

Illum Escola de Ciência

# Notas de Matemática: Biomatemática

Prof. Dr. Vinícius Francisco Wasques

16 de dezembro de 2023, Campinas

# Sumário

<b>1 Modelos em Biomatemática</b>	<b>2</b>
1.1 Decaimento Radioativo	3
1.1.1 Meia Vida	5
1.1.2 Análise Dimensional	6
1.2 Resfriamento de um Corpo	7
1.3 Difusão através de uma Membrana	8
1.4 Dinâmica Populacional	9
1.4.1 Modelo de Malthus	9
1.4.2 Modelo de Verhulst	10
1.4.3 Modelo de Gompertz	12
1.5 Pontos de Equilíbrio e Análise de Estabilidade	13
1.6 Lei da Alometria	15
1.7 Equação de Bernoulli	15
1.7.1 Crescimento de Peixes	16
<b>2 Sistemas de EDO's lineares bidimensionais</b>	<b>18</b>
2.1 Soluções do Sistema de EDOs com coeficientes constantes	19
2.2 Modelo Presa-Predador de Lotka-Volterra	23
2.3 Modelos epidemiológicos	26
2.4 Modelo <i>SI</i> de Kermack e McKendrick (1927)	26
2.5 Modelo <i>SIR</i> de Kermack e McKendrick (1927)	27
2.6 Modelo <i>SIRS</i>	27
2.6.1 Taxa de Reprodutibilidade Basal ( $R_0$ )	27
2.6.2 Análise de Estabilidade e sua Relação com $R_0$	28
2.7 Modelo <i>SIS</i>	29

# Introdução

Este texto traz um breve resumo do conteúdo de **Biomatemática** estudado pela turma 2022 da Ilum Escola de Ciência. Os tópicos abordados aqui corresponderão a um estudo direcionado para problemas biológicos do ponto de vista matemático. Espera-se que os alunos utilizem todo o conteúdo matemático e computacional visto até o momento no curso para modelar e resolver problemas dentro da área de Biomatemática.

Inicialmente esse material servirá como guia e também um resumo do conteúdo já visto pelos alunos. Os exemplos e exercícios propostos aqui são em sua maioria os mesmos discutidos em sala de aula.

Fica aqui o agradecimento aos Professores Doutores Laécio Carvalho de Barros e Estevão Esmi Laureano que cederam alguns dos conteúdos de suas notas de aula para a produção deste material.

Bibliografias principais: [Barros and Esmi \(2019\)](#); [Edelstein-Keshet \(2006\)](#); [Segel and Edelstein-Keshet \(2014\)](#); [Murray \(2011\)](#).

# Capítulo 1

## Modelos em Biomatemática

Neste capítulo apresentaremos alguns dos modelos mais conhecidos na área de Biomatemática. Os tipos de modelos mais considerados são os *modelos contínuos* e os *modelos discretos*. O que diferencia um do outro é que os modelos contínuos são descritos por equações diferenciais, enquanto que os modelos discretos são descritos por equações de diferenças.

Neste texto vamos abordar apenas os modelos contínuos. Para modelos discretos sugerimos a leitura de [Barros and Esmi \(2019\)](#). Mas a fim de dar um panorama geral de uma abordagem via equações de diferenças, vamos fazer uma breve contextualização dessa abordagem. Os modelos discretos servem para descrever fenômenos ou comportamentos discretos. Isto significa que as grandezas que os descrevem são medidas em instantes isolados, formando uma sequência  $(x_t)$ , em que  $t$  representa uma unidade de tempo e  $x$  a medida. Nestes casos, as equações diferenciais não são o instrumento mais adequado para exprimir a evolução desses fenômenos.

Existem dois tipos de equações de diferenças: *autônomas* e *não-autônomas*. Uma equação de diferenças autônoma, de ordem  $k$ , é uma equação da forma:

$$x_{t+k} = f(x_{t+k-1}, x_{t+k-2}, \dots, x_t) \quad (1.1)$$

em que  $f$  é uma função independente (que faz um papel do campo de direções no caso das equações diferenciais) cujas variáveis são dadas pela sequência  $(x_0, x_1, \dots, x_t, \dots)$  que satisfaz (1.1). Quando  $f$  depende da unidade  $t$ , diremos que a equação de diferenças é não-autônoma.

Por exemplo, a equação de diferenças  $x_t = tx_{t-1}$  é não-autônoma, enquanto que a equação de diferenças  $x_t = x_{t-1} + x_{t-2}$  é autônoma. A equação de diferenças  $x_t = x_{t-1} + x_{t-2}$  é também conhecida como *sequência de Fibonacci*, que foi utilizada para descrever o crescimento populacional de coelhos (veja [Barros and Esmi \(2019\)](#); [Alves \(2023\)](#) para entender a modelagem do problema). Equações de diferenças, apesar de parecerem mais simples, possuem complexidades. Para ilustrar esse comentário, sugerimos a visualização do vídeo [This equation will change how you see the world \(the logistic map\) - Veritasium](#).

A forma de tratar equações de diferenças é totalmente diferente das equações diferenciais, por isso deixaremos de lado equações de diferenças e focaremos nas equações diferenciais. Começaremos por meio de um modelo simples, chamado de *decaimento*, trazendo alguns aspectos importantes dentro da área de Biomatemática.

## 1.1 Decaimento Radioativo

A atividade de uma substância radioativa é medida pelo número de desintegrações por unidade de tempo. Sabe-se que essa atividade é proporcional ao número de átomos radioativos presentes em cada instante. A formulação matemática dessa afirmação pode ser escrita da seguinte forma: se  $N(t)$  é o número de átomos radioativos na amostra no instante  $t$  e  $N_0 = N(0)$  é a quantidade inicial desses átomos, então

$$\frac{dN}{dt} = -\mu N, \quad (1.2)$$

onde  $\mu > 0$  é a constante de desintegração.

Perceba que  $N(t)$  deve sempre ser um valor positivo. Ainda mais, sendo  $\mu > 0$ , então  $-\mu N < 0$ , e portanto,  $\frac{dN}{dt} < 0$ . Isso significa que o modelo (1.2) está assumindo que o número de átomos na amostra diminui ao longo do tempo, o que é razoável.

A solução dessa equação pode ser obtida por meio do método de equações separáveis, isto é:

$$\begin{aligned} \frac{dN}{dt} = -\mu N &\Rightarrow \frac{1}{N} \frac{dN}{dt} = -\mu \\ \frac{1}{N} dN &= -\mu dt \\ \int \frac{1}{N} dN &= \int -\mu dt \\ \ln N &= (-\mu)t + C \\ N(t) &= e^{-\mu t + C} \\ N(t) &= K e^{-\mu t}, \end{aligned}$$

em que  $K = e^C$ .

Podemos encontrar o valor da constante  $K$ , dada acima, usando a condição inicial  $N(0) = N_0$ . De fato,

$$N_0 = N(0) = K e^0 = K \Rightarrow K = N_0.$$

Assim, a solução da equação do decaimento radioativo é a dada por

$$N(t) = N_0 e^{-\mu t}$$

Levando em consideração que  $N = \frac{N_A}{A} m$ , onde  $A$  é o número de massa do elemento radioativo e  $N_A$  é o número de avogrado, a razão  $\frac{N_A}{A}$  é constante para cada elemento e mede o número de átomos em um grama desse elemento. Assim, podemos escrever a lei de atividade como

$$\frac{N_A}{A} m(t) = \frac{N_A}{A} m(0) e^{-\mu t} \Rightarrow m(t) = m(0) e^{-\mu t}$$

A constante  $\mu$  é determinada experimentalmente e é característica de cada elemento radioativo. Ela permite dizer se o elemento tem vida curta ou longa. É importante frisar que, na obtenção da solução chegamos na equação  $\frac{1}{N} \frac{dN}{dt} = -\mu$ .

A taxa  $\frac{1}{N} \frac{dN}{dt}$  é chamada de *taxa específica*, e diferentemente da variação instantânea  $\frac{dN}{dt}$  a taxa específica leva em conta a fração da população que está sendo considerada. Neste contexto, concluímos que  $\mu$  é a taxa de decaimento específico de partículas.

A taxa específica é importante e bastante utilizada na área de Biomatemática, já que descreve mais

fielmente a variação de uma população. <sup>1</sup>

Um outro importante conceito que vamos tratar aqui é a *vida média* ou também conhecido como *expectativa de vida*.

A vida média é calculada pela seguinte integral

$$\frac{1}{N_0} \int_0^{N_0} t(N) dN,$$

em que  $t(N)$  é o tempo dependendo da população  $N$ .

Por meio da solução obtida para o problema de decaimento (1.2), podemos explicitar o parâmetro de tempo  $t$  em função de  $N$ , da seguinte forma:

$$\begin{aligned} N(t) = N_0 e^{-\mu t} &\Rightarrow \frac{N(t)}{N_0} = e^{-\mu t} \\ &\Rightarrow \ln \left( \frac{N(t)}{N_0} \right) = -\mu t \\ &\Rightarrow t = -\frac{1}{\mu} \ln \left( \frac{N(t)}{N_0} \right) \end{aligned}$$

em que  $0 \leq t < +\infty$ .

Perceba que quando  $t = 0$  temos que  $N(t) = N_0$ . Por outro lado, quando  $t \rightarrow \infty$  temos que  $N(t) \rightarrow 0$ . Dessa forma, a integral  $\frac{1}{N_0} \int_0^{N_0} t(N) dN$ , no caso do decaimento, é equivalente a

$$\frac{1}{N_0} \int_0^{N_0} t(N) dN = \frac{1}{N_0} \int_{\infty}^0 t(N) dN = -\frac{1}{N_0} \int_0^{\infty} t(N) dN. \quad (1.3)$$

Para determinar a vida média do modelo de decaimento, fazemos o seguinte cálculo

$$\begin{aligned} -\frac{1}{N_0} \int_0^{\infty} t(N) dN &= -\frac{1}{N_0} \int_0^{\infty} \left[ t(N) \frac{dN}{dt} \right] dt = -\frac{1}{N_0} \int_0^{\infty} t[-\mu N(t)] dt \\ &= -\frac{1}{N_0} \int_0^{\infty} t[-\mu N_0 e^{-\mu t}] dt \\ &= \mu \int_0^{\infty} t e^{-\mu t} dt. \end{aligned}$$

Logo,

$$\frac{1}{N_0} \int_0^{N_0} t(N) dN = \mu \int_0^{\infty} t e^{-\mu t} dt.$$

Podemos calcular a integral  $\int_0^{\infty} t e^{-\mu t} dt$  pelo método de integração por partes [Guidorizzi \(2001\)](#), chamando  $u = t$  e  $dv = e^{-\mu t}$ . Fazendo isso, teremos que

$$\mu \int_0^{\infty} t e^{-\mu t} dt = \mu \left[ -t \frac{e^{-\mu t}}{\mu} \Big|_0^{\infty} + \int_0^{\infty} \frac{e^{-\mu t}}{\mu} dt \right].$$

<sup>1</sup>Para motivar o uso de taxa específica, façamos o seguinte raciocínio. Considerando  $N$  uma população, teríamos que por meio do modelo de Malthus  $N' = \lambda N$  a população cresce proporcional a ela mesma. No entanto, essa forma de modelar o problema não leva em consideração o quanto essa população pode variar. Por exemplo, a população da cidade de Campinas, que possui cerca de 1 milhão e 100 mil habitantes não varia da mesma forma que os habitantes da cidade de Analândia que possui apenas 5 mil. Por outro lado, a taxa específica leva em consideração essas informações.

