

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALFENAS**

**TAÍS APARECIDA FARIA**

**ESTUDO DA DINÂMICA DE TRANSMISSÃO DA TUBERCULOSE BOVINA POR  
MEIO DE EQUAÇÕES DIFERENCIAIS ORDINÁRIAS**

ALFENAS/MG

2019

**TAÍS APARECIDA FARIA**

**ESTUDO DA DINÂMICA DE TRANSMISSÃO DA TUBERCULOSE BOVINA POR  
MEIO DE EQUAÇÕES DIFERENCIAIS ORDINÁRIAS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria, área de concentração: Estatística Aplicada e Biometria, da Universidade Federal de Alfenas - MG, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre. Linha de Pesquisa: Matemática Aplicada e Modelagem Matemática.  
Orientador: Prof. Dr. Evandro Monteiro.

ALFENAS/MG

2019

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)  
Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal de Alfenas

F224e Faria, Taís Aparecida.  
Estudo da dinâmica de transmissão da Tuberculose Bovina por meio de equações diferenciais ordinárias. / Taís Aparecida Faria – Alfenas/MG, 2019.

122 f.: il. –

Orientador: Evandro Monteiro.  
Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) -  
Universidade Federal de Alfenas, 2019.  
Bibliografia.

1. Epidemiologia. 2. Teoria Qualitativa. 3. Modelos Matemáticos. I.  
Monteiro, Evandro. II. Título.

CDD-519



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO  
Universidade Federal de Alfenas / UNIFAL-MG  
Programa de Pós-graduação em Estatística Aplicada e Biometria

Rua Gabriel Monteiro da Silva, 700. Alfenas - MG CEP 37130-000  
Fone: (35) 3299-1392 (Secretaria) (35) 3299-1121 (Coordenação)  
<https://www.unifal-mg.edu.br/ppgeab/>



TAÍS APARECIDA FARIA

“ESTUDO DA DINÂMICA DE TRANSMISSÃO DA TUBERCULOSE BOVINA POR  
MEIO DE EQUAÇÕES DIFERENCIAIS ORDINÁRIAS”

A Banca Examinadora, abaixo assinada, aprova a  
Dissertação apresentada como parte dos requisitos para  
a obtenção do título de Mestre em Estatística Aplicada  
e Biometria pela Universidade Federal de Alfenas.  
Área de Concentração: Estatística Aplicada e  
Biometria

Aprovado em: 1 de fevereiro de 2019.

Prof. Dr. Evandro Monteiro

Instituição: UNIFAL-MG

Assinatura:

Prof. Dr. José Paulo Carvalho dos Santos

Instituição: UNIFAL-MG

Assinatura:

Prof. Dr. Silvio Antônio Bueno Salgado

Instituição: UNIFAL-MG

Assinatura:

*Dedico à Deus, autor de meu destino, aos meus avós Lazinho (In memoriam) e Antoninha, aos meus pais, Nigelson e Gilciane, e aos meus irmãos Genilson, Sérgio Eduardo e Jhonatan.*

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente à Deus, ao Senhor Bom Jesus, por ser luz em meus caminhos.

Aos meus avós paternos, Lazineho (*In memoriam*) e Antoninha, bases de meu crescimento, por todo apreço e carinho, aos meus pais, Nigelson e Gilciane pelo incentivo. Aos meus irmãos, Genilson, Sérgio Eduardo e Jhonatan, por todos os momentos de ajuda mútua e descontração, mesmo que à distância. À minha avó e à bisavó materna, pela compreensão.

Agradeço Alfenas, pois me proporcionou o convívio com pessoas maravilhosas que me apoiaram, amenizaram minhas dificuldades e não permitiram que eu desistisse nem nos piores dias, dentre esses amigos-anjos, agradeço também ao meu namorado Thales e sua família.

Agradeço à todos os professores do Departamento de Matemática e do Departamento de Estatística da UNIFAL-MG, que, desde o curso de Licenciatura em Matemática, participaram e colaboraram brilhantemente em minha vida acadêmica, em especial ao Prof. Dr. Evandro, pela orientação neste trabalho, compreendendo minhas dificuldades e guiando minha evolução.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

*A matemática pode revelar mundos invisíveis em todos os tipos de dados. Neste sentido a Matemática é o próximo microscópio da Biologia, só que melhor. (COHEN, 2004)*

## RESUMO

Existem doenças que afetam a pecuária, dentre elas tem-se a Tuberculose Bovina, causada pela bactéria *Mycobacterium bovis*. Tal infecção afeta animais domésticos, sendo também transmitida a seres humanos, ocasionando o desenvolvimento de programas para o controle e/ou erradicação da Tuberculose Bovina e, para isso, são necessários estudos sobre a dinâmica da transmissão, fazendo-se uso de modelos matemáticos. Assim, o presente trabalho tem como principal objetivo analisar via teoria qualitativa de Equações Diferenciais Ordinárias (EDO), um modelo para Tuberculose Bovina, considerando ambas as populações constantes. Na análise qualitativa são apresentados os pontos de equilíbrio livre da doença e endêmico, a taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$ , a estabilidade local de ambos os pontos de equilíbrio e a estabilidade global do ponto de equilíbrio livre da doença. Tem-se ainda uma proposta de modelo considerando a população de humanos constante e a de bovinos não constante, mostrando-se os pontos de equilíbrio, a estabilidade local do ponto de equilíbrio livre da doença e taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$ . Também foram realizadas simulações numéricas no programa  $R^{\text{®}}$  (R CORE TEAM, 2018), adaptando os dados presentes em Abakar et al. (2017) onde as simulações corroboram com os resultados obtidos, considerando diferentes valores para a taxa de reprodução básica. Além disso, foi realizada uma simulação com dados do Rio Grande do Sul.

**Palavras-chave:** Epidemiologia. Teoria Qualitativa. Modelos Matemáticos.



## ABSTRACT

There are diseases that affect the livestock, including the Bovine Tuberculosis, caused by the *Mycobacterium bovis* bacterium. Such infection affects domestic animals and it's also transmitted to humans, provoking to the development of programs for the control and/or eradication of Bovine Tuberculosis, and for this, studies are necessary on the transmission dynamics, making use of mathematical models. Thus, the main objective of this work is to analyze a model for Bovine Tuberculosis by means of qualitative theory of Ordinary Differential Equations (ODE). In the qualitative analysis we show the equilibrium points, disease-free and endemic, the basic reproduction ratio  $\mathcal{R}_0$  is calculated, the local stability of both equilibrium points and the global stability of the point of disease-free equilibrium. We also proposed a model considering constant the human population and non constante the bovine population, showing the equilibrium points, the local stability of equilibrium point disease-free, and basic reproduction ratio  $\mathcal{R}_0$ . Were also performed Numerical simulations in the program  $R^{\text{®}}$  (R CORE TEAM, 2018) by adapting the data present in Abakar et al. (2017), where the simulations corroborate with the obtained results, considering different values for the basic reproduction rate. In addition, a simulation was performed with data from brazillian state Rio Grande do Sul.

**Keywords:** Epidemiology. Qualitative Theory. Mathematical Models.

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 –	Análise de sensibilidade da variável $\mu$ em relação ao parâmetro $p$ , do qual depende diferencialmente. . . . .	82
Tabela 2 –	Índices de sensibilidade da razão de reprodução básica em relação a cada um dos parâmetros presentes no modelo. . . . .	84
Tabela 3 –	Populações de bovinos e humanos em Marrocos. . . . .	98
Tabela 4 –	Parâmetros do modelo compartimental para a Tuberculose Bovina. . .	99
Tabela 5 –	Simulações numéricas realizadas . . . . .	99
Tabela 6 –	Populações de bovinos e humanos no Rio Grande do Sul em 2011. . .	106
Tabela 7 –	Parâmetros relacionados a Tuberculose Bovina para as populações de bovinos e humanos no estado do Rio Grande do Sul. . . . .	107
Tabela 8 –	Dados da Tuberculose Bovina na população de bovinos do Rio Grande do Sul nos anos de 2011, 2015 e 2016. . . . .	108
Tabela 9 –	Dados da Tuberculose Bovina na população de humanos do Rio Grande do Sul entre nos anos de 2012, 2013 e 2014. . . . .	108
Tabela 10 –	Dados da Tuberculose Bovina na população de humanos do Rio Grande do Sul entre os anos de 2015, 2016 e 2017. . . . .	109
Tabela 11 –	Erros relativos entre a simulação para a Tuberculose Bovina nas subpopulações de bovinos do Rio Grande do Sul entre os anos de 2011 e 2017 e dados reais. . . . .	110
Tabela 12 –	Erros relativos entre a simulação para a Tuberculose Bovina nas subpopulações de humanos, do Rio Grande do Sul entre os anos de 2011 e 2017 e dados reais. . . . .	111
Tabela 13 –	Parâmetros do modelo compartimental para a Tuberculose Bovina, com a população de bovinos não constante. . . . .	111
Tabela 14 –	Populações de bovinos e humanos em Marrocos. . . . .	112

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 –	Transmissão da Tuberculose Bovina. . . . .	17
Figura 2 –	Prevalência da Tuberculose Bovina de acordo com as regiões dos estados brasileiros (2016). . . . .	23
Figura 3 –	Casos de Tuberculose Bovina no Brasil entre 1999 e 2017. . . . .	24
Figura 4 –	Efetivo bovino na região Sul do Brasil entre os anos de 2011 e 2017. . . . .	25
Figura 5 –	Interpretação geométrica do conceito de estabilidade. . . . .	31
Figura 6 –	Interpretação geométrica do conceito de estabilidade assintótica. . . . .	32
Figura 7 –	Interpretação geométrica do conceito de bacia de atração. . . . .	32
Figura 8 –	Interpretação geométrica do conceito de bacia de atração. . . . .	36
Figura 9 –	Diagrama da dinâmica de transmissão da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos. . . . .	41
Figura 10 –	Diagrama da dinâmica de transmissão quando tem-se $\mathcal{R}_0 = 2$ . . . . .	56
Figura 11 –	Diagrama da dinâmica de transmissão quando tem-se $\mathcal{R}_0 = 0,5$ . . . . .	56
Figura 12 –	Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, $\beta_B = 0,001$ e $\mathcal{R}_0 = 0,004856067$ . . . . .	100
Figura 13 –	Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, $\beta_B = 0,1$ e $\mathcal{R}_0 = 0,4856067$ . . . . .	101
Figura 14 –	Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, $\beta_B = 0,3$ e $\mathcal{R}_0 = 1,45682$ . . . . .	101
Figura 15 –	Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, $\beta_B = 0,95$ e $\mathcal{R}_0 = 4,613263$ . . . . .	102
Figura 16 –	Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, $\beta_B = 0,001$ , $\beta_H = 0,1$ e $\mathcal{R}_0 = 0,004856067$ . . . . .	103
Figura 17 –	Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, $\beta_B = 0,1$ , $\beta_H = 0,1$ e $\mathcal{R}_0 = 0,4856067$ . . . . .	104
Figura 18 –	Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, $\beta_B = 0,3$ , $\beta_H = 0,1$ e $\mathcal{R}_0 = 1,45682$ . . . . .	104
Figura 19 –	Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, $\beta_B = 0,95$ , $\beta_H = 0,1$ e $\mathcal{R}_0 = 4,613263$ . . . . .	105

Figura 20 – Tuberculose Bovina: dinâmica das populações de bovinos e humanos no RS, entre os anos de 2010-2020. . . . .	110
Figura 21 – Tuberculose Bovina: dinâmica da população de bovinos, considerando a população de bovinos não constante. . . . .	112
Figura 22 – Tuberculose Bovina: dinâmica da população de humanos, considerando a população de bovinos não constante. . . . .	113
Figura 23 – Tuberculose Bovina: dinâmica da população de bovinos, considerando a população de bovinos não constante. . . . .	113
Figura 24 – Tuberculose Bovina: dinâmica da população de humanos, considerando a população de bovinos não constante. . . . .	114

