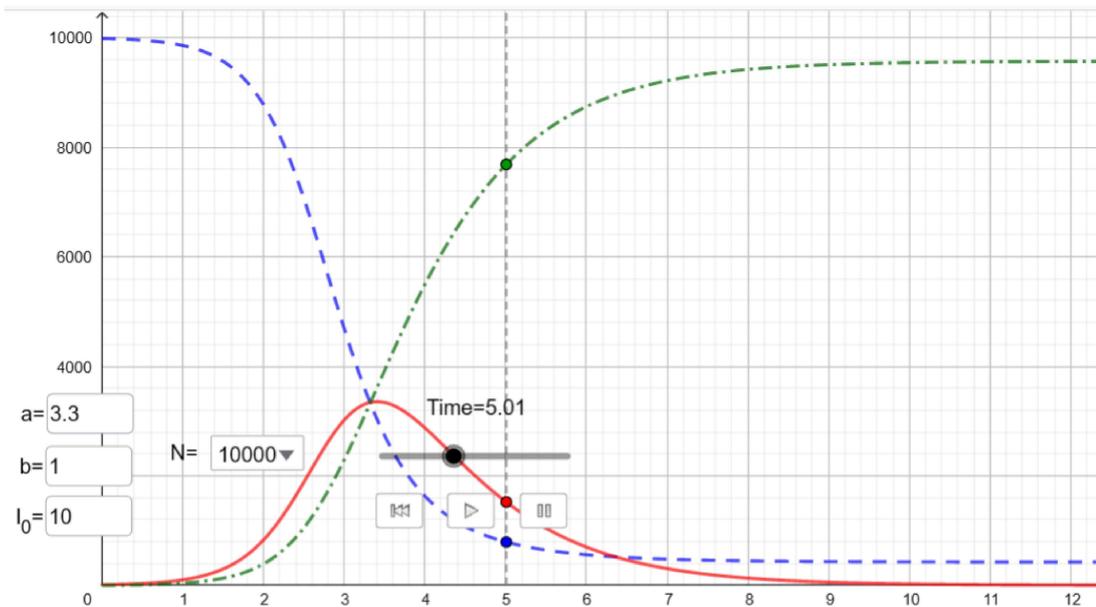


Figura 7: Simulador do modelo SIR simples criado por Juan Carlos Ponce Campuzano

#### 4 CONCLUSÃO

Em síntese, a análise do modelo SIR revela-se não apenas como uma ferramenta matemática robusta para compreender a propagação de doenças infecciosas, mas também como um instrumento valioso para orientar estratégias de controle. Ao explorar os pontos de equilíbrio, dinâmicas vitais e cenários de vacinação constante, este estudo proporcionou uma visão introdutória sobre a epidemiologia matemática.

As conclusões obtidas a partir de um modelo se destacam por sua aplicação direta em políticas de saúde pública e tomada de decisões durante surtos epidêmicos.

Nesse cenário, esse estudo evidenciou a importância da epidemiologia matemática e ofereceu a seu autor uma contribuição enriquecedora para sua formação acadêmica e uma base sólida para futuros estudos, em nível de pós-graduação.

## REFERÊNCIAS

- BOYCE, William; DIPRIMA, Richard. **Equações Diferenciais Elementares e Problemas de Valores de Contorno**. Rio de Janeiro: LTC, 2010.
- VIEIRA, Aline. **Estudos sobre Modelos Matemáticos Aplicados à Epidemiologia: Modelo SIR, SIR com vacinação e SIRS**. Monografia (Licenciatura em Matemática) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo, São Paulo, 2016.
- ALMEIDA, Priscila Roque. **Modelos Epidêmicos SIR, Contínuos e Discretos, e Estratégias de Vacinação**. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2014.
- KERMACK, William Ogilvy; MCKENDRICK, Anderson Gray. **A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics - I**. Proc. R. Soc. Lond. A, 115, 1927. p. 700-721.
- ROSARIO, Eduardo. **Modelos SIR e SIRS Aplicados à Dinâmica da Covid-19 no Estado do Amapá e Região Metropolitana**. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências e Tecnologia, Presidente Prudente, 2012.
- BERTONE, Ana Maria; BASSANEZI, Rodney; JAFELICE, Rosana Sueli. **Modelagem Matemática**. Uberlândia, MG. UFU, 2014.
- SILVA, Maria Aparecida Juvito. **Análise Matemática de Modelos Epidemiológicos: SIR e SIS**. Monografia (Licenciatura em Matemática) – Universidade Federal da Paraíba, Centro de Ciências Exatas e da Natureza, João Pessoa, PB, 2022.
- FIGUEIREDO, Djairo; NEVES, Aloisio. **Equações diferenciais aplicadas**. 2. ed. Rio de Janeiro: IMPA, 2005.
- BASSANEZI, Rodney. **Ensino-aprendizagem com modelagem matemática: uma nova estratégia**. 3ª ed. 4ª reimpressão. São Paulo: Editora Contexto, 2013.
- VALLE, Claudio Prado. **Uma sugestão de modelagem no ensino básico para a COVID-19 em Goiás**. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Goiás, Instituto de Matemática e Estatística (IME), PROFMAT, Goiânia, Goiás, 2021.
- SANTOS, Paulo Vinicius. **Modelagem Matemática de Crescimento e Epidemiologia: Aspectos Educacionais**. Dissertação (mestrado) – Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Instituto de Matemática e Estatística, PROFMAT, Rio de Janeiro, RJ, 2021.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus pelo dom da minha vida, por ter me dado a oportunidade de cursar matemática, conseguir superar as dificuldades durante o curso e por todas as conquistas alcançadas nessa trajetória.

A minha eterna mãe Francisca, que sempre esteve ao meu lado, apoiando-me nos meus estudos. Ela não apenas se orgulhava de minhas conquistas, mas também foi uma fonte constante de motivação, encorajando-me a persistir nos meus sonhos. Desde o final do ensino médio, prosseguir sem a presença da senhora tem sido desafiador. Sou imensamente grato por todo o apoio e amor que sempre dedicou a mim.

Ao meu pai Manoel Filho, por todo apoio e carinho, sou grato por tudo que o senhor têm feito por mim. Meus irmãos Maria Aparecida e Marcílio, obrigado pelo suporte e incentivo que sempre me deram. Gratidão a todos os meus familiares e amigos, obrigado pelo incentivo e por sempre acreditarem no meu potencial.

Aos grandes amigos que a matemática me presenteou, agradeço em especial a Cleyson e Manoel por sempre terem sido amigos presentes durante todo o curso, superando as dificuldades e traçando metas, a jornada se tornou mais leve ao lado de vocês. Agradeço também a todos os amigos da minha turma, que também me ajudaram bastante durante o curso, vocês fazem parte da minha jornada acadêmica, foi um prazer estar com cada um de vocês.

A todos os professores que passaram na minha trajetória acadêmica, a vocês toda minha gratidão pelos conhecimentos compartilhados. Ao meu orientador Arlandson, pelo incentivo, apoio e confiança na escrita desse trabalho.

À Universidade Estadual da Paraíba pelo apoio e suporte acadêmico.