Agora, note que  $-t \frac{e^{-\mu t}}{\mu}$  converge para 0 quando  $t \rightarrow \infty$  e vale 0 quando  $t = 0$ . Além disso,

$$\begin{aligned} \int_0^{\infty} \frac{e^{-\mu t}}{\mu} dt &= -\frac{e^{-\mu t}}{\mu^2} \Big|_0^{\infty} = \lim_{a \rightarrow \infty} -\frac{e^{-\mu t}}{\mu^2} \Big|_0^a \\ &= \lim_{a \rightarrow \infty} \left( -\frac{e^{-\mu a}}{\mu^2} + \frac{e^{-\mu \cdot 0}}{\mu^2} \right) \\ &= \left( -\frac{0}{\mu^2} + \frac{1}{\mu^2} \right) = \frac{1}{\mu^2}. \end{aligned}$$

Portanto,

$$\mu \int_0^{\infty} t e^{-\mu t} dt = \mu \left( \frac{1}{\mu^2} \right) = \frac{1}{\mu}$$

Assim, concluímos que a vida média do modelo de decaimento é dada por  $\frac{1}{\mu}$ , em que  $\mu$  é a constante de desintegração. Ou seja, a vida média é inversamente proporcional a constante de desintegração.

A seguir veremos um outro conceito importante, chamado de *meia vida*.

### 1.1.1 Meia Vida

A *meia vida* é definida pelo tempo necessário para que a quantidade de partículas radioativas de uma amostra se reduza à metade. Um modelo de decaimento tem um comportamento bastante característico, conforme pode ser visto na Figura 1.1. Nesta figura, podemos ver que  $\frac{N_0}{2}$  é o valor da quantidade de partícula reduzida pela metade e  $T_{\frac{1}{2}}$  é o tempo de meia vida procurado.

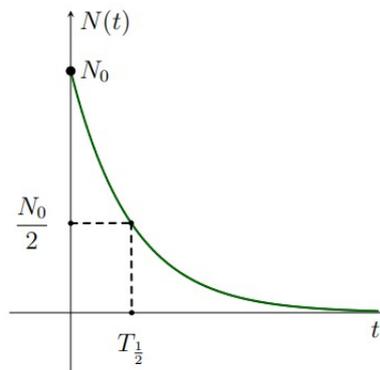


Figura 1.1: Ilustração do ponto  $T_{\frac{1}{2}}$  que representa o tempo no qual a partícula radioativa de uma amostra se reduz à metade  $\frac{N_0}{2}$ .

Para determinar a meia vida de uma partícula radioativa de modo geral, podemos fazer a seguinte dedução. Considere a equação  $N(t) = N_0 e^{-\mu t}$ . Quando  $N(t) = \frac{N_0}{2}$ , em  $t = T_{\frac{1}{2}}$ , teremos

$$\begin{aligned} \frac{N_0}{2} &= N_0 e^{-\mu T_{\frac{1}{2}}} \\ \Rightarrow \frac{1}{2} &= e^{-\mu T_{\frac{1}{2}}} \\ \Rightarrow -\ln 2 &= -\mu T_{\frac{1}{2}} \\ \Rightarrow T_{\frac{1}{2}} &= \frac{\ln 2}{\mu}. \end{aligned}$$

Por exemplo, o Urânio ( $U^{238}$ ) tem meia vida  $T_{\frac{1}{2}} = 4,56 \times 10^9$  e o Carbono 14 ( $C^{14}$ ) tem sua meia

vida em  $T_{\frac{1}{2}} = 5568$  anos.

**Observação 1.1.1** A fotossíntese faz com que todos os vegetais vivos estejam em equilíbrio com o  $C^{14}O_2$  atmosférico. Um animal que se alimenta desses vegetais absorve o  $C^{14}$  e a proporção desse elemento se mantém constante em seus tecidos. Quando esse animal morre, o carbono-14, que estava em equilíbrio em seu corpo, começa a se desintegrar. A suposição que se faz é que atividade da amostra no momento da morte no passado é igual à atividade de uma amostra semelhante viva hoje (o mesmo acontece quando uma planta morre). O teste do carbono-14 é muito usado para se datar eventos ocorridos num passado não muito distante e é de grande interesse para a arqueologia [Barros and Esmi \(2019\)](#).

## 1.1.2 Análise Dimensional

A análise dimensional é uma ferramenta que possibilita a inspeção e uniformização das unidades físicas que são utilizadas para a resolução de equações diferenciais e análise de modelos. Por exemplo, analisando o modelo de decaimento radioativo, podemos usar as seguintes representações:

- $P$  para a população  $N$  (neste caso, de partículas), isto é,  $[N] = P$ ;
- $T$  para unidade de tempo, isto é,  $[t] = T$ ,

em que o símbolo  $[ ]$  representa a unidade física do objeto considerado, por exemplo,  $[\mu]$  representa a unidade física de  $\mu$ .

Assim, temos  $\left[\frac{dN}{dt}\right] = \frac{P}{T}$ , e portanto,

$$[\mu] = \left[\frac{1}{N}\right] \left[\frac{dN}{dt}\right] = \frac{1}{P} \frac{P}{T} = \frac{1}{T} \Rightarrow \left[\frac{1}{\mu}\right] = T.$$

Com essa análise podemos perceber que  $\frac{1}{\mu}$  representa tempo. Para modelagem no sentido geral, a análise dimensional pode ser útil em interpretações biológicas.

**Exercício 1.1.1** (Exerc. 1, pg. 40. Retirado do livro [Ferreira Jr and Bassanezi \(1988\)](#)) Nas escavações arqueológicas na cidade de Nipur (antiga Babilônia) foi encontrada uma viga carbonizada com uma atividade de 4,09 dpm/g (decomposição por minuto em 1 g). Usando para o carvão recente a atividade de 6,7 dpm/g, calcule quando se deu tal incêndio na antiga cidade, partindo do pressuposto que a meia vida é de 5568 anos.

**Exercício 1.1.2** (Exerc. 1.13, pg. 20. Retirado e modificado do livro [Hale and Koçak \(2011\)](#)) A meia vida do Carbono-14 ( $C^{14}$ ) é conhecida ser de 5568 anos.

- Compute o tempo necessário para que a massa do  $C^{14}$  se reduza a 20% do seu peso original.
- Um método efetivo de estimar as idades de restos arqueológicos de origem orgânica é o teste de  $C^{14}$ , descoberto por W. Libby em 1949. Suponha que em  $t = 0$  uma árvore morre. Seja  $R(t)$  a taxa de desintegração de  $C^{14}$  na madeira morta no tempo  $t$ . Deduza a fórmula:

$$t = \frac{1}{\lambda} \ln \frac{R(0)}{R(t)}.$$

- Agri Daginda: Em 1956, um pedaço de madeira velha escavada no Monte Ararat deu uma contagem de 5,96 dpm / g de  $C^{14}$ , enquanto que a madeira viva deu 6,68. O pedaço de madeira velha pode ter vindo da Arca?

## 1.2 Resfriamento de um Corpo

A *Lei de resfriamento de Newton* afirma que “A taxa de variação da temperatura de um corpo (sem fonte interna) é proporcional à diferença entre sua temperatura e a do meio ambiente.” Em outras palavras, um corpo que não possui nenhuma fonte interna de calor e que está à temperatura  $T$ , quando deixado em um meio ambiente, tende à temperatura do meio que o cerca:  $T_a$ .

Para modelar esse fenômeno físico, considere:

- $T(t)$  : Temperatura de um corpo no instante  $t$ .
- $T_a$  : Temperatura do ambiente.

Colocando a lei em termos matemáticos, temos:

$$\frac{dT}{dt} = -\lambda(T - T_a),$$

em que  $\lambda > 0$ .

Assim, se  $T > T_a$ , então  $\frac{dT}{dt} < 0$  e se  $T < T_a$ ,  $\frac{dT}{dt} > 0$ . Isto é, se a temperatura atual é maior que a temperatura ambiente, então a temperatura do corpo tende a diminuir, enquanto que se a temperatura atual é menor que a temperatura ambiente, então a temperatura do corpo tende a crescer. A Figura 1.2 ilustra esse comentário.

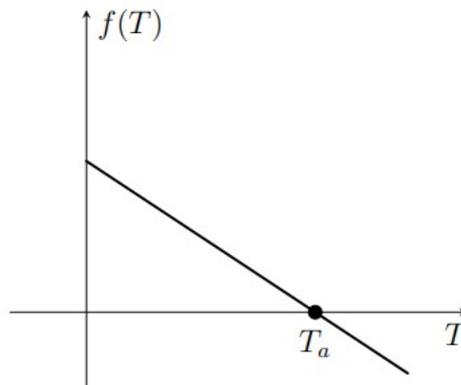


Figura 1.2: Representação do campo  $f(T) = -\lambda(T - T_a)$ , a partir de uma condição inicial  $T_0$ .

Na Figura 1.3 é possível notar três tipos de situações, a partir de diferentes condições iniciais. A primeira é que se a condição inicial ( $T_0^2$ ) for maior que  $T_a$ , então temos uma queda da temperatura até atingir uma estabilidade da temperatura ambiente. Por outro lado, se a condição inicial ( $T_0^1$ ) for menor que  $T_a$ , então temos um aumento da temperatura até atingir a estabilidade  $T_a$ . Por fim, se a condição inicial for igual a  $T_a$ , então teremos uma estabilidade.

A solução analítica dessa equação diferencial, pode ser calculada por meio do método de equações separáveis. Com isso, obtemos

$$T(t) = Ke^{-\lambda t} + T_a, \quad K \in \mathbb{R}.$$

Supondo  $T(0) = T_0$ , temos:

$$T_0 = T(0) = Ke^0 + T_a \Rightarrow K = T_0 - T_a.$$

Logo,

$$T(t) = (T_0 - T_a)e^{-\lambda t} + T_a$$

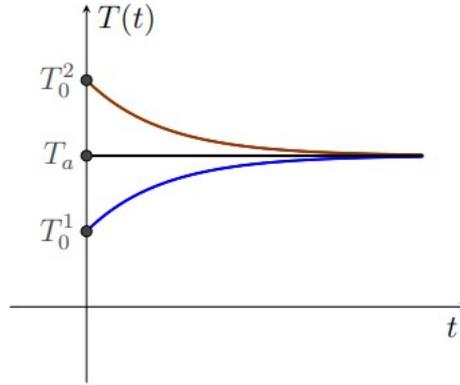


Figura 1.3: Representação do resfriamento de um corpo em diferentes situações.

**Exercício 1.2.1** Faça uma análise dimensional do modelo de resfriamento de um corpo, dado por  $\frac{dT}{dt} = -\lambda(T - T_a)$ .