## SUMÁRIO

1	<b>INTRODUÇÃO</b>	12
2	<b>TUBERCULOSE BOVINA</b>	15
2.1	<b>Transmissão</b>	16
2.2	<b>Epidemiologia</b>	17
2.3	<b>Patogenia</b>	17
2.4	<b>Sinais clínicos</b>	18
2.5	<b>Diagnóstico</b>	19
2.6	<b>Controle</b>	20
3	<b>TUBERCULOSE BOVINA NO BRASIL</b>	22
4	<b>EQUAÇÕES DIFERENCIAIS ORDINÁRIAS</b>	26
4.1	<b>Conceitos fundamentais</b>	26
4.2	<b>Estabilidade</b>	29
4.3	<b>Estabilidade local</b>	33
4.4	<b>Estabilidade global</b>	35
5	<b>MODELO COMPARTIMENTAL</b>	37
5.1	<b>Proposta de modelo</b>	42
5.2	<b>Pontos de equilíbrio</b>	49
5.2.1	Ponto de equilíbrio livre da doença	49
5.2.2	Ponto de equilíbrio endêmico	51
5.3	<b>Razão de reprodução básica</b>	55
5.3.1	Estabilidade local	57
5.3.1.1	Estabilidade local do ponto livre da doença	57
5.3.1.2	Estabilidade local do ponto endêmico	64
5.4	<b>Estabilidade global do ponto de equilíbrio livre da doença</b>	77
6	<b>ANÁLISE DE SENSIBILIDADE</b>	82
7	<b>MODELO PARA POPULAÇÃO DE BOVINOS NÃO CONSTANTE</b>	85
7.1	<b>Ponto de equilíbrio livre da doença</b>	87
7.2	<b>Ponto de equilíbrio endêmico</b>	88
7.3	<b>Estabilidade Local do ponto de equilíbrio livre da doença</b>	91
8	<b>SIMULAÇÃO NUMÉRICA</b>	98
8.1	<b>Tuberculose Bovina, com populações constantes</b>	98
8.2	<b>Tuberculose Bovina no Rio Grande do Sul</b>	105
8.3	<b>Tuberculose Bovina considerando a população de bovinos não constante</b>	111
9	<b>RESULTADOS E DISCUSSÕES</b>	115
	<b>REFERÊNCIAS</b>	116

## 1 INTRODUÇÃO

A pecuária é desenvolvida em áreas rurais e consiste na criação de gado, seja para comercializar a carne, o leite, o couro, a pele ou ossos. No ano de 2015, o Brasil possuía 209,13 milhões de cabeças de gado, distribuídos em 167 milhões de hectares, ocupando o posto de país com o maior rebanho comercial do mundo.

Dessa forma, tal atividade desempenha um papel importante na economia brasileira, o que é constatado nos dados, no ano de 2015, o Produto Interno Bruto (PIB) do Brasil alcançou R\$ 6,5 trilhões, sendo que o agronegócio representou cerca de R\$ 21,6% do PIB, por sua vez, a pecuária representou 5,4% (CEPEA. ESALQ – USP, 2018; IBGE, 2016).

Entretanto, doenças infecciosas podem afetar a pecuária, dentre elas tem-se a Tuberculose Bovina, causada pela bactéria *Mycobacterium bovis*, que infecta muitos animais domésticos, sendo também transmitida a seres humanos. Tal infecção atinge os gânglios linfáticos, e, posteriormente pode afetar pulmões e se manifestar em outros órgãos. A transmissão ocorre principalmente pela via aérea nos bovinos. Seres humanos podem ser infectados através do consumo de leite não pasteurizado e pelo contato com animais contaminados (MURAKAMI et al., 2009).

Diante da importância da pecuária para a economia e o prejuízo que doenças infecciosas podem causar, são desenvolvidos programas para o controle ou erradicação da mesma e que podem estimar o custo da doença e de seu controle, porém, para isso são necessários estudos que caracterizem a dinâmica da transmissão. Por conseguinte, é necessário a modelagem matemática para compreender a epidemiologia da doença, visando seu controle ou até mesmo sua erradicação.

Nesse sentido, Phepa, Chirove e Govinder (2016) tratam da transmissão e evolução da Tuberculose Bovina em populações de búfalos e bovinos, enquanto Augusto et al. (2011) tratam de um modelo com teste e abate para a dinâmica da transmissão da Tuberculose Bovina apenas em gado bovino, por meio de um sistema de equações diferenciais que permite a importação de gado infectado de fontes externas. Skuce, Allen e McDowell (2011) tratam da transmissão bovino-bovino e fatores de risco. O trabalho de Hassan et al. (2014), descreve a Tuberculose e a Tuberculose Bovina nas populações de humanos e búfalos, já Abakar et al. (2017) realizaram simulações numéricas de um modelo para a Tuberculose Bovina envolvendo as populações de bovinos e humanos marroquinos.

No Brasil existem relatórios do Ministério da Agricultura, Pecuária Abastecimento\* e também artigos referentes aos dados epidemiológicos de 13 estados, que representam 75% da população bovina do país, tais dados foram reunidos no site do MAPA permitindo o acesso à quantidade de infectados em cada um desses estados (BAHIENSE et al., 2016; BARBIERI et al., 2016; DIAS et al., 2016; GALVIS et al., 2016; GUEDES et al., 2016; LIMA et al., 2016; NESPOLI et al., 2016; QUEIROZ et al., 2016; RIBEIRO et al., 2016; ROCHA et al., 2016; SILVA et al., 2016; VENDRAME et al., 2016).

O presente trabalho tem como objetivo analisar, via teoria qualitativa de Equações Diferenciais Ordinárias (EDO), um modelo para Tuberculose Bovina, adaptado de Abakar et al. (2017), considerando ambas as populações constantes, tomando como base o trabalho de Aranda et al. (2012) para realizar a análise qualitativa. Além disso, tem-se a sugestão de um modelo para Tuberculose Bovina considerando a população de bovinos não contante. Realizou-se também simulações numéricas adaptando os dados presentes em Abakar et al. (2017), bem como usando dados do estado do Rio Grande do Sul, tendo como principais fontes de dados DATASUS. Departamento de Informática do SUS (2012), FEE (2011), EMBRAPA (2018), PECT/RS. Secretaria de Estado da Saúde do RS (2018).

Este trabalho está dividido em oito seções, sendo elas: na Seção 2 tem-se informações sobre a Tuberculose Bovina, tais como forma de transmissão, epidemiologia, patogenia, descrição dos sinais clínicos, como se dá o diagnóstico e a forma de controle. Na Seção 3 tem-se as informações referente a Tuberculose Bovina no Brasil.

Na Seção 4 contém definições e resultados importantes de teoria de Equações Diferenciais Ordinárias que foram necessários para o estudo qualitativo do modelo compartimental.

Na Seção 5 apresenta-se o modelo compartimental da Tuberculose Bovina, adaptado de Abakar et al. (2017), considerando as populações de bovinos e humanos constantes. Realizando a análise qualitativa baseada em Aranda et al. (2012) ou seja, exibindo os pontos de equilíbrios livre da doença e endêmico, a razão de reprodução básica, bem como a estabilidade local de ambos e a estabilidade global do ponto de equilíbrio livre da doença.

Na Seção 6 é apresentada a análise de sensibilidade da taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$ , com relação a cada um dos parâmetros presentes no modelo proposto.

Na Seção 7 tem-se uma outra proposta de modelo em que a população de humanos é constante e a de bovinos não, mostrando-se os pontos de equilíbrios livre da doença e endêmico,

---

\*No presente trabalho a expressão Ministério da Agricultura, Pecuária Abastecimento será abreviada por MAPA.

bem como a estabilidade local do ponto de equilíbrio livre da doença, definindo-se a taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$  para tal modelo.

Na Seção 8 são apresentadas simulações numéricas, baseadas nos dados apresentados no trabalho de Abakar et al. (2017), realizadas com o uso do programa  $R^{\text{®}}$  (R CORE TEAM, 2018) para ilustrar a dinâmica das populações de bovinos e humanos ao longo do tempo contendo também, na Subseção 8.2, a simulação numérica com o uso do modelo proposto neste trabalho, adaptando os parâmetros e populações para dados do Rio Grande do Sul, com início no ano de 2011. Já na Subseção 8.3 tem-se a simulação numérica para o modelo proposto na Seção 7, considerando a população de bovinos não constante.

Por fim, na Seção 9 tem-se os resultados obtidos bem como as conclusões do trabalho.



## 2 TUBERCULOSE BOVINA

Segundo dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) a pecuária desenvolve um papel importante na economia brasileira, representando 30% do PIB relacionado ao agronegócio e 6,8% do PIB total. Em 2015 o país possuía 209,13 milhões de cabeças de gado, sendo o país com o maior rebanho comercial do mundo. Porém, doenças infecciosas podem prejudicar a pecuária, levando animais infectados a diminuição no ganho de peso, a redução na produção de leite e até mesmo à morte (IBGE, 2016).

Dentre tais doenças infecciosas, tem-se a Tuberculose Bovina (TB), também chamada de Tuberculose Zoonótica, que é causada pela bactéria *Mycobacterium bovis* (*M. bovis*) e infecta muitos animais domésticos. Sendo transmitida aos seres humanos através do consumo de leite sem pasteurização ou fervura, através do contato com animais infectados, ou pela via aérea, isto é, pela inalação de aerossóis<sup>†</sup>. A mesma afeta principalmente os pulmões, podendo também se manifestar em outros órgãos (MURAKAMI et al., 2009).

Nos bovinos a Tuberculose é uma doença crônica que afeta os gânglios linfáticos; posteriormente pode afetar os pulmões, podendo também manifestar-se em outros órgãos, dentre eles, o tecido mamário e o trato gastrointestinal ou urinário.

A transmissão entre bovinos ocorre principalmente através da inalação de aerossóis, e dessa forma a alta densidade em rebanhos e a criação intensiva podem ser fatores de risco da propagação da doença, bem como o longo período de sobrevivência dos micróbios em excrementos e no solo. Outra forma de transmissão é a chamada transmissão pseudo-vertical, que ocorre de vacas para bezerros através do leite infectado, a transmissão vertical é quase nula (MURAKAMI et al., 2009).

Os riscos para a saúde e as perdas econômicas foram reduzidos através de protocolos rigorosos, de inspeção e abate de animais infectados, bem como a pasteurização do leite, sendo que tais medidas foram adotadas na maioria dos países industrializados.

No que segue, apresenta-se as características epidemiológicas da Tuberculose Bovina baseado nos trabalhos de Murakami et al. (2009), Russi et al. (2016), Brasil. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (2006).

---

<sup>†</sup> Aerossóis: Colóide formado por um sólido ou líquido disperso em um gás. Pequenas gotículas de um líquido cujo estado foi produzido pelo vento (LIMA; SILVA FILHO; ARAUJO, 2016).

## 2.1 Transmissão

Segundo Murakami et al. (2009) e Brasil. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (2006), na população bovina, a transmissão da *M. Bovis* dá-se principalmente pela via respiratória, ou seja, pela inalação de gotículas de tosse infectadas ou de secreção nasal de animais com tuberculose pulmonar ativa. Pode ocorrer o que alguns autores chamam de via pseudo-vertical, ou seja, a transmissão via oral que ocorre quando bezerros são amamentados por vacas tuberculosas.

A infecção de forma vertical, chamada de infecção congênita, ocorre via vasos sanguíneos umbilicais para o feto, partindo da infecção presente no útero, ocorre se houver lesões da infecção no pênis ou na mucosa prepucial dos machos, ou na vulva ou mucosa vaginal das fêmeas, tal forma de transmissão ocorre em apenas 1% dos casos (RUSSI et al., 2016; SKUCE; ALLEN; MCDOWELL, 2011).

Além disso Humblet, Boschioli e Saegerman (2009) relatam que a transmissão vertical e pseudo-vertical ocorrem, mas em países onde programas com testes regulares são aplicados, tais formas de transmissão podem ser desconsideradas.

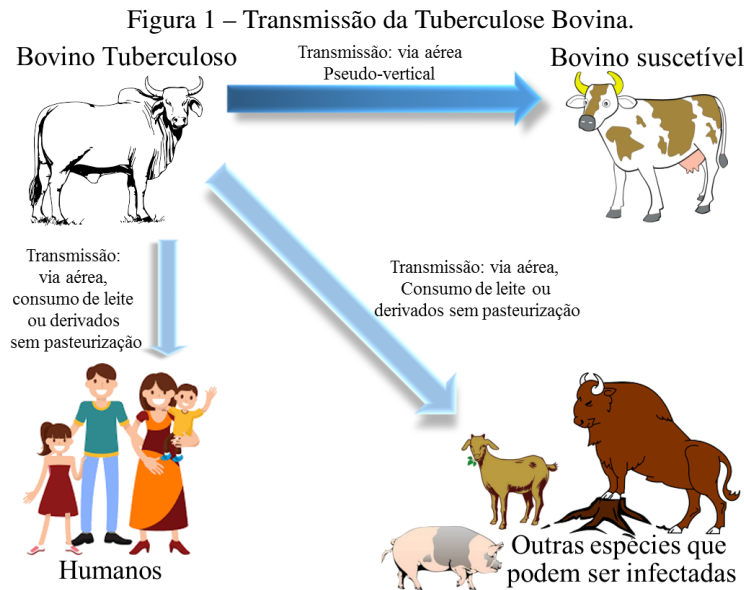
Já na população humana, a transmissão da *Mycobacterium bovis* dá-se principalmente através do consumo de leite e derivados sem pasteurização ou fervura, ocasionando a doença extrapulmonar. Sendo que crianças, idosos e pessoas com deficiência imunológica são mais suscetíveis. Grupos que possuem muito contato ao trabalhar com bovinos infectados com *Mycobacterium bovis*<sup>‡</sup>, seja em fazendas ou em abatedouros, também correm risco de desenvolver a doença, sendo mais provável o desenvolvimento na forma pulmonar.