**Exercício 1.2.2** (Ferreira Jr and Bassanezi (1988)) Um indivíduo é encontrado morto, em seu escritório, pela secretária que liga imediatamente para a polícia. A temperatura do escritório era de  $20^\circ C$ . Quando a polícia chega, 2 horas depois da chamada, examina o cadáver e mede sua temperatura, achando  $35^\circ C$ . Uma hora depois, mediu novamente, achando  $34,2^\circ C$  e, logo depois, o detetive prende a secretária. Supondo que a temperatura normal de uma pessoa seja constante e igual a  $36,5^\circ C$ , explique o porquê da prisão.

### 1.3 Difusão através de uma Membrana

De acordo com a *Lei de Fick* “O fluxo através de uma membrana é proporcional à área da membrana e à diferença de concentração de ambos os meios separados pela membrana”. Para ilustrar melhor essa afirmação, suponhamos que uma célula de volume constante  $V$  esteja mergulhada em um meio líquido homogêneo de concentração  $C_e$ . O processo de difusão garante que existe um fluxo de moléculas através da membrana da célula em ambas as direções, até que a concentração da solução em seu interior  $C = C(t)$  seja igual a  $C_e$ .

Em termos de modelagem matemática, consideremos  $A$  a área da membrana da célula e  $m(t)$  a massa da solução no interior da célula no instante  $t$ . Podemos representar o fluxo de duas maneiras  $\frac{dC}{dt}$  ou por  $\frac{dm}{dt}$ .

Se adotarmos  $\frac{dC}{dt}$  como a representação para o fluxo, a equação que modela o fenômeno será

$$\frac{dC}{dt} = KA(C_e - C).$$

Por outro lado, podemos adotar  $\frac{dm}{dt}$  para representar o fluxo. Neste caso, sabemos que:

$$m(t) = VC(t) \Rightarrow \frac{dm}{dt} = V \frac{dC}{dt}$$

Então, a equação que modela o fenômeno será:

$$\frac{dm}{dt} = KA(C_e - C).$$

Ou, então

$$\frac{dC}{dt} = \frac{KA}{V}(C_e - C). \quad (1.4)$$

Note que as duas formas apresentadas são idênticas. Porém, diferentes do ponto de vista biológico. Considerando a função  $f$  definida por  $f(C) = \frac{KA}{V}(C_e - C) = \frac{dC}{dt}$ . Também podemos calcular a solução geral desta equação pelo método de separação de variáveis. E, mais, podemos analisar o comportamento das soluções, graficamente, de modo muito similar ao que foi feito para o resfriamento de um corpo.

**Exercício 1.3.1** *A partir do problema de difusão através de uma membrana, responda:*

- a) *Faça a análise dimensional do problema.*
- b) *Obtenha a solução analítica.*
- c) *Forneça uma interpretação gráfica para o problema.*

## 1.4 Dinâmica Populacional

Nesta seção vamos apresentar alguns dos modelos clássicos de dinâmica populacional que são mais utilizados na literatura. Além disso, vamos apresentar uma análise de estabilidade de cada modelo, a fim de compreender melhor a dinâmica do fenômeno modelado.

### 1.4.1 Modelo de Malthus

Seja  $P(t)$  o total dos indivíduos de uma população num instante  $t$ . Num intervalo de tempo  $\Delta t$ , a *lei de Malthus* diz que “a população cresce (ou decresce) proporcional a ela mesma”. Essa lei pressupõe que os nascimentos e as mortes são proporcionais ao tamanho da população e ao tamanho do intervalo. Isto é,

- número de nascimentos =  $\alpha P(t)\Delta t$ .
- número de mortes =  $\beta P(t)\Delta t$ .

onde  $\alpha$  é o coeficiente de natalidade e  $\beta$  é o coeficiente de mortalidade. Assim,

$$\begin{aligned} \Delta P = P(t + \Delta t) - P(t) &= \alpha P(t)\Delta t - \beta P(t)\Delta t \\ \Delta P &= (\alpha - \beta)P(t)\Delta t \\ \frac{\Delta P}{\Delta t} &= (\alpha - \beta)P(t). \end{aligned}$$

Tomando o limite quando  $\Delta t \rightarrow 0$ , obtemos a equação diferencial:

$$\frac{dP}{dt} = (\alpha - \beta)P.$$

Essa equação diz que a taxa de variação de uma população é proporcional à população em cada instante. Na literatura pode-se encontrar também a seguinte equação diferencial para esse modelo:  $\frac{dP}{dt} = \lambda P$ . Neste caso, o parâmetro  $\lambda$ , que é chamado de constante de crescimento, é dado exatamente pela diferença entre o coeficiente de natalidade e o de mortalidade. Ou seja, se nasce mais indivíduos do que

morre, então teremos  $\alpha > \beta$  e assim  $\lambda = \alpha - \beta > 0$ , implicando que  $\frac{dP}{dt} > 0$ . Por outro lado, se morre mais indivíduos do que nasce, então teremos  $\alpha < \beta$  e assim  $\lambda = \alpha - \beta < 0$ , implicando que  $\frac{dP}{dt} < 0$ .

Essa equação diferencial também pode ser resolvida pelo método das equações separáveis. Neste caso, a solução do modelo de Malthus é dada por:

$$P(t) = P_0 e^{(\alpha - \beta)t},$$

em que  $P(0) = P_0$  é a condição inicial da população no instante  $t_0 = 0$ .

Assim como comentado acima, agora fica claro que:

- Se  $\alpha = \beta$ , a população não varia;
- Se  $\alpha > \beta$ , a população cresce exponencialmente;
- Se  $\alpha < \beta$ , a população diminui e tende à extinção.

A Figura 1.4 ilustra o comportamento das soluções, em cada caso apresentado acima.

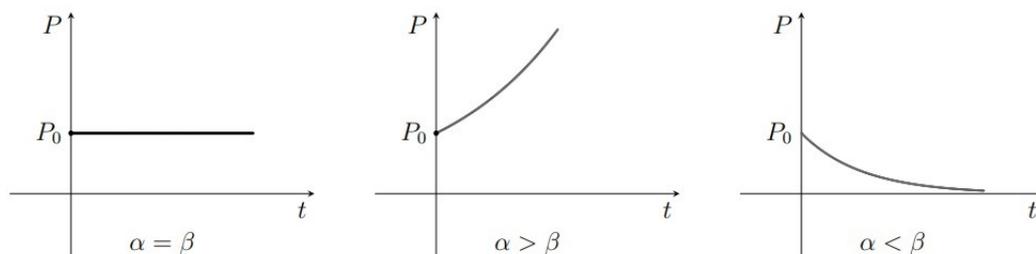


Figura 1.4: Comportamento da solução do modelo de Malthus em diferentes casos. No primeiro cenário (coeficiente de natalidade e mortalidade são iguais) temos uma população constante, no segundo (coeficiente de natalidade é maior que o de mortalidade) temos um crescimento exponencial e no terceiro (coeficiente de natalidade é menor que o de mortalidade) temos a extinção da população.

## 1.4.2 Modelo de Verhulst

O modelo de Verhulst supõe que a população de uma certa espécie, vivendo num determinado meio, atinja um limite máximo sustentável  $L$  chamado de capacidade suporte do meio. Desse modo, o modelo de Verhulst é dado pela seguinte equação diferencial

$$\frac{dP}{dt} = \lambda P \left( 1 - \frac{P}{L} \right), \quad (1.5)$$

em que  $\lambda > 0$ .

A Equação (1.5) também pode ser escrita como  $\frac{dP}{dt} = \lambda P - \lambda \frac{P^2}{L}$ . Ou seja, neste modelo a população cresce proporcionalmente a ela mesma (assim como ocorre no modelo de Malthus), mas há uma retirada de uma parte dessa população que é representada pelo termo  $\lambda \frac{P^2}{L}$ . Aqui, o termo  $P^2$  representa o encontro da população (descrito pela *lei de ação de massas*), o termo  $L$  representa a limitação do espaço ou alimento e o parâmetro  $\lambda$  representa a fração da população que está sendo retirada. A parcela  $\lambda \frac{P^2}{L}$  é incorporada no modelo de Verhulst para poder descrever justamente a limitação imposta pelo meio, note que quando  $P \rightarrow L$ , a taxa de crescimento da população  $\frac{dP}{dt} \rightarrow 0$ .

Na literatura pode-se também ver outras variações para o modelo de Verhulst, como por exemplo,

$$\frac{dP}{dt} = \mu P(d - rP). \quad (1.6)$$

Esta formulação é obtida do modelo original fazendo  $\lambda = \mu d$  e  $L = \frac{d}{r}$ . Do ponto de vista de simulação computacional, a formulação (1.6) pode ser mais útil, já que possui mais coeficientes que podem ser ajustados/trabalhados.

Novamente, o modelo de Verhulst pode ser resolvido via método de equações separáveis. Ainda mais, na obtenção da solução é preciso resolver uma integral na qual deve-se aplicar o método de frações parciais [Guidorizzi \(2001\)](#). Assim, a solução analítica do modelo de Verhulst é dada por

$$P(t) = \frac{CK}{K + e^{-\lambda t}}.$$

A partir da condição inicial  $P(0) = P_0$ , podemos encontrar o valor da constante  $K$ :

$$\begin{aligned} P_0 = P(0) &= \frac{CK}{K + e^0} \\ \Rightarrow P_0 &= \frac{CK}{K + 1} \\ \Rightarrow KP_0 + P_0 &= CK \\ \Rightarrow K(P_0 - C) &= -P_0 \\ \Rightarrow K &= \frac{P_0}{C - P_0} \end{aligned}$$

Assim, a solução do PVI

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = \lambda P \left(1 - \frac{P}{L}\right) \\ P(0) = P_0 \end{cases},$$

é dada por:

$$P(t) = \frac{LC}{C + e^{-\lambda t}},$$

em que  $C = \frac{P_0}{L - P_0}$ .

Assim, o comportamento da solução depende da condição inicial, assim como ilustra a Figura 1.5. Se a condição inicial estiver acima da capacidade suporte do meio, então a população tende a decrescer (de modo exponencial) atingindo a estabilidade em  $L$ . Por outro lado, se a condição inicial estiver abaixo da capacidade suporte do meio, então a população tende a crescer atingindo a estabilidade em  $L$ .

É interessante notar na Figura 1.5 que existe um ponto de inflexão em  $t^*$ , isto é, onde a concavidade que estava para cima passa a ficar para baixo. Para identificar o valor exato da população no instante  $t^*$ , basta obter o ponto de inflexão de  $P(t)$ . Como  $\frac{dP}{dt} = \lambda P \left(1 - \frac{P}{L}\right)$ , então derivando novamente em relação ao tempo  $t$ , temos que

$$\frac{d^2P}{dt^2} = \lambda \frac{dP}{dt} \left(1 - \frac{2P}{L}\right).$$

Portanto,  $\frac{d^2P}{dt^2} = 0$  se, e somente se,  $\lambda \frac{dP}{dt} \left(1 - \frac{2P}{L}\right) = 0$ . Com isso, concluímos que ou  $\lambda \frac{dP}{dt} = 0$  ou  $\left(1 - \frac{2P}{L}\right) = 0$ . No primeiro caso, chegaríamos que  $\lambda = 0$  (não ocorre, pois  $\lambda > 0$ ) ou  $\frac{dP}{dt} = 0$  (que também não ocorre pois a população seria constante nesse cenário), obtendo contradições com o fenômeno

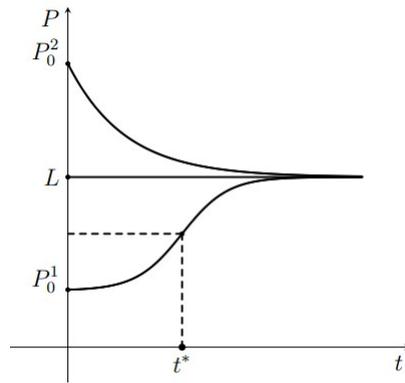


Figura 1.5: Comportamento da solução do modelo de Verhulst em diferentes situações. A primeira ( $P_0^1$ ) a condição inicial está abaixo da capacidade suporte  $L$  resultando em um comportamento de crescimento da população e na segunda ( $P_0^2$ ) a condição inicial está acima da capacidade suporte resultando em um comportamento de queda do número de indivíduos.

considerado. Já no segundo caso, temos que

$$\left(1 - \frac{2P}{L}\right) = 0 \Rightarrow P = \frac{L}{2}.$$

Portanto, concluímos que no modelo de Verhulst o ponto de inflexão acontece na metade da capacidade de suporte  $L$ . A Figura 1.6 representa o comportamento da taxa  $\frac{dP}{dt}$  em função da própria população  $P$ . Por meio do gráfico apresentado podemos notar de fato que em  $\frac{L}{2}$  a taxa  $\frac{dP}{dt}$  passa de crescente para decrescente, isto é, atinge um pico máximo em  $\frac{L}{2}$ . Isso significa que a população tem o seu pico de crescimento sempre na metade da capacidade suporte do meio.

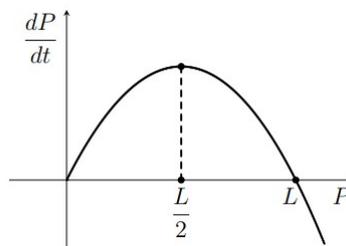


Figura 1.6: Comportamento da taxa de crescimento  $\frac{dP}{dt}$  em função da população  $P$  no modelo de Verhulst.

### 1.4.3 Modelo de Gompertz

Vimos que o modelo de Malthus é bastante limitado, já que não podemos assumir que uma população cresce exponencialmente em qualquer instante de tempo. Por exemplo, o crescimento de uma população de bactérias com nutrientes limitados sempre desacelera e eventualmente para de crescer. Isso nos leva a crer que o parâmetro  $\lambda$  presente na equação  $\frac{dP}{dt} = \lambda P$  varia ao longo do tempo. Já no modelo de Verhulst é inserido um termo que acompanha  $\lambda P$ , a fim de incorporar essa limitação imposta pelo meio, seja ela dada pela falta de nutrientes ou por espaço para crescimento.

Um outro modelo bastante considerado na literatura é o proposto por Gompertz, que é amplamente utilizado para modelar o crescimento de células tumorais [Edelstein-Keshet \(2006\)](#). A *Lei de Gompertz* assume que a taxa de crescimento de células cancerígenas diminui à medida que a massa da célula aumenta. Essa afirmação se baseia na observação de que as células no interior de um tumor podem não ter acesso

imediatamente a nutrientes e oxigênio. Para este modelo, existem diversas variações:

$$\begin{aligned}\frac{dN}{dt} &= \lambda e^{-at} N, \\ \frac{dN}{dt} &= \gamma N, \quad \text{sendo} \quad \frac{d\gamma}{dt} = -\alpha\gamma, \\ \frac{dN}{dt} &= -\kappa N \ln(N).\end{aligned}$$

ou ainda,

$$\frac{dN}{dt} = -aN \ln\left(\frac{N}{K}\right),$$

em que  $a > 0$ .

Neste texto, vamos focar na última variação do modelo. O modelo de Gompertz não é apropriado para populações não muito numerosas, já que  $\ln\left(\frac{N}{K}\right)$  não é definido para  $N = 0$ . Nesse sentido, este modelo não pode ser considerado como uma extensão dos modelos populacionais que vimos anteriormente.

Por meio do método de equações separáveis, podemos resolver analiticamente o modelo de Gompertz  $\frac{dN}{dt} = -aN \ln\left(\frac{N}{K}\right)$ . Nesse caso, a solução é dada por

$$N(t) = Ke^{e^{C-at}}.$$

Dada uma condição inicial  $N(0) = N_0$ , é possível estimar o valor da constante  $C$ , fazendo o seguinte processo

$$\begin{aligned}N(t) = Ke^{e^{C-at}} &\Rightarrow N(0) = Ke^{e^{C-a0}} \\ &\Rightarrow N_0 = Ke^{e^C} \\ &\Rightarrow \ln(N_0) = \ln(K) + \ln(e^{e^C}) \\ &\Rightarrow \ln(N_0) - \ln(K) = e^C \\ &\Rightarrow \ln\left(\ln\left(\frac{N_0}{K}\right)\right) = \ln(e^C) \\ &\Rightarrow C = \ln\left(\ln\left(\frac{N_0}{K}\right)\right).\end{aligned}$$

A seguir, vamos fazer um estudo teórico sobre pontos de equilíbrio e estabilidade de soluções de Equações Diferenciais, com o objetivo de analisar o comportamento de fenômenos biológicos a longo prazo.

## 1.5 Pontos de Equilíbrio e Análise de Estabilidade

Considere uma EDO na forma  $\frac{dx}{dt} = f(x)$ , em que  $f(x)$  representa o campo de direções. Dizemos que  $\bar{x}$  é um *ponto de equilíbrio* da EDO se  $f(\bar{x}) = 0$ . Isto é,  $\bar{x}$  é um ponto de equilíbrio se não há variações para  $x = \bar{x}$  em relação ao tempo  $t$ .

Um ponto de equilíbrio  $\bar{x}$  de uma EDO pode ser classificada em: *estável*, *instável* ou *assintoticamente estável*.

- $\bar{x}$  é dito um equilíbrio estável para  $\frac{dx}{dt} = f(x)$  se a solução  $x$  permanecer em uma “faixa” a longo prazo. Em termos matemáticos, se para todo  $\epsilon > 0$  existir um  $\delta > 0$  tal que para  $|x_0 - \bar{x}| < \delta$ , a solução

$x(t, x_0)$  obedece  $|x(t, x_0) - \bar{x}| < \epsilon$  para todo  $t \geq t_0$ , onde  $x(t_0) = x_0$  e  $x(t, x_0)$  é a solução do PVI:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(x) \\ x(t_0) = x_0 \end{cases}.$$

Caso contrário,  $\bar{x}$  é chamado um equilíbrio *instável*.

- $\bar{x}$  é dito um equilíbrio *assintoticamente estável* se for estável e  $\lim_{t \rightarrow \infty} (x(t, x_0) - \bar{x}) = 0$  se  $|x_0 - \bar{x}| < r$ .

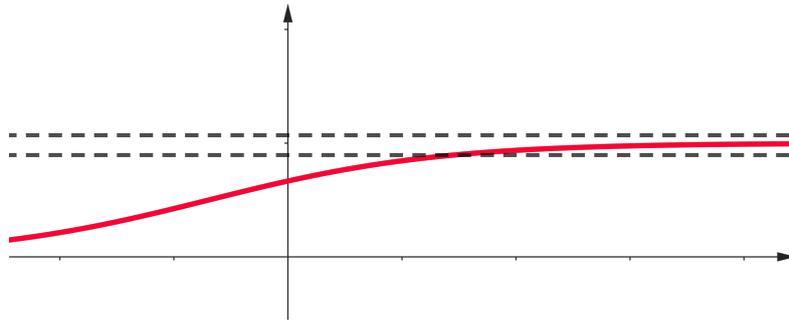


Figura 1.7: Exemplo de solução que apresenta estabilidade assintótica

Para identificar o tipo de estabilidade de um ponto de equilíbrio, podemos recorrer ao seguinte teorema.

**Teorema 1.5.1** *Suponha que  $f$  é uma função de classe  $C^1$  e  $\bar{x}$  é um equilíbrio da equação  $\frac{dx}{dt} = f(x)$ . Então o equilíbrio  $\bar{x}$  é **assintoticamente estável** se  $f'(\bar{x}) < 0$  e é **instável** se  $f'(\bar{x}) > 0$ .*

Para ilustrar esse mecanismo, vamos estudar e classificar os pontos de equilíbrio dos modelos populacionais vistos anteriormente. Considere o modelo de Verhulst, dado por

$$\frac{dP}{dt} = \lambda P \left( 1 - \frac{P}{L} \right) = f(P)$$

Note que  $f(P) = 0$  se, e somente se  $P = 0$  ou  $P = L$ . Logo, temos dois pontos de equilíbrio para este modelo. Vamos agora classificar esses pontos, calculando  $f'(P)$ . Derivando  $f$ , obtemos  $f'(P) = \lambda - \frac{2\lambda P}{L}$

Logo, temos as seguintes situações:

$$f'(0) = \lambda > 0 \quad \text{e} \quad f'(L) = \lambda - \frac{2\lambda L}{L} = \lambda - 2\lambda = -\lambda < 0$$

Concluimos que o equilíbrio  $P = 0$  é instável e o equilíbrio  $P = L$  é assintoticamente estável.

Façamos agora o estudo dos pontos de equilíbrio do modelo de Gompertz.

$$\frac{dN}{dt} = -aN \ln \left( \frac{N}{K} \right) = f(N).$$

Assim,  $f(N) = 0$  se, e somente se  $N = 0$  ou  $N = K$ .

Calculando a derivada de  $f$ , temos que

$$f'(N) = -a \ln \left( \frac{N}{K} \right) - aN \left( \frac{K}{N} \frac{1}{K} \right) = -a \ln \frac{N}{K} - a$$

Desse modo, analisemos o tipo de estabilidade dos pontos de equilíbrio obtidos anteriormente. Note que  $f'(K) = -a < 0$ . Então, o equilíbrio  $N = K$  é assintoticamente estável. Por outro lado, como  $f'(0)$  não está definido, não há sentido em analisar a estabilidade para  $N = 0$  de uma perspectiva algébrica. No entanto, podemos recorrer a um estudo gráfico do problema. Neste caso, concluiríamos que  $N = 0$  é instável (poderíamos constatar este fato por meio do campo de direções ou pela própria solução analítica do problema, por exemplo).

## 1.6 Lei da Alometria

A alometria é um ramo da Biologia que estuda relações de escala para atributos morfológicos, fisiológicos, ecológicos ou comportamentais. Essas relações podem ser desde associações entre o tamanho de um determinado órgão e o corpo, até associações entre a taxa metabólica e o tamanho do corpo de um indivíduo.

Aqui partiremos do seguinte pressuposto, do qual chamamos de *Lei da alometria*: “A variação específica de órgãos num mesmo indivíduo cresce a uma razão constante.”