Vale ressaltar que os bovinos não são a única fonte de transmissão de *M. bovis*, seres humanos podem se infectar por meio do contato com outros animais como alces e rinocerontes. Seres humanos com tuberculose ativa, infectados pela *M. bovis*, podem infectar novamente bovinos, principalmente pela via respiratória, porém tal transmissão é considerada rara. A transmissão humano-humano é limitada e pode ser desconsiderada (COSIVI et al., 1998).

Na Figura 1 é apresentado um esquema da transmissão da Tuberculose Bovina. A transmissão entre bovinos é mais frequente do que a de bovinos para as demais espécies.

---

<sup>‡</sup>A palavra *Mycobacterium* será abreviada como M.



Fonte: elaborado pela autora.

## 2.2 Epidemiologia

Segundo Murakami et al. (2009), a tuberculose é causada por microorganismos pertencentes ao gênero *Mycobacterium*, a ordem *Actinomycetales* e a família *Mycobacteriaceae*, sendo descritas aproximadamente 100 espécies. Dessas espécies, as seguintes formam o chamado “Complexo *M. tuberculosis*”: *M. bovis*, *M. tuberculosis*, *M. bovis BCG*, *M. africanum*, *M. caprae*, *M. canettii* e *M. microti*, tal grupo é considerado o responsável pela maioria dos casos de tuberculose humana e animal.

A Tuberculose Bovina possui influência na economia, pois existem perdas resultantes da morte dos animais, bem como da queda no ganho de peso e na diminuição na produção de leite.

## 2.3 Patogenia

Ainda segundo Murakami et al. (2009), gotículas infectadas são inspiradas e se alojam no trato respiratório, dessa forma os bacilos alcançam os alvéolos pulmonares, sendo fagocitados, absorvidos, pelos macrófagos que são células presentes no tecido conjuntivo que possuem a função de fagocitar elementos estranhos. Dessa forma, os bacilos se dividem, o que leva ao

aumento do número no foco da inoculação (infecção). Durante a fagocitose, parte dos bacilos são destruídos, porém, um maior contingente sobrevive e se multiplica, isso ocorre porque glicolípídeos (associação entre carboidratos e lipídeos) microbacterianos impedem a fusão dos bacilos aos lisossomos, os quais possuem enzimas que podem destruí-los. A multiplicação dos bacilos ocasiona a morte do macrófago com liberação de lisossomos e também a destruição tecidual.

Dessa forma, tem-se início uma lesão primária, chamada também de foco de infecção. Tal lesão em conjunto com a lesão no linfonodo regional é denominada “complexo primário”. O envolvimento do bacilo torna-se uma lesão, a granuloma, que nada mais é do que uma massa ou nódulo de tecido cronicamente inflamado. O aumento do granuloma ocasiona necrose caseosa nas células centrais, podendo ocorrer a calcificação. Dessa forma, os bacilos podem sobreviver por meses, ou até anos, em estado de latência, e assim sendo, o indivíduo infectado não manifesta a doença. O exsudato caseoso presente nas lesões inibe a multiplicação dos bacilos, entretanto, se o mesmo se tornar liquefeito, a multiplicação pode ser ainda maior. E tal líquido, quando comparado ao material caseoso é facilmente passado para as pequenas gotículas que são soltas no ar, dessa forma, um indivíduo que possui lesões liquefeitas é mais contagioso do que o indivíduo que possui lesão no estado de necrose caseosa.

Também pode ocorrer a infecção de outros órgãos através da entrada de macrófagos vivos e infectados na corrente sanguínea e nas veias linfáticas. Quando a lesão envelhece, o tecido conjuntivo que a circunda, aumenta em quantidade e maturidade. Pode ocorrer a eliminação das bactérias, dessa forma o tubérculo será reduzido a uma massa pequena de tecido cicatricial hialino (translúcido). Porém, as bactérias podem não ter sido eliminadas totalmente, e continuam em forma de infecção latente. Nessas condições, pode ocorrer a reativação da doença, onde o indivíduo já apresenta memória imunológica, para antígenos dos bacilos da tuberculose e dessa forma a lesão possui evolução mais lenta.

## **2.4 Sinais clínicos**

Segundo Murakami et al. (2009) em grande parte dos rebanhos, a presença da infecção causada por *Mycobacterium Bovis* é detectada somente através do teste tuberculínico, tendo em vista que a maioria das lesões nos bovinos se encontra nos pulmões, nos linfonodos pulmona-

res e nos linfonodos craniais. As lesões primárias podem ocorrer de forma única ou múltipla, envolvendo apenas um dos pulmões ou em ambos.

Em casos avançados, quando ocorrem extensas lesões pulmonares, levando ao enfraquecimento do sistema respiratório, ou quando linfonodos bronqueais aumentados causam a obstrução das vias aéreas, a dispneia pode se tornar aparente. Na faringe e no intestino, como são membranas mucosas, a lesão inicial da infecção pode não ser visível, sendo óbvias apenas nos linfonodos. Lesões no trato gastrointestinal são aparentes e se manifestam em forma de nódulos ou úlceras, podendo ser uma forma primária, ou quando ocorre após a infecção no pulmão é secundária.

Lesões miliares em órgãos e linfonodos por todo organismo, as quais inicialmente são transparentes e pequenas e durante seu desenvolvimento tornam-se caseosas e calcificadas, caracterizam a tuberculose generalizada. A osteomielite pode ocorrer em animais jovens, principalmente nas vértebras, causando miosite e artrite na região afetada. A tuberculose pode resultar em endometrite, que por sua vez pode causar infertilidade ou aborto.

Quando o complexo primário está no fígado e nos linfonodos portais, pode ocorrer tuberculose congênita. Tal doença se desenvolve de forma rápida, levando a morte de animais ainda jovens, em apenas semanas ou meses. A tuberculose nas meninges é uma infecção rápida e fatal.

Em seres humanos imunocompetentes, a *Mycobacterium bovis* causa principalmente tuberculose crônica, linfadenite e lesões cutâneas e subcutâneas. Entretanto, em seres humanos imunodeficientes, a doença pode evoluir para um quadro mais grave.

## 2.5 Diagnóstico

Em programas de erradicação, o primeiro teste diagnóstico em geral é dado pela tuberculização, pode-se utilizar também métodos laboratoriais como bacioscopia e cultivo bacteriano (BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2006). Entretanto, em ambos não se pode identificar a espécie de microbactéria infectante.

Para a investigação epidemiológica, tanto em humanos como em bovinos a distinção dentro do complexo *Mycobacterium tuberculosis* é muito relevante. Pois em lugares que a Tuberculose Bovina e humana coexistem, ou seja, em áreas endêmicas, é importante monitorar a

dispersão da *M. bovis* entre bovinos e a transmissão desses para seres humanos, nesse sentido, é importante a diferenciação entre *M. bovis* e a *M. tuberculosis*. Para realizar tal diferenciação, se faz necessário uma série de testes clássicos que consideram crescimento, propriedades fenotípicas e bioquímicas; porém estes testes podem ser trabalhosos, lentos e até mesmo imprecisos. Uma outra alternativa é o uso de métodos moleculares, como a chamada reação em cadeia da Polimerase, este é rápido e preciso, porém não está estabelecido em muitos laboratórios.

## 2.6 Controle

O controle da Tuberculose Bovina em determinada região ou país, no caso dos bovinos, pode ser realizado por meio da implantação de uma política de teste e abate, visando a erradicação de bovinos que reagem positivamente ao teste de tuberculinização, isso quando não existem outros hospedeiros reservatórios que possam manter a infecção no local. Mesmo com diversos estudos sobre possíveis tratamentos e vacinas, atualmente os resultados obtidos não justificam a adoção de tais medidas como forma de controle. A vacinação de rebanhos contra a tuberculose pode ser viável em animais domésticos e em animais silvestres que podem ser reservatórios da doença em países endêmicos (MURAKAMI et al., 2009; RUSSI et al., 2016).

Já como forma de controle da transmissão da *Mycobacterium bovis* para seres humanos, realiza-se a inspeção sanitária dos produtos de origem animal, a esterilização ou pasteurização do leite, os quais são destinados ao consumo humano. E também é importante o monitoramento da saúde de trabalhadores das propriedades rurais que mantém contato direto com animais que possivelmente podem estar infectados (BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2006).

No Brasil, o Programa Nacional de Controle da Tuberculose Humana foi implantado em 1996, objetivando realizar o tratamento dos pacientes de forma supervisionada, evitando o surgimento de bacilos resistentes, bem como possibilitando um controle efetivo da Tuberculose Humana (BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2006).

Já o Programa Nacional de Controle e Erradicação da Brucelose e Tuberculose Animal<sup>§</sup>, implantado em 2001, pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), objetiva a diminuição do impacto dessas zoonoses na saúde comunitária, a redução da prevalência e

---

<sup>§</sup>No presente trabalho a expressão Programa Nacional de Controle e Erradicação da Brucelose e Tuberculose Animal será representada pela sigla PNCEBT.

também a incidência de novos casos. Estratégias de diagnóstico e a certificação de propriedades livres foram definidas pelo PNCEBT, sendo que para a Tuberculose Bovina, a estratégia para redução é a identificação de animais infectados e o abate dos mesmos (RUSSI et al., 2016).

### 3 TUBERCULOSE BOVINA NO BRASIL

O Brasil, em 2001, estabeleceu o Programa Nacional de Controle e Erradicação da Brucelose e Tuberculose Animal para isso foi criado um comitê científico com a presença de funcionários do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento e especialistas de várias instituições de ensino e pesquisa, contando com a colaboração, inclusive, de pesquisadores estrangeiros.

Tal programa tem como funções produzir dados epidemiológicos da Brucelose e da Tuberculose Bovina, em busca de um avanço do país ao combate de tais doenças, credenciar veterinários para a realização de testes diagnósticos, registro de profissionais para a vacinação de novilhas (no caso da Brucelose), bem como o controle de lotes de vacinas produzidas em laboratórios privados, a implementação de um programa consistente de vacinação e a verificação de propriedades para receberem a qualificação de propriedade livre de tais doenças (BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2006).

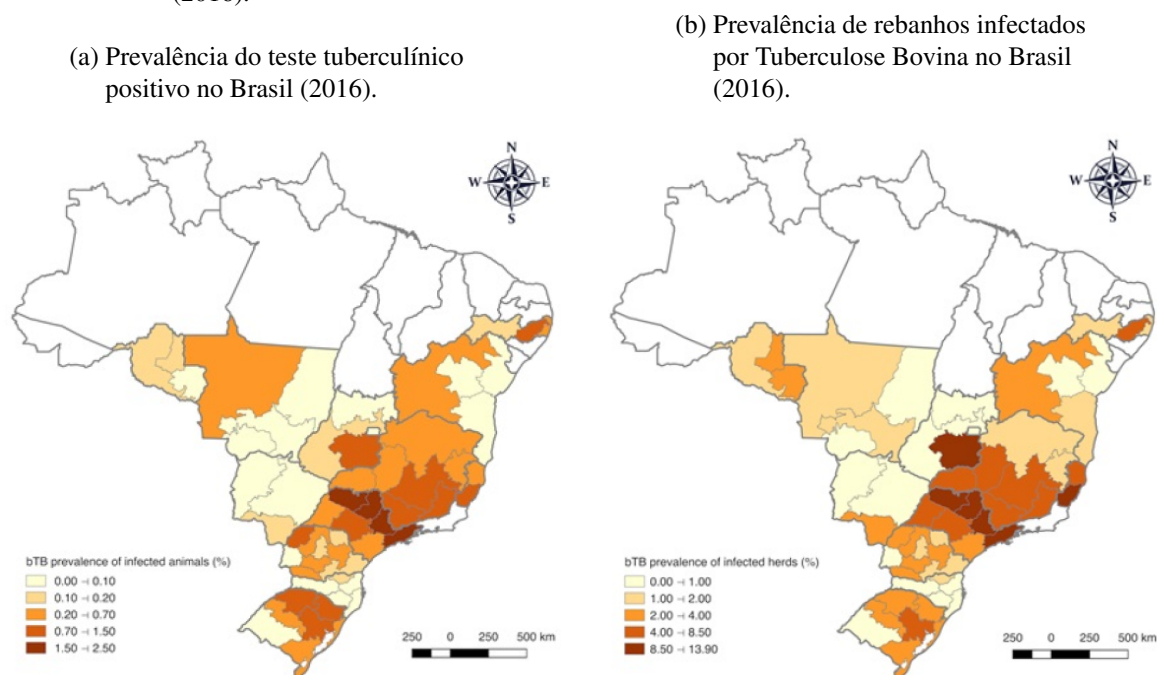
Segundo o PNCEBT, os dados oficiais no período de 1989 à 1998 indicam a prevalência da Tuberculose Bovina de 1,3%, em uma média nacional.