Um modelo que descreve essa afirmação pode ser dado da seguinte forma:

$$\frac{1}{x} \frac{dx}{dt} = \alpha \frac{1}{y} \frac{dy}{dt},$$

em que  $x(t)$  é a medida de um determinado órgão de um indivíduo e  $y(t)$  a medida de outro órgão do mesmo indivíduo, ambos no instante de tempo  $t$ .

Podemos encontrar uma relação entre as medidas  $x$  e  $y$  da seguinte maneira:

$$\begin{aligned} \frac{1}{x} \frac{dx}{dt} = \alpha \frac{1}{y} \frac{dy}{dt} &\Rightarrow \int \frac{1}{x} \frac{dx}{dt} dt = \int \alpha \frac{1}{y} \frac{dy}{dt} dt \\ \ln(x) &= \alpha \ln(y) + C \\ x &= e^{\alpha \ln(y) + C} \\ x &= k e^{\alpha \ln(y)} \\ x &= k y^\alpha, \end{aligned}$$

Isto é,  $x(t) = k(y(t))^\alpha$ .

## 1.7 Equação de Bernoulli

Aqui vamos descrever um método de resolução para uma EDO específica, denominada *Equação de Bernoulli*, a fim de estudar um modelo que descreve o crescimento de peixes. A equação de Bernoulli é dada por:

$$\frac{dy}{dx} + g(x)y = h(x)y^n,$$

onde  $g$  e  $h$  são funções contínuas que dependem da variável  $x \in (a, b) \subset \mathbb{R}$  e  $n$  é uma constante qualquer.

Para resolver este tipo de problema, podemos seguir os seguintes passos. Primeiro, vamos descartar a solução trivial  $y = 0$ . Considerando  $y \neq 0$ , podemos escrever a equação da seguinte forma:

$$y^{-n} \frac{dy}{dx} + g(x)y^{1-n} = h(x)$$

Tomando  $z = y^{1-n}$ , segue que  $\frac{dz}{dx} = (1-n)y^{-n}\frac{dy}{dx}$ . Substituindo na equação acima e multiplicando por  $(1-n)$ , obtemos

$$\frac{dz}{dx} + (1-n)g(x)z = (1-n)h(x),$$

que é uma EDO linear.

Na próxima subseção vamos apresentar um modelo que descreve o crescimento de peixes, cuja solução pode ser obtida por meio da equação de Bernoulli.

### 1.7.1 Crescimento de Peixes

O próximo modelo que discutiremos aqui será o de Von Bertalanffy, que será voltado para o crescimento de peixes. Seu modelo parte do seguinte pressuposto “o peso de um peixe cresce proporcionalmente à sua área de superfície corporal e decresce com taxa proporcional ao próprio peso”. O modelo matemático que descreve esse comportamento pode ser dado por:

$$\frac{dp}{dt} = \alpha A - \beta p$$

em que  $A = A(t)$  representa a área de superfície corporal do peixe,  $p = p(t)$  é a variável peso do peixe,  $\alpha$  é a constante de anabolismo e  $\beta$  é a constante de catabolismo.

A partir da Lei da Alometria, temos que:

$$\frac{1}{A} \frac{dA}{dt} = c \frac{1}{p} \frac{dp}{dt} \Rightarrow A = Kp^c$$

sendo que  $c$  representa o comprimento do peixe.

Então, substituindo o valor de  $A$  na equação diferencial original, obtemos

$$\frac{dp}{dt} = \alpha K p^c - \beta p = a p^c - \beta p,$$

sendo  $a = \alpha K$ .

Resta agora estimar o valor do parâmetro  $c$ , associado ao comprimento do peixe. Para isso, vamos considerar as seguintes proporções:  $p \approx c^3$  (comprimento ao cubo) e  $A \approx c^2$  (comprimento ao quadrado). Disso, concluí-se que  $c \approx p^{\frac{1}{3}}$  e  $c \approx A^{\frac{1}{2}}$ , respectivamente. Assim, segue que

$$A^{\frac{1}{2}} \approx p^{\frac{1}{3}} \Rightarrow A \approx p^{\frac{2}{3}},$$

isto é,  $c \approx \frac{2}{3}$ . Assim, obtemos a seguinte equação diferencial

$$\frac{dp}{dt} = a p^{\frac{2}{3}} - \beta p.$$

A EDO acima, apesar de ser não linear, pode ser resolvida pela equação de Bernoulli, uma vez que pode ser escrita da seguinte forma<sup>2</sup>

$$\frac{dp}{dt} + \beta p = a p^{\frac{2}{3}}.$$

A fim de simplificar o termo  $p^{\frac{2}{3}}$  do lado direito da equação, vamos multiplicar em ambos os lados

---

<sup>2</sup>veja que essa é uma equação de Bernoulli, com  $g(x) = \beta$ ,  $h(x) = a$  e  $n = \frac{2}{3}$ .

por  $p^{-\frac{2}{3}}$ , obtendo assim:

$$p^{-\frac{2}{3}} \frac{dp}{dt} + \beta p^{\frac{1}{3}} = a.$$

Seguindo os passos ilustrados na equação de Bernoulli, vamos multiplicar a expressão acima por  $\frac{1}{3}$ . Logo,

$$\frac{1}{3} p^{-\frac{2}{3}} \frac{dp}{dt} + \frac{1}{3} \beta p^{\frac{1}{3}} = \frac{a}{3}. \quad (1.7)$$

Fazendo a seguinte mudança de variáveis  $z = p^{\frac{1}{3}}$ , obtemos

$$z = p^{\frac{1}{3}} \Rightarrow \frac{dz}{dt} = \frac{1}{3} p^{-\frac{2}{3}} \frac{dp}{dt}.$$

Substituindo na Equação (1.7), temos

$$\frac{dz}{dt} + \frac{\beta}{3} z = \frac{1}{3} a \Rightarrow \frac{dz}{dt} = \frac{a - \beta z}{3}.$$

Veja que a EDO obtida pode ser facilmente resolvida pelo método de separação de variáveis. Fazendo isso, chegamos na seguinte solução

$$z(t) = \frac{a}{\beta} - \frac{A}{\beta} e^{-\frac{\beta t}{3}}.$$

Retornando a substituição de variáveis feita anteriormente, isto é,  $z = p^{\frac{1}{3}}$  chegamos que a solução em  $p$  é dada por

$$z = p^{\frac{1}{3}} \Rightarrow p(t) = z^3 = \left( \frac{a}{\beta} - \frac{A}{\beta} e^{-\frac{\beta t}{3}} \right)^3$$

**Exercício 1.7.1** Escolha alguns valores para  $a, \beta$  e  $A$  e plote a solução  $p$  para visualizar o comportamento qualitativo dessa solução.

**Exercício 1.7.2** Encontre os pontos de equilíbrio deste modelo e classifique-os.

**Exercício 1.7.3** Faça uma análise dimensional do modelo.

## Capítulo 2

# Sistemas de EDO's lineares bidimensionais

No capítulo anterior vimos alguns modelos clássicos da área de Biomatemática que são modelos por equações diferenciais. Nos focamos em modelos que, em sua grande maioria, descrevem dinâmicas populacionais. Nesse sentido, estávamos olhando para populações específicas, sem se atentar para interferência ou contato com outras populações.

Nesse capítulo vamos estudar mais modelos de Biomatemática, mas agora considerando mais de uma população. Conseqüentemente vamos nos deparar em problemas envolvendo duas ou mais equações diferenciais. Um *sistema de equações diferenciais ordinárias lineares bidimensional* é um sistema da forma

$$\begin{cases} x'(t) = a_{11}x + a_{12}y \\ y'(t) = a_{21}x + a_{22}y \end{cases}$$

em que  $a_{ij}$  são constantes.

É muito comum representar o sistema acima por uma equação matricial da forma

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}.$$

Alternativamente, também denotamos esse sistema por  $X' = AX$ , com

$$A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{pmatrix}, X' = \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad X = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}.$$

Essa notação é extremamente útil, pois as soluções desse tipo de sistema vão depender dos autovalores associados a matriz  $A$ , como veremos a seguir.

## 2.1 Soluções do Sistema de EDOs com coeficientes constantes

Olhando para a expressão  $X' = AX$ , um bom “chute” para solução de uma equação como essa seria  $X = Ve^{\lambda t}$ , em que

$$V = \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad \lambda \in \mathbb{R},$$

uma vez que a derivada da exponencial é igual a mesma exponencial multiplicada por uma constante.

Assumindo que essa expressão fosse de fato uma solução, teríamos por um lado  $X'(t) = \lambda Ve^{\lambda t}$  e por outro  $AX = A(Ve^{\lambda t}) = e^{\lambda t}(AV)$ . A partir disso, poderíamos concluir que

$$\lambda Ve^{\lambda t} = X' = AX = A(Ve^{\lambda t}) = e^{\lambda t}(AV) \Rightarrow AV = \lambda V.$$

Isto é, para que  $X = Ve^{\lambda t}$  seja solução de  $X' = AX$ , o valor  $\lambda$  deve ser um autovalor da matriz  $A$  associado ao autovetor  $V$ .

Como a matriz  $A$  é  $2 \times 2$ , então  $A$  admite: 1) dois autovalores reais; 2) um único autovalor real; 3) dois autovalores complexos (conjugados). Desse modo, a solução para um sistema bidimensional de equações diferenciais com coeficientes constantes é dada por:

Caso 1: (autovalores reais e distintos) as soluções da equação  $X' = AX$  são dadas por

$$X_1(t) = V_1 e^{\lambda_1 t} \quad \text{e} \quad X_2(t) = V_2 e^{\lambda_2 t},$$

em que  $\lambda_1 \neq \lambda_2$  são os autovalores e  $V_1$  e  $V_2$  seus autovetores associados, respectivamente. Logo, a solução geral desse caso é dada por

$$X(t) = K_1 X_1(t) + K_2 X_2(t)$$

Caso 2: (autovalores reais e iguais)  $\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda$ . A solução para este caso é dada por

$$X(t) = (U + Vt)e^{\lambda t},$$

em que  $U$  deve satisfazer a seguinte condição

$$(A - \lambda I)U = V.$$

Essa dedução vem do seguinte fato:

$$X'(t) = Ve^{\lambda t} + (U + Vt)\lambda e^{\lambda t} \Rightarrow X'(t) = (V + \lambda U)e^{\lambda t} + t\lambda Ve^{\lambda t}$$

e

$$AX = e^{\lambda t}AU + t\lambda Ve^{\lambda t}.$$

Portanto,

$$e^{\lambda t}AU = e^{\lambda t}(V + \lambda U) \Leftrightarrow AU = V + \lambda U \Leftrightarrow (A - \lambda I)U = V.$$

Logo, a solução geral da equação  $X' = AX$  é

$$X(t) = K_1 Ve^{\lambda t} + K_2(U + Vt)e^{\lambda t},$$

em que  $U$  é tal que  $(A - \lambda I)U = V$ .

**Observação 2.1.1** É importante ressaltar que um primeiro “chute” para a solução seja  $X(t) = tVe^{\lambda t}$ , no entanto, o problema original  $X' = AX$  não é satisfeito. Veja

$$X(t) = tVe^{\lambda t} \Rightarrow X'(t) = Ve^{\lambda t} + te^{\lambda t}\lambda V$$

e

$$AX = A(tVe^{\lambda t}) = te^{\lambda t}(AV) = te^{\lambda t}\lambda V,$$

como as duas expressões são diferentes, temos que  $X(t) = tVe^{\lambda t}$  não é solução de  $X' = AX$ .

Caso 3: (autovalores complexos conjugados)  $\lambda_1 = \alpha + \beta i$  e  $\lambda_2 = \alpha - \beta i$ . Para este caso, a solução de  $X' = AX$  é dada por

$$X(t) = K_1 \begin{pmatrix} v_{11} \\ v_{21} \end{pmatrix} e^{(\alpha+\beta i)t} + K_2 \begin{pmatrix} v_{12} \\ v_{22} \end{pmatrix} e^{(\alpha-\beta i)t}.$$

**Exercício 2.1.1 (Difusão através de uma membrana submersa em um líquido)** O modelo que descreve a interação entre dois compostos, em um mesmo recipiente, com concentrações  $C_1$  e  $C_2$ , respectivamente, é dado da seguinte forma:

$$\begin{cases} \frac{dc_1}{dt} = a(c_2 - c_1) \\ \frac{dc_2}{dt} = a(c_1 - c_2) \end{cases} \Leftrightarrow C' = AC.$$

Determine a solução do sistema de EDOs acima.

Podemos notar que  $a > 0$ . Calculando os autovalores de  $A$ , temos:

$$A = \begin{pmatrix} -a & a \\ a & -a \end{pmatrix} \Rightarrow A - \lambda I = \begin{pmatrix} -a - \lambda & a \\ a & -a - \lambda \end{pmatrix}.$$

Assim, o polinômio característico  $p(\lambda)$  é dado por

$$p(\lambda) = \det(A - \lambda I) = (a + \lambda)^2 - a^2 = \lambda^2 + 2a\lambda.$$

Então,

$$p(\lambda) = 0 \Leftrightarrow \begin{cases} \lambda_1 = 0 \\ \lambda_2 = -2a \end{cases}.$$

Agora, vamos determinar os autovetores  $V_1$  e  $V_2$  associados, respectivamente, aos autovalores  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$ .

**Para  $\lambda_1 = 0$ :**

$$AV_1 = 0 \Leftrightarrow \begin{pmatrix} -a & a \\ a & -a \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1^1 \\ v_2^1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Leftrightarrow \begin{cases} -av_1^1 + av_2^1 = 0 \\ av_1^1 - av_2^1 = 0 \end{cases} \Leftrightarrow v_1^1 = v_2^1$$

Isso significa que a primeira coordenada do autovetor é igual a sua segunda coordenada. Desse modo, podemos escolher um representante para esse autovetor seguindo essa restrição. Em particular, podemos escolher  $v_1^1 = v_2^1 = 1$ , ou seja,

$$V_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}.$$

**Para**  $\lambda_2 = -2a$ :

$$(A + 2aI)V_2 = 0 \Leftrightarrow \begin{pmatrix} a & a \\ a & a \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1^2 \\ v_2^2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Leftrightarrow av_1^2 + av_2^2 = 0 \Leftrightarrow v_1^2 = -v_2^2.$$

Isso significa que a primeira coordenada do autovetor é igual a sua segunda coordenada com sinal trocado. Desse modo, podemos escolher um representante para esse autovetor seguindo essa restrição. Em particular, podemos escolher  $v_1^2 = 1$  e  $v_2^2 = -1$ , ou seja,

$$V_2 = \begin{pmatrix} 1 \\ -1 \end{pmatrix}.$$

Portanto, a solução geral para a equação  $C' = AC$  é dada por:

$$\begin{aligned} C(t) = \begin{pmatrix} c_1(t) \\ c_2(t) \end{pmatrix} &= K_1 e^0 \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix} + K_2 e^{-2at} \begin{pmatrix} 1 \\ -1 \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} K_1 \\ K_1 \end{pmatrix} + e^{-2at} \begin{pmatrix} K_2 \\ -K_2 \end{pmatrix}. \end{aligned}$$

Fazendo  $t \rightarrow +\infty$  segue que  $C(t) \rightarrow \begin{pmatrix} K_1 \\ K_1 \end{pmatrix}$ .

**Observação 2.1.2** Note que se forem dadas as condições iniciais  $c_1(0) = c_1^0$  e  $c_2(0) = c_2^0$ , teremos para  $K_1$  e  $K_2$  os valores:

$$K_1 = \frac{c_1^0 + c_2^0}{2} \quad \text{e} \quad K_2 = \frac{c_1^0 - c_2^0}{2}.$$

Isto é,  $K_1$  é a média dos valores iniciais dos meios e  $K_2$  é a semi-diferença dos valores iniciais dos meios. À medida que o tempo passa,  $C(t) = \begin{pmatrix} c_1(t) \\ c_2(t) \end{pmatrix}$  vai se aproximando de  $\begin{pmatrix} K_1 \\ K_1 \end{pmatrix}$ . Ou seja, as concentrações dos dois meios vão tendendo à média das concentrações iniciais dos meios.

**Exercício 2.1.2** Resolva o sistema  $\begin{cases} x' = x + 2y \\ y' = -2x + y \end{cases}$ .

Podemos escrever o sistema na forma matricial  $X' = AX$ , onde

$$X = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} \quad \text{e} \quad A = \begin{pmatrix} 1 & 2 \\ -2 & 1 \end{pmatrix}.$$

$$\det(A - \lambda I) = \begin{vmatrix} 1 - \lambda & 2 \\ -2 & 1 - \lambda \end{vmatrix} = (1 - \lambda)^2 + 4 = \lambda^2 - 2\lambda + 5 \Rightarrow \lambda_{1,2} = 1 \pm 2i.$$

**Para**  $\lambda_1 = 1 + 2i$ :

$$(A - \lambda_1 I)V_1 = 0 \Leftrightarrow \begin{pmatrix} -2i & 2 \\ -2 & -2i \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u_1 \\ v_1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Leftrightarrow \begin{cases} -2iu_1 + 2v_1 = 0 \\ -2u_1 - 2iv_1 = 0 \end{cases} \Leftrightarrow v_1 = iu_1$$

Assim, podemos escolher o representante para o autovetor  $V_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix}$ .

**Para**  $\lambda_2 = 1 - 2i$ :

$$(A - \lambda_2 I)V_2 = 0 \Leftrightarrow \begin{pmatrix} 2i & 2 \\ -2 & 2i \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u_2 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \Leftrightarrow \begin{cases} 2iu_2 + 2v_2 = 0 \\ -2u_2 + 2iv_2 = 0 \end{cases} \Leftrightarrow -iu_2 = v_2$$

Assim, podemos escolher o representante para o autovetor  $V_2 = \begin{pmatrix} 1 \\ -i \end{pmatrix}$ .

Desse modo, a solução geral para este problema é dado por

$$X(t) = K_1 \begin{pmatrix} 1 \\ i \end{pmatrix} e^{(1+2i)t} + K_2 \begin{pmatrix} 1 \\ -i \end{pmatrix} e^{(1-2i)t}.$$

Usando a fórmula de Euler, podemos reescrever essa solução por

$$X(t) = K_1 \begin{pmatrix} \cos 2t + i \operatorname{sen} 2t \\ i \cos 2t - \operatorname{sen} 2t \end{pmatrix} e^t + K_2 \begin{pmatrix} \cos 2t - i \operatorname{sen} 2t \\ -i \cos 2t - \operatorname{sen} 2t \end{pmatrix} e^t.$$

Separando a parte real e a complexa, obtemos

$$X(t) = (K_1 + K_2) \begin{pmatrix} \cos 2t \\ -\operatorname{sen} 2t \end{pmatrix} e^t + i(K_1 - K_2) \begin{pmatrix} \operatorname{sen} 2t \\ \cos 2t \end{pmatrix} e^t.$$

Escolhendo  $K_1 = 1$  e  $K_2 = 0$ , obtemos duas soluções  $I_1(t)$  e  $I_2(t)$  reais e LI de  $X' = AX$ :

$$I_1(t) = \begin{pmatrix} \cos 2t \\ -\operatorname{sen} 2t \end{pmatrix} e^t \quad \text{e} \quad I_2(t) = \begin{pmatrix} \operatorname{sen} 2t \\ \cos 2t \end{pmatrix} e^t.$$

Então, a solução geral de  $X' = AX$  pode ser escrita assim:

$$X(t) = A_1 \begin{pmatrix} \cos 2t \\ -\operatorname{sen} 2t \end{pmatrix} e^t + A_2 \begin{pmatrix} \operatorname{sen} 2t \\ \cos 2t \end{pmatrix} e^t, \quad A_1, A_2 \in \mathbb{C}.$$

## 2.2 Modelo Presa-Predador de Lotka-Volterra

Um exemplo clássico da área de Biomatemática que envolve um sistema de equações diferenciais é o proposto por *Lotka-Volterra* para poder descrever a dinâmica entre duas populações, uma de presa e outra de predador.

Este modelo parte do seguinte pressuposto, se o número de presas aumenta, então o número de predadores também aumenta. Com o número de predadores aumentando, o número de presas decai. A partir desse decaimento, o número de predadores cai, e conseqüentemente, o número de presas aumenta. E a dinâmica continua dessa forma. Esse ciclo pode ser visualizado na Figura 2.1.

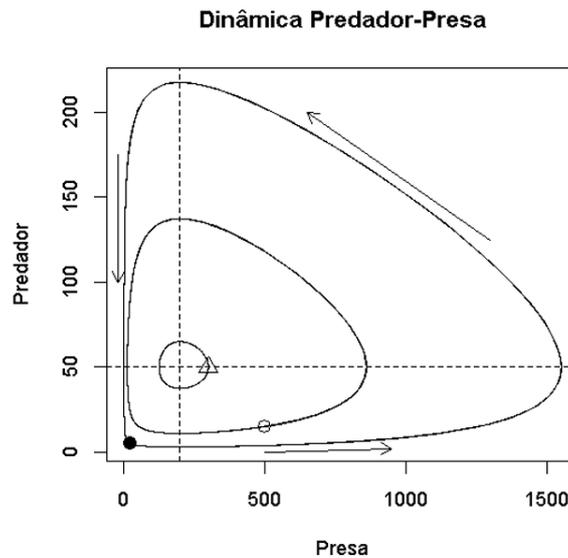


Figura 2.1: Fonte: [Ecologia de Populações](#)

Matematicamente, vamos descrever esse ciclo a partir de equações diferenciais. Para isso, considere

$$x \rightarrow \text{número de presas} \quad \text{e} \quad y \rightarrow \text{número de predadores.}$$

O modelo de Lotka-Volterra que representa a relação entre presa e predador é dado por:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = ax - \alpha xy \\ \frac{dy}{dt} = -by + \beta xy \end{cases}$$

onde  $a, b, \alpha, \beta > 0$ .

Perceba que o modelo faz sentido, uma vez que a população de presas perde indivíduos quando há confronto, enquanto que na ausência de confronto a população de predadores vai para a extinção.