Ferreira Neto et al. (2016) realizou uma análise dos quinze anos iniciais de aplicação do PNCEBT no Brasil, nota-se em tal análise que o cinturão produtor de leite, composto pelo Espírito Santo e pelas regiões norte de São Paulo, sul de Minas Gerais, sul de Goiás, coincide justamente com a área que possui maior prevalência de Tuberculose Bovina no país. O risco de transmissão da Tuberculose Bovina aumenta com a aglomeração de indivíduos, o que ocorre durante a ordenha, o que leva ao aumento da densidade populacional, e, conseqüentemente a probabilidade de contatos infecciosos, para além disso, destaca-se também o fato de que o rebanho destinado a produção de leite tende a ser mais velho do que outros rebanhos, o que leva a uma maior exposição à doença, em propriedades com modos de produção mais evoluídos, os rebanhos são ainda mais densos e estressados, aumentando o risco de infecção.

Dessa forma, a Tuberculose Bovina no Brasil prevalece mais em propriedades leiteiras, principalmente nas de alta produção. Um fator agravante é a compra de animais sem passar por testes tuberculínicos, introduzindo-se assim animais infectados aos rebanhos (FERREIRA NETO et al., 2016). Nas Figuras 2a e 2b têm-se a prevalência da Tuberculose Bovina de acordo com as regiões dos estados brasileiros.



Figura 2 – Prevalência da Tuberculose Bovina de acordo com as regiões dos estados brasileiros (2016).



Fonte: Ferreira Neto et al. (2016).

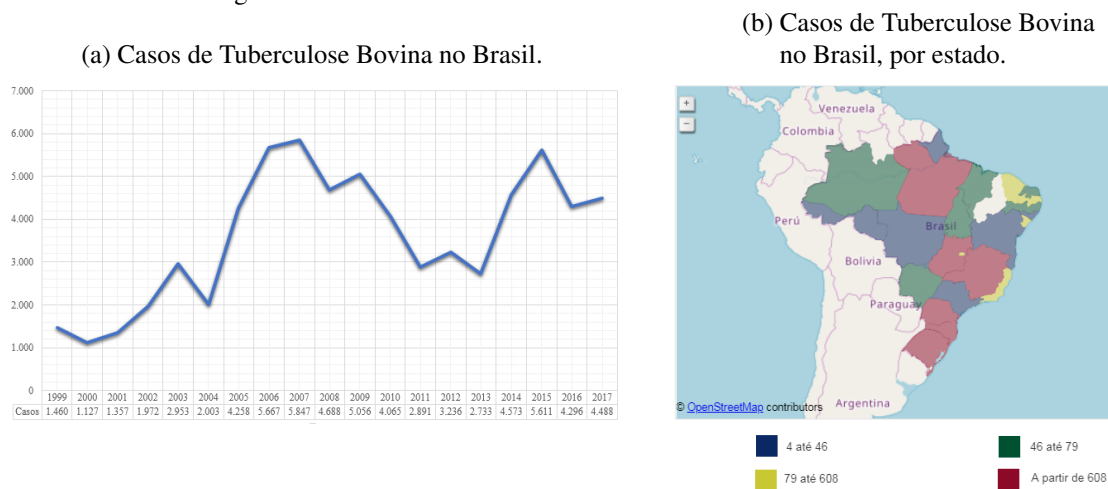
Em 2015, o PNCEBT foi atualizado e trouxe novas propostas, incluindo flexibilidades na vacinação contra a Brucelose, critérios mínimos de higienização de fazendas, propriedades serão certificadas como livres após a realização de dois testes negativos no rebanho (anteriormente eram necessários três testes).

Com relação a Tuberculose Bovina, o programa reuniu dados epidemiológicos detalhados em 13 estados, que somados representam 75% do rebanho bovino total presente no país. Tais dados foram reunidos e analisados pelo Centro Colaborador da Saúde Animal do MAPA, com o auxílio de pesquisadores da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ) da Universidade de São Paulo (USP). Sendo que o MAPA reúne tais dados em seu endereço eletrônico (<http://indicadores.agricultura.gov.br/saudeanimal/index.htm>), possibilitando consultas sobre o número de casos da infecção entre 1999 e 2017, sendo que no total, foram detectados 68.281 casos de Tuberculose Bovina nesse período de tempo, sendo que em 2017 foram contabilizados 4.488 casos (BAHIENSE et al., 2016; BARBIERI et al., 2016; DIAS et al., 2016; GALVIS et al., 2016; GUEDES et al., 2016; LIMA et al., 2016; NESPOLI et al., 2016; QUEIROZ et al., 2016; RIBEIRO et al., 2016; ROCHA et al., 2016; SILVA et al., 2016; VENDRAME et al., 2016).

Na Figura 3a tem-se o gráfico do número de casos de Tuberculose Bovina no Brasil entre 1999 e 2017, sendo que “caso” é definido como animal doente ou infectado, com diagnóstico

confirmado. Já na Figura 3b tem-se o número de casos confirmados por estado.

Figura 3 – Casos de Tuberculose Bovina no Brasil entre 1999 e 2017.



Fonte: Adaptado de <http://indicadores.agricultura.gov.br/saudeanimal/index.htm>.

Porém, não existe dados nacionais precisos sobre a Tuberculose Bovina, tais como quantos animais infectados se tem, quantos passam por testes. Existem estudos sobre alguns estados, em diferentes anos, porém, no endereço eletrônico citado anteriormente, não se tem a quantidade de bovinos que foram testados, e além disso, alguns estados que só possuem dados de um semestre, o que inviabiliza um estudo sobre a prevalência nacional da Tuberculose Bovina.

Com relação à Tuberculose Bovina em humanos no Brasil não existe dados específicos, tendo em vista que o diagnóstico, sintomas e tratamento são idênticos, não são realizados exames para ver a origem da Tuberculose, para identificar a qual espécie do complexo *Mycobacterium tuberculosis* pertence o agente. Para além disso, segundo Mueller et al. (2013), em países desenvolvidos estima-se que de 1% a 2% dos casos de Tuberculose em humanos é causada pelo *Mycobacterium bovis*, quando se trata de países subdesenvolvidos, essa proporção gira entre 10% e 20%.

Nesse sentido, o estado do Rio Grande do Sul<sup>¶</sup> disponibilizou dados gerais dos casos de Tuberculose, entre os anos de 2012 à 2017 (PECT/RS. Secretaria de Estado da Saúde do RS, 2018).

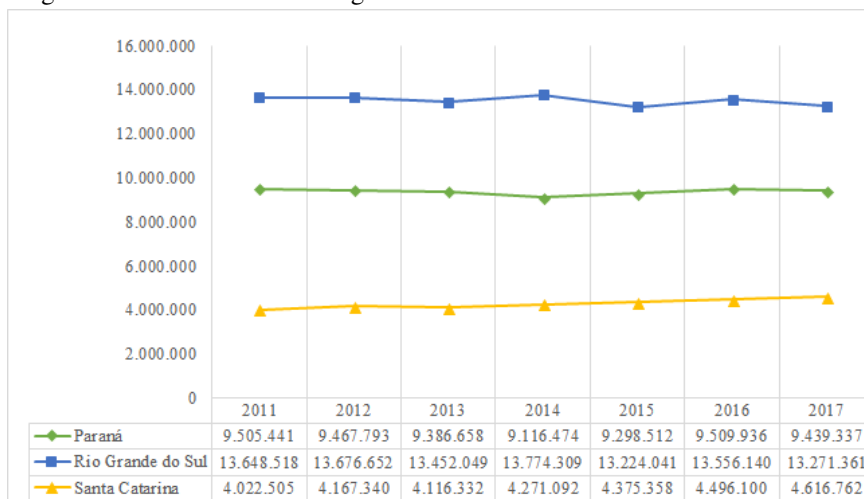
O estado do Rio Grande do Sul também disponibilizou informações sobre a Tuberculose Bovina, em bovinos, nos anos de 2011, 2015 e 2016, para além disso, segundo os indicadores da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária<sup>||</sup>, o rebanho bovino do Rio Grande do Sul se

<sup>¶</sup>A expressão Rio Grande do Sul será representado pela sigla RS neste documento.

<sup>||</sup>No presente trabalho a expressão “Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária” será representada por sua sigla EMBRAPA.

manteve relativamente estável com pequenas variações de um ano para o outro, como nota-se na Figura 4. Sendo que a produção se dá principalmente para corte, representando, no ano de 2016, quase 8 dos 13 milhões de cabeças do estado (EMBRAPA, 2018).

Figura 4 – Efetivo bovino na região Sul do Brasil entre os anos de 2011 e 2017.



Fonte: EMBRAPA, 2018.

Dessa forma, como a população é bem próxima de uma população constante e o RS disponibiliza as informações necessárias para a construção de um modelo para a Tuberculose Bovina, na Subseção 8.2 tem-se a simulação numérica da aplicação do modelo de EDO para dados do RS, adaptando o modelo de Abakar et al. (2017).

## 4 EQUAÇÕES DIFERENCIAIS ORDINÁRIAS

Nesta seção apresenta-se os conceitos fundamentais de Equações Diferenciais Ordinárias (EDOs), que possibilitam a análise qualitativa do modelo compartimental proposto. Tais definições e resultados foram extraídos principalmente de Khalil (1996), Souza (2005), Coimbra (1998), Lima (2014), Barreira e Valls (2012), Brauer e Nohel (1989).

### 4.1 Conceitos fundamentais

Primeiramente define-se uma Equação Diferencial Ordinária, bem como sua solução.

**Definição 4.1** (*Equação diferencial ordinária - EDO*) Seja  $D \subseteq \mathbb{R}^{n+1}$  um conjunto aberto e seja  $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$  uma aplicação contínua em  $D$ . Uma equação da forma:

$$x'(t) = f(t, x(t)),$$

é chamada de Equação Diferencial Ordinária (EDO).

Uma função vetorial  $x : I \rightarrow \mathbb{R}^n$ , definida em algum intervalo  $I \subset \mathbb{R}$  tal que  $(t, x(t)) \in D$ , para todo  $t \in I$  e que satisfaz

$$x'(t) = f(t, x(t)),$$

em  $I$ , é chamada de solução de  $x'(t) = f(t, x(t))$  em  $I$ .

Quando  $n = 1$ , tem-se que a equação diferencial  $x'(t) = f(t, x(t))$  é escalar. Agora quando  $n > 1$  tem-se que  $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$ , e  $x'(t) = f(t, x(t))$  torna-se um sistema de equações diferenciais escalares, pois se  $x(t) = (x_1(t), \dots, x_n(t))$ , então:

$$f(t, x(t)) = (f_1(t, x_1(t), \dots, x_n(t)), \dots, f_n(t, x_1(t), \dots, x_n(t))).$$

Deste modo, tem-se,

$$\begin{aligned} x'_1(t) &= f_1(t, x_1(t), \dots, x_n(t)), \\ &\vdots \\ x'_n(t) &= f_n(t, x_1(t), \dots, x_n(t)). \end{aligned} \tag{4.1}$$

O modelo proposto para a Tuberculose Bovina trata-se de um modelo de EDO em que cada uma das equações é a taxa de crescimento de determinada subpopulação envolvida no problema a ser modelado.

Agora define-se Problema de Valor inicial (PVI), ou seja, tem-se uma condição inicial para a solução de uma EDO.

**Definição 4.2** Dado  $(t_0, x_0) \in D$ , uma aplicação  $x : I \rightarrow \mathbb{R}^n$  definida em algum intervalo  $I \subset \mathbb{R}$  que contém  $t_0$  tal que

$$\begin{cases} x'(t) = f(t, x(t)) \\ x(t_0) = x_0 \end{cases}, \quad (4.2)$$

é chamada de solução do Problema de Valor Inicial (PVI), sendo  $(t_0, x_0)$  o dado inicial.

Agora define-se Função Lipschitziana, que será utilizada pra mostrar a unicidade da solução de um (PVI) no Teorema (4.6).

**Definição 4.3** Uma aplicação  $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$  definida num aberto  $D \subset \mathbb{R}^{n+1}$  é localmente Lipschitziana em relação a segunda variável, se para cada vizinhança  $U \subset D$  existe  $L > 0$  tal que

$$\|f(t, x) - f(t, y)\| \leq L\|x - y\|, \quad (4.3)$$

para quaisquer  $(t, x), (t, y) \in U$ .

O Teorema 4.4, mais precisamente uma consequência dele, descrita no Corolário 4.5 trata-se de uma forma de mostrar que uma função é Lipschitziana, tais resultados estão presentes em Lima (2014).

**Teorema 4.4** (Desigualdade do valor médio) Dado um aberto  $U \subset \mathbb{R}^m$ , seja  $f : U \rightarrow \mathbb{R}^n$  diferenciável em cada ponto do segmento de reta aberto  $(a, a + v)$  e tal que sua restrição ao segmento fechado  $[a, a + v] \subset U$  seja contínua. Se  $\|f'(x)\| \leq M$  para todo  $x \in (a, a + v)$  então  $\|f(a + v) - f(a)\| \leq M \cdot \|v\|$ .

**Corolário 4.5** Seja  $U \subset \mathbb{R}^m$  aberto e convexo. Se  $f : U \rightarrow \mathbb{R}^n$  é diferenciável, com  $\|f'(x)\| \leq M$  para todo  $x \in U$  então  $f$  é uniformemente Lipschitziana, ou seja,  $\|f(y) - f(x)\| \leq M \cdot \|y - x\|$ .

O Teorema 4.6, presente em Brauer e Nohel (1989), define a existência e a unicidade de soluções e quais são as condições para que isso ocorra.

**Teorema 4.6** (*Existência e unicidade*) *Suponha que a aplicação  $f : D \subset \mathbb{R}^{n+1} \rightarrow \mathbb{R}^n$  seja contínua e localmente Lipschitziana. Então, dado  $(t_0, x_0) \in D$ , existe uma única solução  $y = x(t), y : I \rightarrow \mathbb{R}^n, t_0 \in I$  satisfazendo*

$$\begin{cases} x'(t) = f(t, x(t)) \\ x(t_0) = x_0 \end{cases} \quad (4.4)$$

Com isso, pode-se definir também solução máxima e intervalo maximal.

**Definição 4.7** *Uma solução  $x : I \rightarrow \mathbb{R}^n$  de (4.4) chama-se máxima, se para toda solução  $y : I_y \rightarrow \mathbb{R}^n$  tal que  $I \subset I_y$  e  $x(t) = y(t)$  para  $t \in I$ , tem-se  $I = I_y$ . Consequentemente,  $x = y$ . Neste caso,  $I$  chama-se intervalo maximal.*

Satisfazendo as hipóteses do Teorema de Existência e Unicidade 4.6, tem-se que a solução maximal é única, os resultados enunciados na Proposição 4.8 e na Proposição 4.9 estão presentes em Brauer e Nohel (1989).

**Proposição 4.8** *Seja  $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$  contínua e localmente Lipschitziana em relação a segunda variável. Então, dado  $(t_0, x_0) \in D$ , existe uma única solução maximal  $x = \phi(t, t_0, x_0)$  satisfazendo (4.4).*

**Proposição 4.9** *Suponha que  $f : D \subset \mathbb{R}^{n+1} \rightarrow \mathbb{R}^n$  seja contínua e Lipschitziana. Dado  $(t_0, x_0) \in D$ , então existe uma única solução do sistema  $x' = f(t, x)$  passando por  $(t_0, x_0)$  que pode ser prolongada até o gráfico encontrar a fronteira de  $D$ .*

Se  $x(t)$ ,  $A(t)$  e  $F(t)$  denotam, respectivamente, as matrizes:

$$x(t) = \begin{pmatrix} x_1(t) \\ x_2(t) \\ \vdots \\ x_n(t) \end{pmatrix}, \quad A(t) = \begin{pmatrix} a_{11}(t) & a_{12}(t) & \cdots & a_{1n}(t) \\ a_{21}(t) & a_{22}(t) & \cdots & a_{2n}(t) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1}(t) & a_{n2}(t) & \cdots & a_{nn}(t) \end{pmatrix}, \quad F(t) = \begin{pmatrix} f_1(t) \\ f_2(t) \\ \vdots \\ f_n(t) \end{pmatrix}, \quad (4.5)$$

então o sistema de equações diferenciais lineares de primeira ordem:

$$\begin{aligned}
\frac{dx_1(t)}{dt} &= a_{11}(t)x_1(t) + a_{12}(t)x_2(t) + \dots + a_{1n}(t)x_n(t) + f_1(t), \\
\frac{dx_2(t)}{dt} &= a_{21}(t)x_1(t) + a_{22}(t)x_2(t) + \dots + a_{2n}(t)x_n(t) + f_2(t), \\
&\vdots \\
\frac{dx_n(t)}{dt} &= a_{n1}(t)x_1(t) + a_{n2}(t)x_2(t) + \dots + a_{nn}(t)x_n(t) + f_n(t),
\end{aligned} \tag{4.6}$$

pode ser escrito na forma matricial

$$\frac{dx(t)}{dt} = A(t)x(t) + F(t). \tag{4.7}$$

Quando  $F(t) = 0$  para todo  $t \in I$ , o sistema

$$\frac{dx(t)}{dt} = A(t)x(t), \tag{4.8}$$

é homogêneo. As equações (4.7) e (4.8) também se escrevem como  $x'(t) = A(t)x + F(t)$  e  $x'(t) = A(t)x$ , respectivamente.

**Proposição 4.10** *Sejam  $A(t)$ ,  $b(t)$  matrizes  $n \times n$ ,  $n \times 1$ , respectivamente, de funções contínuas num intervalo  $I$ . Para todo  $(t_0, x_0) \in Iv \times \mathbb{R}^n$  existe uma única solução de*

$$\begin{cases} x'(t) = A(t)x + b(t) \\ x(t_0) = x_0 \end{cases}, \tag{4.9}$$

*definidos em  $I$ .*

## 4.2 Estabilidade

Os resultados a seguir explicam o comportamento geométrico das soluções de um sistema de equações diferenciais ordinárias não lineares autônomo, isto é, quando a função  $f$  equação (4.10) depende apenas de  $x$ .

$$x'(t) = f(x(t)). \tag{4.10}$$

A dinâmica local das soluções do sistema (4.10) é determinada pelos seus pontos de equilíbrio  $x_e$  e pela Linearização da função  $f$  em torno dos pontos de equilíbrio.

Com efeito tem-se que o problema não linear se comporta de forma semelhante a um sistema linear da forma

$$x'(t) = Ax(t), \quad (4.11)$$

em uma vizinhança do ponto de equilíbrio. Dessa forma, define-se trajetória passando por um ponto.

**Definição 4.11** *Uma solução maximal do sistema  $x' = f(x(t))$  de forma que  $x(0) = x_0$  é dita uma trajetória de  $f$  passando por  $x_0$ .*

**Definição 4.12** *Um ponto  $x_e \in \mathbb{R}^n$  é chamado ponto de equilíbrio ou ponto crítico de  $x' = f(x(t))$  se  $f(x_e) = 0$ . Um ponto de equilíbrio  $x_e$  é dito ponto de equilíbrio Hiperbólico de  $x' = f(x(t))$  se nenhum dos autovalores da matriz jacobiana  $Df(x_e)$  tem parte real igual a zero.*

**Definição 4.13** *Seja  $f : D \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ . Para cada par  $(t, x)$  tal que  $t \in I(x)$  (intervalo maximal da solução de (4.10) passando por  $x \in \mathbb{R}^n$ ), definimos  $\varphi(t, x) = \varphi_t(x) = x(t)$ , em que  $x : I(x) \rightarrow D$  é a trajetória de (4.10) passando por  $x$ . Desta forma, podemos definir uma aplicação  $\varphi : I(x) \times D \rightarrow \mathbb{R}^n$ , denominada fluxo. A derivada parcial temporal do fluxo satisfaz a equação  $\frac{\partial \varphi(t, x)}{\partial t} = x'(t) = f(x(t)) = f(\varphi(t, x))$ , para cada  $(t, x) \in I(x) \times D$ . Desse modo, a função fluxo  $\varphi(t, x)$  de um campo nos dá uma informação global do comportamento de todas as trajetórias do campo.*

A seguir tem-se a noção de estabilidade de uma solução, as definições são dadas em Coimbra (1998). Essencialmente, uma solução do Problema de Valor Inicial (PVI),

$$\begin{cases} x' &= f(t, x) \\ x(t_0) &= x_e \end{cases}, \quad (4.12)$$

onde  $x(t) = x_e$  é uma solução de equilíbrio. A solução de equilíbrio é estável se todas as soluções que partem suficientemente próximas de  $x_e$  se mantêm próximas dessa solução.

Para isso é necessário definir função de classe  $C^1$ , presente em Lima (2014).



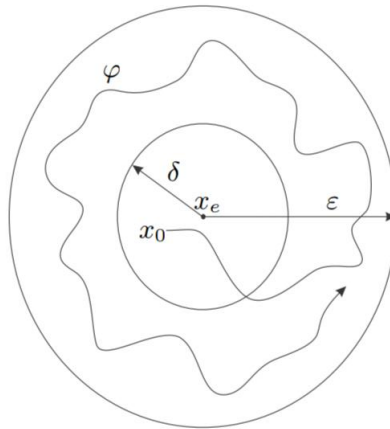
**Definição 4.14** *Seja  $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$ , sendo  $D \subset \mathbb{R}^n$  uma função que possui derivadas parciais contínuas em todos os pontos de seu domínio  $D$ , diz-se então que  $f$  é uma função de classe  $C^1$  e representaremos esse conjunto por  $C^1(D)$ .*

Considere o sistema dinâmico autônomo  $x' = f(x)$  onde  $x \in \mathbb{R}^n$  e  $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  é uma função de classe  $C^1$ . Denota-se por  $\varphi(t, x_0)$  a solução de tal sistema autônomo com condição inicial em  $x_0$ , ou seja,  $\varphi(0, x_0) = x_0$ .

**Definição 4.15** *(ponto de equilíbrio estável) Um ponto de equilíbrio  $x_e$  é um ponto de equilíbrio estável, no sentido de Lyapunov, se dado  $\varepsilon > 0$  existir  $\delta > 0$  tal que  $\|x_0 - x_e\| < \delta$  então  $\|\varphi(t, x_0) - x_e\| \leq \varepsilon$  para todo  $t \geq 0$ .*

Assim, um ponto de equilíbrio é considerado estável se para todo tempo  $t$ , as soluções que começam suficientemente perto de tal ponto de equilíbrio se mantêm nas vizinhanças do mesmo, o que pode ser ilustrado pela Figura 5.

Figura 5 – Interpretação geométrica do conceito de estabilidade.



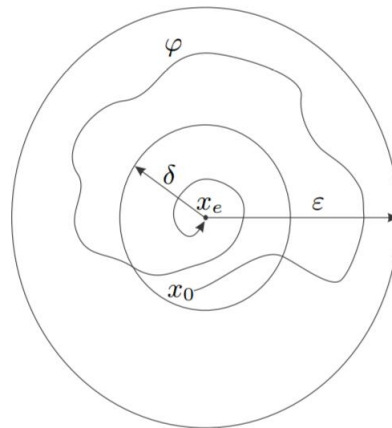
Fonte: Coimbra (1998).