É possível resolver esse sistema por meio de variáveis separáveis. Neste caso, a solução seria

dada de forma implícita. Para isso, fazemos o seguinte:

$$\begin{aligned} \frac{\frac{dx}{dt}}{\frac{dy}{dt}} &= \frac{ax - \alpha xy}{-by + \beta xy} \\ \implies \frac{dx}{dy} &= \frac{ax - \alpha xy}{-by + \beta xy}. \end{aligned}$$

Assim, aplicando o método das variáveis separáveis, temos:

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dy} &= \frac{ax - \alpha xy}{-by + \beta xy} \\ \implies \frac{dx}{dy} &= \frac{x(a - \alpha y)}{y(-b + \beta x)} \\ \implies \frac{(-b + \beta x)}{x} dx &= \frac{a - \alpha y}{y} dy \\ \implies \frac{-b}{x} + \beta dx &= \frac{a}{y} - \alpha dy \\ \implies \int \frac{-b}{x} + \beta dx &= \int \frac{a}{y} - \alpha dy \\ -b \ln(x) + \beta x &= a \ln(y) - \alpha y + c \\ x &= \frac{b \ln(x) + a \ln(y) - \alpha y + c}{\beta}, \end{aligned}$$

em que  $c$  é uma constante.

Além da solução dada implicitamente, é interessante estudar o comportamento qualitativo dessa dinâmica no sentido de estabilidade. Ou seja, estamos também preocupados se a relação de predação da população  $y$  em função da população  $x$  não gera nenhum tipo de extinção para nenhuma delas. Para isso, vamos estudar o conceito de *pontos de equilíbrio para sistemas de equações diferenciais*.

Considere um sistema de equações diferenciais da forma

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(x, y) \\ \frac{dy}{dt} = g(x, y) \end{cases}.$$

Dizemos que  $P = (x_0, y_0)$  é um ponto de equilíbrio para esse sistema se,  $f(x_0, y_0) = 0$  e  $g(x_0, y_0) = 0$ , simultaneamente.

No caso, particular do sistema de Lotka-Volterra, teríamos que  $f(x, y) = ax_0 - \alpha x_0 y_0$  e  $g(x, y) = -by_0 + \beta x_0 y_0$ . Assim, para determinar os pontos de equilíbrio devemos encontrar os pontos  $(x_0, y_0)$  tais que  $ax_0 - \alpha x_0 y_0 = 0$  e  $-by_0 + \beta x_0 y_0 = 0$ .

**Exercício 2.2.1** *Mostre que os pontos de equilíbrio do modelo Lotka-Volterra são dados por  $P_1 = (0, 0)$  e  $P_2 = \left(\frac{b}{\beta}, \frac{a}{\alpha}\right)$ .*

Dessa forma, o primeiro ponto de equilíbrio  $P_1 = (0, 0)$  significa que na ausência de presas a população de predadores também não irá aumentar, e o segundo ponto de equilíbrio  $P_2 = \left(\frac{b}{\beta}, \frac{a}{\alpha}\right)$  significa que  $\frac{b}{\beta}$  presas são suficientes para sustentar uma população de  $\frac{a}{\alpha}$  predadores.

A fim de determinar o comportamento qualitativo das trajetórias que determinam as soluções desse sistema, vamos examinar o comportamento local das soluções em torno de cada ponto de equilíbrio. Esse processo é denominado *linearização* e determina o tipo e a estabilidade de cada ponto de equilíbrio.

Próximo ao ponto  $P_1 = (0, 0)$ , podemos desprezar os termos não lineares do sistema, porque são valores muito pequenos em relação ao termos  $x$  e  $y$  que aparecem sozinhos. Assim, obtemos:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = ax \\ \frac{dy}{dt} = -by \end{cases}$$

que pode se reduzir ao caso de sistemas lineares de EDOs que vimos anteriormente.

**Exercício 2.2.2** Considere os parâmetros  $a = 0.08$  e  $b = 0.02$ . Obtenha a solução do sistema linear acima para estes parâmetros. Com isso, mostre que o ponto de equilíbrio  $P_1 = (0, 0)$  é instável.

Por fim, vamos analisar o segundo ponto de equilíbrio dado por  $P_2 = \left(\frac{b}{\beta}, \frac{a}{\alpha}\right)$ . Neste caso, devemos analisar a matriz Jacobiana dada por

$$J(x, y) = \begin{pmatrix} \frac{df}{dx} & \frac{df}{dy} \\ \frac{dg}{dx} & \frac{dg}{dy} \end{pmatrix}.$$

**Exercício 2.2.3** Considere os parâmetros:  $a = 0.08$ ,  $b = 0.02$ ,  $\alpha = 0.001$  e  $\beta = 0.00002$ .

1. Calcule a matriz Jacobiana do sistema presa predador.
2. Substitua o ponto de equilíbrio  $P_2 = (1000, 80)$  na matriz jacobiana.
3. Resolva o sistema linear de EDOs associado ao problema.

Resolvendo o exercício acima, obteremos que a solução do sistema linear é estável. No entanto, isso não garante que também será para o sistema não linear tendo em vista que qualquer pequena perturbação nos parâmetros do sistema não linear pode fazer com que esse equilíbrio se modifique.

Para investigar a possibilidade do ponto de equilíbrio de coexistência do sistema não linear ser estável, utilizamos o método do plano de fase. Esse método é útil para determinar as trajetórias das soluções. Para isso, devemos dividir a segunda equação diferencial pela primeira. Isto é, obteremos

$$\frac{dx}{dy} = \frac{x(a - \alpha y)}{y(-b + \beta x)},$$

cuja solução é

$$x = \frac{b \ln(x) + a \ln(y) - \alpha y + c}{\beta}.$$

As trajetórias determinadas pela equação acima são curvas fechadas em torno do ponto de equilíbrio  $P_2 = (1000, 80)$  e a constante  $c$  é determinada pelas condições iniciais que devem ser fornecidas no problema. Para cada condição inicial, obtemos uma curva fechada periódica, como ilustrado na Figura 2.1. Assim, esse ponto de equilíbrio também é estável (neste caso chamado também de *centro* para o sistema não linear).

## 2.3 Modelos epidemiológicos

Nessa seção temos como objetivo estudar fenômenos relacionados a saúde/doença e seus fatores de influência. Para isso, veremos os modelos mais conhecidos da literatura. De um modo geral, partiremos das seguintes hipóteses:

- A população de humanos cresce a uma taxa constante na ausência de vírus;
- A infecção viral causa uma mortalidade crescente devido à doença;
- A reprodução de partículas virais depende da presença de humanos;
- Na ausência de hospedeiros humanos, as partículas virais “morrem” ou tornam-se inviáveis a uma taxa  $\gamma$ .

Na literatura uma mesma população é dividida em diversos compartimentos. Aqui, nessa nota de aula, dividiremos a população em três compartimentos:

$S$  = população de pessoas *suscetíveis*;  
 $I$  = população de pessoas *infectadas*;  
 $R$  = população de pessoas *recuperadas*.

## 2.4 Modelo $SI$ de Kermack e McKendrick (1927)

O modelo  $SI$  em sua forma mais simples é dado por

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI \end{cases} .$$

Se considerarmos a população total  $N$  constante em todo tempo, temos  $N = S + I$ . Vemos pelo modelo acima que, de fato, temos  $\frac{dN}{dt} = 0$ .

Poderíamos, ainda, acrescentar dinâmica vital no modelo, por exemplo supondo uma taxa de morte ou nascimento na população, o que tornaria a população total não constante, donde então teríamos  $N \neq S + I$ . Por exemplo, este modelo poderia ser dado por

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI + (\eta - \mu)S \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI \end{cases} ,$$

sendo  $\eta$  e  $\mu$  as taxas de natalidade e mortalidade, respectivamente.

## 2.5 Modelo *SIR* de Kermack e McKendrick (1927)

O modelo *SIR*, diferentemente do modelo *SI*, considera um terceiro compartimento formado pelos recuperados de uma certa doença. Neste caso, o modelo é dado por

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \nu I \\ \frac{dR}{dt} = \nu I \end{cases}$$

Note que neste modelo novamente consideramos a população constante, pois sendo  $N = S+I+R$ , temos  $\frac{dN}{dt} = 0$ .

## 2.6 Modelo *SIRS*

Neste modelo agora consideramos a possibilidade de, à uma taxa  $\gamma$ , uma pessoa recuperada se tornar suscetível novamente, podendo, então, se infectar novamente.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI + \gamma R \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \nu I \\ \frac{dR}{dt} = \nu I - \gamma R \end{cases}$$

Note que:

- Novamente temos  $N = S + I + R \Rightarrow \frac{dN}{dt} = 0$ ;
- Como os modelos *SI* e *SIR*, o modelo *SIRS* é não linear;
- Os parâmetros  $\mu, \beta, \nu, \gamma$  podem não ser constantes. Por exemplo, para doenças periódicas,  $\beta$  pode depender do tempo, então  $\beta = \beta(t)$ ;
- O modelo *SIR* é um caso particular do modelo *SIRS*, quando tomamos  $\gamma = 0$ .

### 2.6.1 Taxa de Reprodutibilidade Basal ( $R_0$ )

A taxa de reprodutibilidade basal ( $R_0$ ) é comumente usada para analisar se uma doença apresenta risco de se tornar epidêmica. Desse modo, através da taxa  $R_0$  podemos realizar previsões para o controle da doença.

O valor  $R_0$  representa o número de infecções secundárias, ou seja, o número médio de novos casos de infecção causados por um único infectado numa população de suscetíveis. Ele é característico de

cada doença, no entanto é padronizado que se  $R_0 > 1$  a doença apresenta risco de epidemia, enquanto que se  $R_0 < 1$  a doença é endêmica (ou seja, a infecção atinge apenas uma parcela população em uma região específica).

Em geral, podemos encontrar  $R_0$  buscando a expressão que fica maior que 1 quando  $\frac{dI}{dt} > 0$ , ou menor que 1 quando  $\frac{dI}{dt} < 0$ . Ainda, podemos fazer o mesmo analisando as condições para que o ponto de equilíbrio endêmico seja estável, ou o ponto livre de doença seja instável.

Por exemplo, no modelo *SIRS*, quando  $\frac{dI}{dt} > 0$  temos  $\beta S > \nu$ . Quando analisamos  $R_0$  consideramos a população inicialmente toda suscetível, então  $S = N$ . Isto é,

$$\frac{dI}{dt} > 0 \Rightarrow \beta N > \nu \Rightarrow \frac{\beta N}{\nu} > 1 \Rightarrow R_0 = \frac{\beta N}{\nu}.$$

Vejamos que  $\frac{\beta N}{\nu}$  é número de pessoas, enquanto  $\beta \frac{1}{\nu}$  é a fração de indivíduos infectados por uma dada pessoa de  $I$ . Isso faz sentido, lembrando que  $\frac{1}{\nu}$  representa o tempo médio de permanência de um indivíduos em  $I$ .

**Observação 2.6.1** O valor da taxa de reprodutibilidade basal no modelo *SIR* é a mesma do modelo *SIRS*. De fato, basta observar que esta taxa, no modelo *SIRS*, independe do parâmetro  $\gamma$  e que o modelo *SIR* é um caso particular do *SIRS* ao fazer  $\gamma = 0$ .