**Definição 4.16** *(ponto de equilíbrio instável) Um ponto de equilíbrio é instável, se ele não é estável.*

**Definição 4.17** *(ponto de equilíbrio localmente estável) Um ponto de equilíbrio  $x_e$  é localmente assintoticamente estável se for estável e  $\varphi(t, x_0) \rightarrow x_e$  quando  $t \rightarrow \infty$  sempre que  $\|\varphi(t, x_0) - x_e\| \leq \delta$ .*

A Figura 6 ilustra o conceito de estabilidade assintótica, nesse caso tem-se que as soluções tendem ao ponto de equilíbrio  $x_e$  quando  $t \rightarrow \infty$ .

Figura 6 – Interpretação geométrica do conceito de estabilidade assintótica.



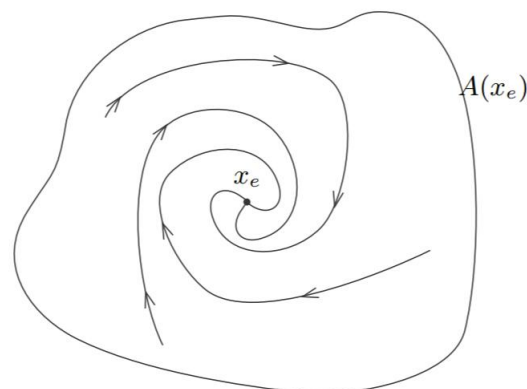
Fonte: Coimbra (1998).

Agora, define-se a bacia de atração  $A(x_e)$ , sendo que a interpretação geométrica da Definição 4.18 está presente na Figura 7.

**Definição 4.18** A bacia de atração ou área de atração  $A(x_e)$  de um ponto de equilíbrio assintoticamente estável  $x_e$  é o conjunto de todas as condições iniciais cujas órbitas tendem para  $x_e$  quando  $t \rightarrow \infty$ . Ou seja:

$$A(x_e) := \{x_0 \in \mathbb{R}^n : \varphi(t, x_0) \rightarrow x_e \text{ quando } t \rightarrow \infty\}. \quad (4.13)$$

Figura 7 – Interpretação geométrica do conceito de bacia de atração.



Fonte: Coimbra (1998).

**Definição 4.19** (ponto de equilíbrio globalmente assintoticamente estável) Um ponto de equilíbrio  $x_e$  é globalmente assintoticamente estável se for estável e se  $A(x_e) = \mathbb{R}^n$ .

Assim, pela Definição 4.19 tem-se que se um ponto de equilíbrio é globalmente assintoticamente estável, todas as órbitas tendem para este ponto, quando  $t$  tende ao infinito.

O próximo teorema mostra que perto de um ponto de equilíbrio hiperbólico  $x_e$ , o sistema não linear (4.10) tem a mesma estrutura qualitativa que o sistema linear associado (4.11), onde  $A = Df(x_e)$ .

**Teorema 4.20** (Hartman-Grobman) *Seja  $E$  um subconjunto aberto de  $\mathbb{R}^n$  contendo a origem, seja  $f \in C^1(E)$  e  $\varphi_t$  o fluxo do sistema não linear (4.10). Suponha  $f(0) = 0$  e que a matriz  $A = Df(0)$  não possua nenhum autovalor com a parte real nula. Então, existe um homeomorfismo  $H$  de um conjunto aberto  $U$  contendo a origem em um conjunto aberto  $V$ , contendo a origem, tal que para cada  $x_e \in U$ , existe um intervalo aberto  $I_0 \in \mathbb{R}$  contendo 0 tal que todo  $t \in I_0$ ,*

$$H \circ \varphi_t(x_e) = e^{At} H(x_e),$$

*ou seja, as trajetórias de (4.10) próximas à origem são levadas em  $x' = Ax$  próximas a origem e o tempo é preservado.*

A demonstração pode ser encontrada em Barreira e Valls (2012). O resultado foi enunciado com o ponto de equilíbrio sendo a origem no  $\mathbb{R}^n$ , entretanto por mudança de coordenadas é possível mostrar que o resultado continua válido para qualquer ponto de equilíbrio fora da origem.

Nas Subseções 4.3 e 4.4 tem-se os conceitos necessários para demonstrar a estabilidade local e global de qualquer ponto de equilíbrio, respectivamente.

### 4.3 Estabilidade local

Os seguintes resultados estabelecem a estabilidade local dos pontos de equilíbrio, sendo baseados em Souza (2005). Primeiramente, define-se polinômio e quando o mesmo é estável, a condição para mostrar a estabilidade local dos pontos de equilíbrio é que o polinômio característico gerado pela matriz jacobiana referente ao sistema de EDOs aplicado a cada um dos pontos de equilíbrio seja estável.

**Definição 4.21** *Seja  $F(z) = a_0 z^n + a_1 z^{n-1} + \dots + a_n$ ,  $a_i \in \mathbb{R}$ , um polinômio. Diz-se que  $F$  é estável se todas suas raízes têm parte real negativa. Observa-se que se  $F$  é estável, então zero não é raiz de  $F$  e logo  $a_n \neq 0$ .*

Em seguida tem-se uma das condições para que um polinômio seja estável.

**Proposição 4.22** *Se o polinômio  $F(z) = a_0z^n + a_1z^{n-1} + \dots + a_n$ ,  $a_i \in \mathbb{R}$ ,  $i = 0, 1, \dots, n$ , é estável, então todos os  $a_i$ , com  $0 < i \leq n$  tem o mesmo sinal.*

O resultado a seguir será utilizado para mostrar a estabilidade local do ponto de equilíbrio livre da doença e também do endêmico.

**Teorema 4.23** *(Critério de Hurwitz) Sejam  $a_i \in \mathbb{R}$ ,  $i = 0, 1, \dots, n$ ,  $a_0 > 0$  e o polinômio  $F(z) = a_0z^n + a_1z^{n-1} + \dots + a_n$ . Então,  $F(z)$  é estável se, e somente se,  $\Delta_k > 0$  para  $k = 1, 2, \dots, n$ , em que:*

$$\begin{aligned} \Delta_1 &= |a_1|, \\ \Delta_2 &= \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix}, \\ \Delta_3 &= \begin{vmatrix} a_1 & a_0 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ a_5 & a_4 & a_3 \end{vmatrix}, \\ &\vdots \\ \Delta_n &= \begin{vmatrix} a_1 & a_0 & 0 & \dots & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ a_{2n-1} & a_{2n-2} & a_{2n-3} & \dots & a_k \end{vmatrix}. \end{aligned}$$

Portanto, um polinômio que satisfaz o Teorema 4.23 é estável e segundo a Definição 4.21, todas suas raízes tem parte real negativa.

No Teorema 4.24 tem-se quando um ponto de equilíbrio  $x_e = 0$  é assintoticamente estável.

**Teorema 4.24** *Seja  $A$  uma matriz quadrada, com coeficientes constantes. Então a solução da equação  $x'(t) = Ax(t)$  é*

- (i) *assintoticamente estável, se e só se,  $A$  tem apenas valores próprios com parte real negativa;*
- (ii) *instável, se e só se,  $A$  tem pelo menos um valor próprio com parte real positiva.*

O Teorema 4.24 pode ser generalizado para um ponto de equilíbrio  $x_e$  qualquer.

**Teorema 4.25** *Seja  $x_e$  um ponto de equilíbrio do sistema  $x' = f(x)$ , onde  $f$  é uma função de classe  $C^1$ . Então:*

- (i) *Se todos os autovalores da matriz jacobiana  $Df(x_e)$  tem parte real negativa, então o ponto de equilíbrio  $x_e$  da equação diferencial  $x' = f(x)$  é assintoticamente estável;*
- (ii) *Se pelo menos um dos autovalores da matriz jacobiana  $Df(x_e)$  tem parte real positiva, então o ponto de equilíbrio  $x_e$  da equação diferencial  $x' = f(x)$  é instável.*

Portanto, usando o Teorema 4.23, sabe-se que se o polinômio característico dado pela matriz jacobiana aplicada no ponto de equilíbrio é estável, então com o uso do Teorema 4.25, tem-se que o ponto de equilíbrio é assintoticamente estável.

#### 4.4 Estabilidade global

A seguir serão apresentadas as condições para mostrar a estabilidade global do ponto de equilíbrio livre da doença. Seja a EDO:

$$x'(t) = f(x(t)). \quad (4.14)$$

A seguir, define-se Função de Lyapunov, para mostrar a estabilidade global de determinado ponto de equilíbrio, tendo como fonte Brauer e Nohel (1989).

**Definição 4.26** *(Função de Lyapunov) Dado  $x_0 \in D$  com  $f(x_0) = 0$ , diz-se que uma função diferenciável  $V : D \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$  é uma função de Lyapunov para  $x_0$  se existe um aberto  $U \subset D$  contendo  $x_0$  tal que:*

1.  $V(x_0) = 0$  e  $V(x) > 0$ , para  $x \in U \setminus \{x_0\}$ ;
2.  $V'(x) \leq 0$ , para  $x \in U$ .

*Uma função de Lyapunov diz-se uma função de Lyapunov estrita, podendo substituir a segunda condição por  $V'(x) < 0$  para  $x \in U \setminus \{x_0\}$ .*

O teorema a seguir apresenta as condições para que o ponto de equilíbrio seja estável ou assintoticamente estável.

**Teorema 4.27** *Seja  $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$  uma função localmente Lipschitziana num conjunto aberto  $D \subset \mathbb{R}^n$  e seja  $x_0 \in D$  tal que  $f(x_0) = 0$ .*

*a) Se existe uma função de Lyapunov para  $x_0$ , então  $x_0$  é estável;*

*b) Se existe uma função de Lyapunov estrita para  $x_0$ , então  $x_0$  é assintoticamente estável.*

A definição a seguir é uma das condições para o Teorema 4.29.

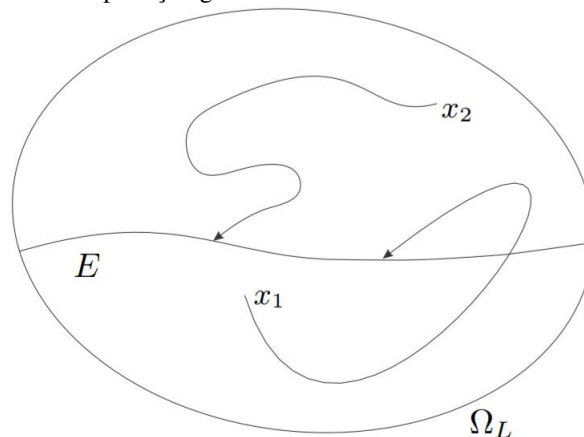
**Definição 4.28** *Um conjunto  $E \subseteq \mathbb{R}^n$  diz-se positivamente invariante em relação a (4.14), se para qualquer  $x \in E$ ,  $\varphi(t, x) \in E$ , para  $t \geq 0$ .*

Por fim, tem-se o Teorema 4.29, conhecido como Princípio de Invariância de La Salle, que tendo como hipóteses o Teorema 4.27 e a Definição 4.28 mostra-se a estabilidade global assintótica do ponto de equilíbrio  $x_e$ .

**Teorema 4.29** (*Princípio de Invariância de La Salle*). *Seja  $\Omega \subset D$  um conjunto compacto e positivamente invariante com respeito a  $x' = f(x)$ . Seja  $V : \Omega_L \rightarrow \mathbb{R}$  uma função continuamente diferenciável tal que  $V'(x) \leq 0$  em  $\Omega_L$  e  $E = \{x \in \Omega_L : V'(x) = 0\}$ . Se  $M$  é o maior conjunto invariante em  $E$ , então toda solução que começa em  $\Omega_L$  tende a  $M$  quando  $t \rightarrow \infty$ .*

A Figura 8 ilustra geometricamente o Teorema 4.29 para sistemas autônomos, note que para as condições iniciais  $x_1$  e  $x_2$ , as soluções não saem de  $\Omega_L$  e além disso, tendem para o maior conjunto invariante contido em  $E$ .

Figura 8 – Interpretação geométrica do conceito de bacia de atração.



Fonte: Coimbra (1998).

## 5 MODELO COMPARTIMENTAL

Em estudos relacionados à epidemiologia da doença Tuberculose Bovina e à dinâmica da transmissão da mesma, se faz necessário o uso de modelos matemáticos, possibilitando estimar o custo da doença e seu controle, buscando até mesmo a erradicação, quando essa alternativa for viável. Alguns estudos apresentam modelos para a dinâmica da Tuberculose Bovina em búfalos, bovinos e em seres humanos.