## 2.6.2 Análise de Estabilidade e sua Relação com $R_0$

Como vimos na seção anterior, é possível usar o fato de que  $R = N - S - I$  para transformar o sistema de 3 equações em um de 2 equações. Assim, obtemos

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI + \gamma(N - S - I) \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \nu I \end{cases}$$

Os pontos de equilíbrio deste novo sistema são  $P_1 = (N, 0)$  e  $P_2 = \left(\frac{\nu}{\beta}, \gamma \frac{(N - \nu/\beta)}{\nu + \gamma}\right)$ .

Para encontrá-los, primeiramente obtivemos da segunda equação que ou  $I = 0$  ou  $S = \frac{\nu}{\beta}$ . Logo após, analisando separadamente a primeira equação, vimos que ou  $I = \frac{\gamma(N - S)}{\beta S + \gamma}$  ou  $S = \frac{\gamma(N - I)}{\beta I + \gamma}$ .

Assim, quando  $I = 0$  temos  $S = \frac{\gamma N}{\gamma} = N$ . Por outro lado, quando  $S = \frac{\nu}{\beta}$ , obtemos

$$I = \gamma \frac{(N - \nu/\beta)}{\nu + \gamma}.$$

A respectiva matriz Jacobiana do sistema é dada por

$$J = \begin{pmatrix} -(\beta I + \gamma) & -(\beta S + \gamma) \\ \beta I & \beta S - \nu \end{pmatrix}.$$

Para  $P_1 = (N, 0)$ , temos

$$J = \begin{pmatrix} -\gamma & -(\beta N + \gamma) \\ 0 & \beta N - \nu \end{pmatrix}.$$

Os autovalores dessa são  $\lambda_1 = -\gamma < 0$  e  $\lambda_2 = \beta N - \nu$ . Logo,

- Se  $\beta N > \nu \Rightarrow \lambda_2 > 0 \Rightarrow P_1$  é ponto de sela;
- Se  $\beta N < \nu \Rightarrow \lambda_2 < 0 \Rightarrow P_1$  é nó estável.

Observe que  $\beta N > \nu \Rightarrow R_0 > 1$ . Analogamente,  $\beta N < \nu \Rightarrow R_0 < 1$ . Portanto,

- Se  $R_0 > 1 \Rightarrow P_1$  é instável;
- Se  $R_0 < 1 \Rightarrow P_1$  é assintoticamente estável, o que está de acordo com o que vimos na seção anterior para  $R_0$ .

Também poderíamos analisar os autovalores de  $J$  através do seu traço e seu determinante, então obteríamos as mesmas condições. Note que, para este caso, teríamos  $\det(J) > 0 \Rightarrow \text{tr}(J) < 0$ , então não seria possível o caso  $\det(J) > 0$  e  $\text{Tr}(J) > 0$  simultaneamente, excluindo as possibilidades de nó instável e espiral instável.

Sobre  $P_2$ , primeiramente é interessante observar que para existir sentido biológico na existência desse ponto, devemos ter  $N > \frac{\nu}{\beta} \Rightarrow \beta N > \nu$ . Portanto, a estabilidade de  $P_1$  implicaria na não existência do ponto  $P_2$ , enquanto que, se  $P_2$  existe, automaticamente  $P_1$  deve ser instável.

Para  $P_2 = \left( \frac{\nu}{\beta}, \gamma \frac{(N - \nu/\beta)}{\nu + \gamma} \right)$ , temos

$$J = \begin{pmatrix} -\left[ \frac{\gamma}{\nu + \gamma}(\beta N - \nu) + \gamma \right] & -(\nu + \gamma) \\ \frac{\gamma}{\nu + \gamma}(\beta N - \nu) & 0 \end{pmatrix}.$$

Considerando, então, que  $\beta N > \nu$ , temos  $\text{tr}(J) < 0$  e  $\det(J) > 0$ . Portanto, quando existe,  $P_2$  é nó estável.

## 2.7 Modelo SIS

Neste modelo, quando o indivíduo sai do compartimento de infectados, não passa (mesmo que temporariamente) pelo de recuperados, segue diretamente para o de suscetíveis novamente. As equações que descrevem este modelo são dadas por:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI + \gamma I \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \end{cases}$$

Novamente, a população é constante:  $N = S + I$  e, assim,  $\frac{dN}{dt} = 0$ .

Para encontrar os pontos de equilíbrio, basta usar apenas uma das equações. Então, temos que

$I = 0$  (o que implica  $S = N$ ) ou  $S = \frac{\gamma}{\beta}$  (o que implica  $I = N - \frac{\gamma}{\beta}$ ). Logo, os pontos de equilíbrio são:  $P_1 = (N, 0)$  e  $P_2 = \left(\frac{\gamma}{\beta}, N - \frac{\gamma}{\beta}\right)$ .

A matriz Jacobiana é

$$J = \begin{pmatrix} -\beta I & -\beta S + \gamma \\ \beta I & \beta S - \gamma \end{pmatrix}.$$

Vemos que a matriz é singular, isto é,  $\det(J) = 0$ . Com isso, sabemos que um autovalor de  $J$  é nulo,  $\lambda_1 = 0$ , e o outro é dado pelo traço da matriz,  $\lambda_2 = \text{tr}(J)$ , pois

$$\lambda_{1,2} = \frac{\text{tr}(J) \pm \sqrt{\text{tr}(J)^2 - 0}}{2}.$$

Então, ao aplicarmos a matriz nos pontos de equilíbrio, basta analisarmos o traço da matriz obtida. Se  $\text{tr}(J) > 0$ , o ponto é instável. Se  $\text{tr}(J) < 0$ , nada podemos afirmar sobre o ponto. Vamos mostrar que de fato não é possível fazer uma conclusão sobre a estabilidade do ponto neste caso.

Se a solução do sistema é dada por  $X = \begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}$  e os autovetores relacionados a  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$  são respectivamente  $V_1$  e  $V_2$ , temos que

$$X(t) = c_1 V_1 e^{\lambda_1 t} + c_2 V_2 e^{\lambda_2 t},$$

para determinadas constantes  $c_1$  e  $c_2$ . Supondo  $\lambda_1 = 0$  e  $\lambda_2 < 0$ , então, quando  $t \rightarrow \infty$ , temos  $X(t) \rightarrow c_1 V_1$ . Se  $c_1 = 0$ , então a solução vai para a origem que, então, é assintoticamente estável (lembramos que no sistema linearizado o ponto que analisamos a estabilidade é a origem). Caso  $c_1 \neq 0$ , como  $V_1 \neq 0$ , a solução nunca vai para a origem, que então é instável. Portanto, neste caso nada podemos concluir sobre a estabilidade do ponto analisado.

Com isso, vejamos que para  $P_1 = (N, 0)$  temos

$$J = \begin{pmatrix} 0 & -\beta N + \gamma \\ 0 & \beta N - \gamma \end{pmatrix},$$

onde  $\text{tr}(J) = \beta N - \gamma$ .

- Se  $\beta N < \gamma$ , então  $\text{tr}(J) < 0$ , donde nada poderíamos afirmar sobre  $P_1$  e ainda teríamos a não existência de  $P_2 = (S_2, I_2)$  do ponto de vista biológico, uma vez que teríamos  $I_2 < 0$ ;
- Considerando, então, que  $\beta N > \gamma$ , temos  $\text{tr}(J) > 0$  e, portanto,  $P_1$  é instável.

Para  $P_2 = \left(\frac{\gamma}{\beta}, N - \frac{\gamma}{\beta}\right)$  temos

$$J = \begin{pmatrix} \gamma - \beta N & 0 \\ \beta N - \gamma & 0 \end{pmatrix},$$

onde  $\text{tr}(J) = \gamma - \beta N$ . Note que, para a existência de  $P_2$ , devemos ter  $\beta N > \gamma$ , então neste caso temos  $\text{tr}(J) < 0$ . Portanto, quando existe  $P_2$ , nada podemos afirmar sobre ele.

## Referências

- Alves, J.D., 2023. *Sequências recorrentes de números fuzzy interativos: aplicações em biomatemática*. Master's thesis. Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, Rio Claro.
- Barros, L.C. and Esmi, E., 2019. *Notas de aula de biomatemática 1*. Universidade Estadual de Campinas - IMECC.
- Ecologia de populações. [chrome-extension://efaidnbmnnnibpcajpcgklclefindmkaj/http://ecologia.ib.usp.br/ecopop/lib/exe/fetch.php?media=alunos:2012:smquijaro:exercicios\\_predacao\\_-\\_santiago\\_m\\_quijano.pdf](chrome-extension://efaidnbmnnnibpcajpcgklclefindmkaj/http://ecologia.ib.usp.br/ecopop/lib/exe/fetch.php?media=alunos:2012:smquijaro:exercicios_predacao_-_santiago_m_quijano.pdf). Accessed: 2023-10-9.
- Edelstein-Keshet, L., 2006. *Mathematical models in biology*. Society for Industrial and Applied Mathematic.
- Ferreira Jr, W.C. and Bassanezi, R.C., 1988. *Equações diferenciais com aplicações*. Harbra.
- Guidorizzi, H.L., 2001. *Um curso de cálculo*, vol. 1. LTC.
- Hale, J. and Koçak, H., 2011. *Dynamics and bifurcations*. Springer New York.
- Murray, J.D., 2011. *An introduction to mathematical biology*. Springer.
- Segel, L. and Edelstein-Keshet, L., 2014. *A primer on mathematical models in biology*. Society for Industrial and Applied Mathematic.

# Índice Remissivo

- compartimento dos infectados, [26](#)
- compartimento dos recuperados, [26](#)
- compartimento dos suscetíveis, [26](#)
- decaimento, [2](#)
- difusão, [20](#)
- equação de Bernoulli, [15](#)
- equações de diferenças autônomas, [2](#)
- equações de diferenças não-autônomas, [2](#)
- expectativa de vida, [4](#)
- lei da alometria, [15](#)
- lei de ação de massas, [10](#)
- lei de Fick, [8](#)
- lei de Gompertz, [12](#)
- lei de Malthus, [9](#)
- lei de resfriamento de Newton, [7](#)
- lei de Verhulst, [10](#)
- linearização de um sistema de EDOs, [25](#)
- meia vida, [5](#)
- modelo de Lotka-Volterra, [23](#)
- modelo SI, [26](#)
- modelo SIR, [27](#)
- modelo SIRS, [27](#)
- modelo SIS, [29](#)
- modelos contínuos, [2](#)
- modelos discretos, [2](#)
- ponto assintoticamente estável, [13](#)
- ponto de equilíbrio, [13](#)
- ponto de equilíbrio centro, [25](#)
- ponto de equilíbrio de sistema de EDOs, [24](#)
- ponto estável, [13](#)
- ponto instável, [13](#)
- sequência de Fibonacci, [2](#)
- sistema de equações diferenciais ordinárias, [18](#)
- taxa de reprodutibilidade Basal, [27](#)
- taxa específica, [3](#)
- vida média, [4](#)