Abakar et al. (2017), apresentam um modelo matemático de Equações Diferenciais Ordinárias (EDO) para a transmissão de Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos, possibilitando estimar o custo da doença e simular intervenções na população bovina em Marrocos. Os dados foram extraídos do Ministério da Agricultura de Marrocos, entre os anos de 1995 e 2013. Nesse sentido, o intuito é adaptar tal modelo e realizar a análise qualitativa da dinâmica da Tuberculose Bovina.

O modelo proposto neste trabalho considera a população total de bovinos  $N_B$  dividida em três compartimentos mutuamente exclusivos, os quais variam no tempo  $t$ , e quando somados formam a população total de bovinos. Os compartimentos são:

- $\bar{S}_B$  : bovinos suscetíveis.
- $\bar{L}_B$  : bovinos em período de latência, os quais apresentam resultado positivo nos testes realizados para a detecção da Tuberculose Bovina, mas ainda não apresentam sintomas e não a transmitem.
- $\bar{I}_B$  : bovinos infectados pela Tuberculose Bovina.

Sendo assim, a população de gado  $N_B$  é dada por:

$$N_B(t) = \bar{S}_B(t) + \bar{L}_B(t) + \bar{I}_B(t). \quad (5.1)$$

A taxa de variação da subpopulação de bovinos suscetíveis, dada por  $\bar{S}'_B(t)$  é composta por uma taxa de natalidade,  $b_B$ , de bovinos suscetíveis,  $\bar{S}_B$ , acrescida da mesma taxa de natalidade, porém agora referente à subpopulação em período de latência e infectados,  $\bar{L}_B$  e  $\bar{I}_B$ , respectivamente, sendo que nesse caso deve-se considerar uma taxa  $(1 - q)$ , sendo  $q$  a perda da fecundidade que ocorre nessas duas subpopulações. Ainda, subtrai-se uma taxa de transmissão

entre bovinos,  $\beta_B$  da razão  $\frac{\bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B}$ , pois tais animais migram da subpopulação de suscetíveis para a de infectados, e também subtrai-se uma taxa de mortalidade  $\mu_B$  referente a subpopulação de suscetíveis,  $\bar{S}_B$ . Dessa forma, pode-se denotar a taxa de variação na subpopulação de bovinos suscetíveis como:

$$\bar{S}'_B(t) = b_B \bar{S}_B + b_B(1 - q)(\bar{L}_B + \bar{I}_B) - \beta_B \frac{\bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B} - \mu_B \bar{S}_B. \quad (5.2)$$

A variação da subpopulação de bovinos em estado de latência  $\bar{L}'_B$  é composta por da taxa de transmissão entre bovinos  $\beta_B$ , que multiplica uma proporção da população dada por  $\frac{\bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B}$ , e diminui por meio da taxa relacionada ao período de incubação,  $\alpha_B$ , que multiplica  $\bar{L}_B$ , pois tais animais deixam de estar em período de latência e passam a ser considerados na subpopulação de bovinos infectados, e também diminui a uma taxa de mortalidade,  $\mu_B$ , que multiplica  $\bar{L}_B$ . E assim a taxa de variação da subpopulação de bovinos latentes é dada por:

$$\bar{L}'_B(t) = \beta_B \frac{\bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B} - \alpha_B \bar{L}_B - \mu_B \bar{L}_B. \quad (5.3)$$

Por fim, na população de bovinos, a taxa de variação dos infectados é composta por uma taxa referente ao período de incubação, ou seja, que considera os animais que estão deixando o período de latência e já apresentam resultados positivos em testes que detectam a Tuberculose Bovina, tal taxa é representada por  $\alpha_B$ , sendo multiplicada pela subpopulação de bovinos latentes,  $\bar{L}_B$  e diminui pela taxa de mortalidade,  $\mu_B$  dos animais infectados,  $\bar{I}_B$ . Assim, pode-se escrever:

$$\bar{I}'_B(t) = \alpha_B \bar{L}_B - \mu_B \bar{I}_B. \quad (5.4)$$

Considerando a população de bovinos,  $N_B$ , vale ressaltar que não considera-se que o animal torna-se recuperado da infecção, tendo em vista que as formas de controle mencionadas envolvem o abate de animais infectados, segundo Cosivi et al. (1998), as vacinas que foram desenvolvidas alteram a eficácia de acordo com a região de aplicação, podendo comprometer os resultados dos testes, além de que, segundo a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), no Brasil ainda não existem vacinas licenciadas para uso veterinário e nem se recomenda o tratamento (RUSSI et al., 2016).

Para a população total de humanos  $N_H$ , divide-se em quatro compartimentos mutua-



mente exclusivos, que também variam no tempo  $t$ , e quando somados formam a população total de humanos  $N_H$ .

Os quatro compartimentos estão listados a seguir:

- $\bar{S}_H$  : humanos suscetíveis.
- $\bar{L}_H$  : humanos com Tuberculose Bovina em período de latência.
- $\bar{I}_H$  : humanos infectados com Tuberculose Bovina ativa.
- $\bar{R}_H$  : humanos recuperados de Tuberculose Bovina, após o tratamento existe um período de imunidade temporária, depois de tal período de tempo, os humanos que fizeram tratamento voltam a ser suscetíveis à Tuberculose Bovina.

Da mesma forma, a população de seres humanos  $N_H$  é dada por:

$$N_H(t) = \bar{S}_H(t) + \bar{L}_H(t) + \bar{I}_H(t) + \bar{R}_H(t). \quad (5.5)$$

A taxa de variação da subpopulação de humanos suscetíveis, dada por  $\bar{S}'_H(t)$  é composta por uma taxa de natalidade  $b_H$  de humanos suscetíveis  $\bar{S}_H$  e subtrai-se uma taxa de transmissão de bovinos para humanos  $\beta_H$ , de uma proporção da população  $\frac{\bar{I}_B}{N_B}$ , e também subtrai-se uma taxa de mortalidade  $\mu_H$ , referente a subpopulação de suscetíveis  $\bar{S}_H$ . Por fim, deve-se considerar uma taxa de perda da imunidade em humanos  $\gamma_H$  da subpopulação de humanos recuperados  $\bar{R}_H$ . Dessa forma, pode-se denotar a taxa de variação na subpopulação de humanos suscetíveis da seguinte forma:

$$\bar{S}'_H(t) = b_H N_H - \beta_H \bar{S}_H \frac{\bar{I}_B}{N_B} - \mu_H \bar{S}_H + \gamma_H \bar{R}_H. \quad (5.6)$$

A taxa de variação da subpopulação de humanos em período de latência,  $\bar{L}'_H$ , é composta por uma taxa de transmissão de bovinos para humanos  $\beta_H$ , que multiplica a subpopulação de suscetíveis  $\bar{S}_H$ , e subtrai-se uma taxa referente ao período de incubação nos humanos  $\alpha_H$ , multiplicada pela subpopulação de humanos latentes  $\bar{L}_H$ , bem como uma taxa de mortalidade  $\mu_H$ , referente a subpopulação de humanos latentes  $\bar{L}_H$ . Assim, pode-se escrever a taxa de variação na subpopulação de humanos em período de latência pela seguinte expressão:

$$\bar{L}'_H(t) = \beta_H \bar{S}_H \frac{\bar{I}_B}{N_B} - \alpha_H \bar{L}_H - \mu_H \bar{L}_H. \quad (5.7)$$

Na subpopulação de humanos infectados, a taxa de variação,  $\bar{I}'_H$ , é obtida de uma taxa referente ao período de incubação  $\alpha_H$ , sendo multiplicada pela subpopulação de humanos latentes  $\bar{L}_H$ , e subtrai-se uma taxa referente a taxa de sucesso do tratamento contra a Tuberculose Bovina em seres humanos  $\delta_H$ , referente a subpopulação de humanos infectados  $\bar{I}_H$ , bem como uma taxa de mortalidade  $\mu_H$ , dos humanos infectados  $\bar{I}_H$ . Assim, pode-se escrever:

$$\bar{I}'_H(t) = \alpha_H \bar{L}_H - \delta_H \bar{I}_H - \mu_H \bar{I}_H. \quad (5.8)$$

E, por fim, a taxa de variação da subpopulação de humanos recuperados  $\bar{R}'_H$ , é composta por uma taxa de sucesso no tratamento  $\delta_H$ , de humanos infectados  $\bar{I}_H$ , subtraindo-se uma taxa referente a perda de imunidade  $\gamma_H$ , dos animais recuperados  $\bar{R}_H$ , e também uma taxa de mortalidade  $\mu_H$ , dos humanos recuperados  $\bar{R}_H$ . Assim, pode-se expressar a taxa de variação na subpopulação de humanos recuperados da seguinte forma:

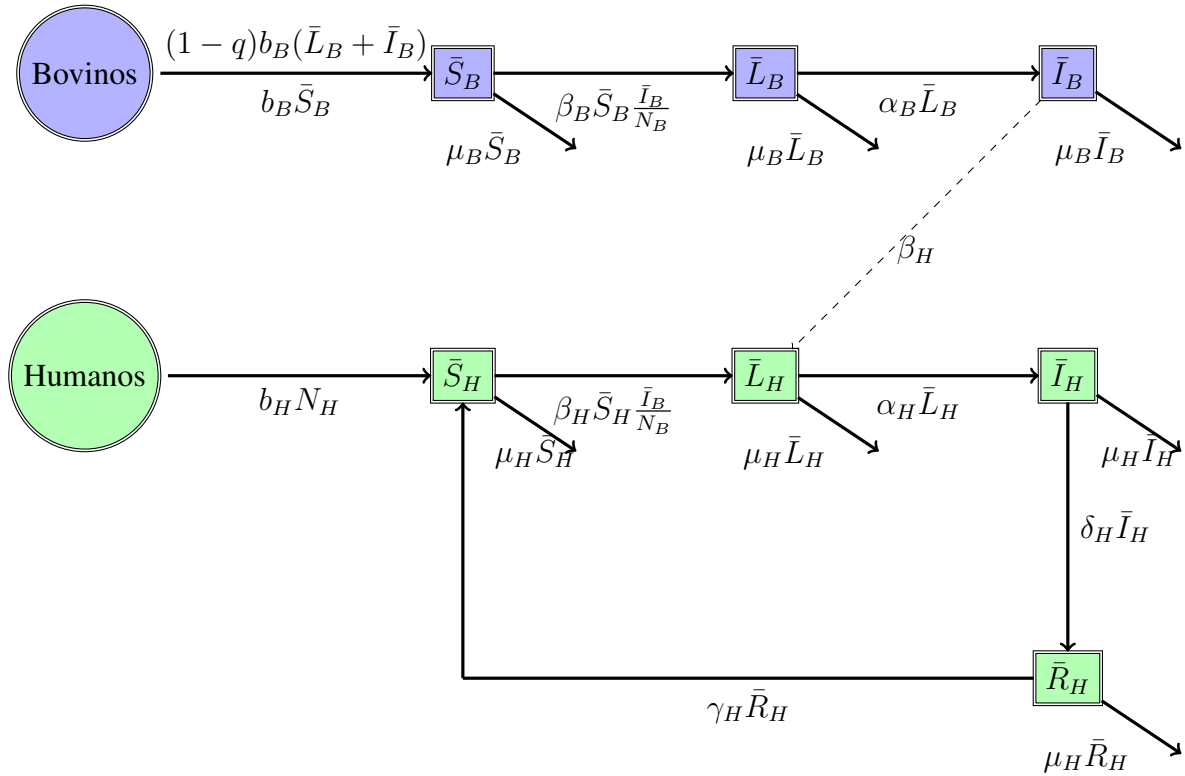
$$\bar{R}'_H(t) = \delta_H \bar{I}_H - \gamma_H \bar{R}_H - \mu_H \bar{R}_H. \quad (5.9)$$

Definindo os parâmetros da seguinte forma:

- $b_B$ : taxa de natalidade bovina.
- $\beta_B$ : taxa de transmissão entre bovinos.
- $\alpha_B$ : período de incubação.
- $\mu_B$ : taxa de mortalidade de bovinos.
- $q$ : perda da fecundidade em bovinos infectados por Tuberculose Bovina.
- $b_H$ : taxa de natalidade humana.
- $\beta_H$ : taxa de transmissão de bovinos para humanos.
- $\alpha_H$ : período de incubação nos humanos.
- $\mu_H$ : taxa de mortalidade de humanos.
- $\delta_H$ : taxa de sucesso do tratamento de seres humanos.
- $\gamma_H$ : perda de imunidade em humanos.

Com o uso de tais parâmetros, tem-se o diagrama apresentado na Figura 9 que ilustra a dinâmica da Tuberculose Bovina envolvendo as populações de bovinos e humanos:

Figura 9 – Diagrama da dinâmica de transmissão da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos.



Fonte: elaborado pela autora.

De acordo com as variáveis e parâmetros descritos e com a Figura 9, obtém-se o seguinte sistema de equações diferenciais para a Tuberculose Bovina:

$$\left\{ \begin{array}{l} \bar{S}'_B(t) = b_B\bar{S}_B + b_B(1-q)(\bar{L}_B + \bar{I}_B) - \beta_B\bar{S}_B\frac{\bar{I}_B}{N_B} - \mu_B\bar{S}_B \\ \bar{L}'_B(t) = \beta_B\bar{S}_B\frac{\bar{I}_B}{N_B} - \alpha_B\bar{L}_B - \mu_B\bar{L}_B \\ \bar{I}'_B(t) = \alpha_B\bar{L}_B - \mu_B\bar{I}_B \\ \bar{S}'_H(t) = b_H N_H + \gamma_H\bar{R}_H - \beta_H\bar{S}_H\frac{\bar{I}_B}{N_B} - \mu_H\bar{S}_H \\ \bar{L}'_H(t) = \beta_H\bar{S}_H\frac{\bar{I}_B}{N_B} - \alpha_H\bar{L}_H - \mu_H\bar{L}_H \\ \bar{I}'_H(t) = \alpha_H\bar{L}_H - \delta_H\bar{I}_H - \mu_H\bar{I}_H \\ \bar{R}'_H(t) = \delta_H\bar{I}_H - \gamma_H\bar{R}_H - \mu_H\bar{R}_H \end{array} \right. \quad (5.10)$$

Vale ressaltar que  $\bar{S}_B, \bar{L}_B, \bar{I}_B, \bar{S}_H, \bar{L}_H, \bar{I}_H$  e  $\bar{R}_H$  são funções em relação ao tempo,  $t$ .

A transmissão vertical, ou seja, de forma congênita, foi desconsiderada na população de bovinos, pois a mesma é rara e em estudos, tais como em Russi et al. (2016) e Skuce, Allen e McDowell (2011), relata-se que ocorre em apenas 1% dos casos.

Já na população humana, desconsidera-se a transmissão humano-humano, inclusive a transmissão vertical, conforme relatado em Cosivi et al. (1998).

Segundo Abakar et al. (2017), a constante  $q$  trata-se da perda da fecundidade do bovino que está infectado pela doença Tuberculose Bovina, sendo que os autores consideram tal taxa igual a 5%.

Existem modelos descritos em outros trabalhos, como em Phepa, Chirove e Govinder (2016), que tratam da transmissão e evolução da Tuberculose Bovina em populações de búfalos e bovinos. Agosto et al. (2011) trata de um modelo com teste e abate para a dinâmica da transmissão da Tuberculose Bovina apenas em gado bovino, por meio de um sistema de equações diferenciais que permite a importação de gado infectado de fontes externas, tais como outros rebanhos, durante uma rearmazenagem. Skuce, Allen e McDowell (2011) trata da transmissão bovino-bovino e fatores de risco. E, por fim, o trabalho de Hassan et al. (2014), descreve a Tuberculose e a Tuberculose Bovina nas populações de humanos e búfalos.

## 5.1 Proposta de modelo

O modelo proposto baseia-se no modelo (5.10), presente em Abakar et al. (2017), supondo as populações  $N_B$  e  $N_H$  constantes, para isso, a taxa de natalidade  $b_B$  é igual a taxa de mortalidade  $\mu_B$  tanto para bovinos, quanto para humanos,  $b_H$  é igual a  $\mu_H$ . Não será considerada a queda de fecundidade em bovinos infectados, ou seja, a taxa  $q$  é nula.

Portanto, temos:

$$b_B = \mu_B, \quad (5.11)$$

$$b_H = \mu_H, \quad (5.12)$$

$$q = 0. \quad (5.13)$$

Dessa forma pode-se reescrever o sistema de equações (5.10) da seguinte forma:

$$\left\{ \begin{array}{l} \bar{S}'_B(t) = b_B(\bar{L}_B + \bar{I}_B) - \beta_B \frac{\bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B} \\ \bar{L}'_B(t) = \beta_B \frac{\bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B} - (\alpha_B + b_B) \bar{L}_B \\ \bar{I}'_B(t) = \alpha_B \bar{L}_B - b_B \bar{I}_B \\ \bar{S}'_H(t) = b_H(\bar{L}_H + \bar{I}_H + \bar{R}_H) - \beta_H \bar{S}_H \frac{\bar{I}_B}{N_B} + \gamma_H \bar{R}_H \\ \bar{L}'_H(t) = \beta_H \bar{S}_H \frac{\bar{I}_B}{N_B} - (\alpha_H + b_H) \bar{L}_H \\ \bar{I}'_H(t) = \alpha_H \bar{L}_H - (\delta_H + b_H) \bar{I}_H \\ \bar{R}'_H(t) = \delta_H \bar{I}_H - (\gamma_H + b_H) \bar{R}_H \end{array} \right. \quad (5.14)$$

Como a população bovina  $N_B(t)$  é constante, tem-se que  $N'_B(t)$  é igual a zero. O que implica que:

$$\begin{aligned} N'_B(t) &= 0 \\ \bar{S}'_B(t) + \bar{L}'_B(t) + \bar{I}'_B(t) &= 0 \\ \bar{L}'_B &= -(\bar{S}'_B + \bar{I}'_B). \end{aligned} \quad (5.15)$$

Da mesma forma, a população de humanos  $N_H(t)$ , também é considerada constante,

$$\begin{aligned} N'_H(t) &= 0 \\ \bar{S}'_H(t) + \bar{L}'_H(t) + \bar{I}'_H(t) + \bar{R}'_H(t) &= 0 \\ \bar{L}'_H &= -(\bar{S}'_H + \bar{I}'_H + \bar{R}'_H). \end{aligned} \quad (5.16)$$

Dessa forma o sistema de equações diferenciais (5.14) pode ser reduzido ao seguinte:

$$\left\{ \begin{array}{l} \bar{S}'_B(t) = b_B(N_B - \bar{S}_B) - \beta_B \frac{\bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B} \\ \bar{I}'_B(t) = (N_B - \bar{S}_B) \alpha_B - (\alpha_B + b_B) \bar{I}_B \\ \bar{S}'_H(t) = b_H(N_H - \bar{S}_H) - \beta_H \bar{S}_H \frac{\bar{I}_B}{N_B} + \gamma_H \bar{R}_H \\ \bar{I}'_H(t) = \alpha_H(N_H - \bar{S}_H - \bar{I}_H - \bar{R}_H) - (\delta_H + b_H) \bar{I}_H \\ \bar{R}'_H(t) = \delta_H \bar{I}_H - (\gamma_H + b_H) \bar{R}_H \end{array} \right. \quad (5.17)$$

Assim, dividindo cada uma das subpopulações pelas populações totais, ou seja, realizando a seguinte mudança de variável:

$$\left\{ \begin{array}{l} S'_B(t) = \frac{\bar{S}'_B}{N_B} \\ I'_B(t) = \frac{\bar{I}'_B}{N_B} \\ S'_H(t) = \frac{\bar{S}'_H}{N_H} \\ I'_H(t) = \frac{\bar{I}'_H}{N_H} \\ R'_H(t) = \frac{\bar{R}'_H}{N_H} \end{array} \right. , \quad (5.18)$$

e dividindo as populações de humanos e bovinos por  $N_B$  e  $N_H$ , respectivamente, obtém-se:

$$S_B + L_B + I_B = 1 \quad (5.19)$$

e

$$S_H + L_H + I_H + R_H = 1. \quad (5.20)$$

Dessa forma, obtém-se o seguinte sistema:

$$\left\{ \begin{array}{l} S'_B = b_B(1 - S_B) - \beta_B I_B S_B \\ I'_B = \alpha_B(1 - S_B) - (\alpha_B + b_B) I_B \\ S'_H = b_H(1 - S_H) - \beta_H S_H I_B + \gamma_H R_H \\ I'_H = \alpha_H(1 - S_H - I_H - R_H) - (\delta_H + b_H) I_H \\ R'_H = \delta_H I_H - (\gamma_H + b_H) R_H \end{array} \right. , \quad (5.21)$$

definido na região  $\Lambda = \{(S_B, I_B, S_H, I_H, R_H) : 0 \leq S_B + I_B \leq 1, 0 \leq S_H + I_H + R_H \leq 1\}$ .

**Proposição 5.1** *A região*

$$\Lambda = \{(S_B, I_B, S_H, I_H, R_H) \in \mathbb{R}^5 : 0 \leq S_B + I_B \leq 1, 0 \leq S_H + I_H + R_H \leq 1\} \quad (5.22)$$

*é um conjunto positivamente invariante para o sistema (5.21).*

**Demonstração:**

Deve-se mostrar que se  $(S_B(0), I_B(0), S_H(0), I_H(0), R_H(0)) \in \Lambda$  (5.22), então

$$(S_B(t), I_B(t), S_H(t), I_H(t), R_H(t)) \in \Lambda, \text{ para todo } t \geq 0.$$

Primeiramente, mostra-se que  $0 \leq S_B(t) + I_B(t) \leq 1$ . Para isso, inicia-se mostrando que  $S_B(t) + I_B(t) \leq 1$  e que  $0 \leq S_B(t) + I_B(t)$ .

De fato, pois do sistema (5.21), obtém-se:

$$\begin{aligned} S'_B + I'_B &= b_B(1 - S_B) - \beta_B I_B S_B + \alpha_B(1 - S_B) - (\alpha_B + b_B)I_B \\ &\leq (\alpha_B + b_B)(1 - S_B) - (\alpha_B + b_B)I_B. \end{aligned} \quad (5.23)$$

Fazendo a substituição  $\alpha_B + b_B = \alpha$ , em (5.23), obtém-se:

$$\begin{aligned} S'_B + I'_B &\leq \alpha(1 - S_B) - \alpha I_B \\ &= \alpha - \alpha S_B - \alpha I_B \\ &= \alpha - \alpha(S_B + I_B). \end{aligned} \quad (5.24)$$

Logo,

$$S'_B + I'_B \leq \alpha - \alpha(S_B + I_B). \quad (5.25)$$

Dessa forma, multiplicando ambos os lados de (5.25) pelo fator integrante  $e^{\alpha t}$ , segue que:

$$\begin{aligned} e^{\alpha t}(S'_B + I'_B) &\leq e^{\alpha t}(\alpha - \alpha(S_B + I_B)) \\ e^{\alpha t}(S'_B + I'_B) + e^{\alpha t}\alpha(S_B + I_B) &\leq e^{\alpha t}\alpha \\ \frac{d}{dt}(e^{\alpha t}(S_B + I_B)) &\leq e^{\alpha t}\alpha. \end{aligned} \quad (5.26)$$

Integrando ambos os lados de (5.26), tem-se:

$$\int_0^t \frac{d}{ds} [e^{\alpha s}(S_B + I_B)] ds \leq \int_0^t e^{\alpha s}\alpha ds \quad (5.27)$$

assim,

$$e^{\alpha s}(S_B + I_B)|_0^t \leq e^{\alpha s}|_0^t. \quad (5.28)$$

$$e^{\alpha t}(S_B(t) + I_B(t)) - (S_B(0) + I_B(0)) \leq e^{\alpha t} - 1$$

$$S_B(t) + I_B(t) \leq e^{-\alpha t}(S_B(0) + I_B(0) - 1) + e^{-\alpha t}e^{\alpha t}$$

$$S_B(t) + I_B(t) \leq e^{-\alpha t}(S_B(0) + I_B(0) - 1) + 1. \quad (5.29)$$

Como  $0 \leq e^{-\alpha t} \leq 1$ , para  $t \geq 0$ , segue que  $e^{-\alpha t}(S_B(0) + I_B(0) - 1) \leq 0$ , logo,

$$S_B(t) + I_B(t) \leq 1. \quad (5.30)$$

Agora deve-se mostrar que  $0 \leq S_B(t) + I_B(t)$ . De fato, do sistema (5.21), tem-se:

$$S'_B + I'_B = b_B(1 - S_B) - \beta_B I_B S_B + \alpha_B(1 - S_B) - (\alpha_B + b_B)I_B. \quad (5.31)$$

Note que como  $S_B + L_B + I_B = 1$ , segue que  $I_B \leq 1$  e  $S_B \leq 1$ , logo,

$$\beta_B I_B S_B \leq \beta_B I_B. \quad (5.32)$$

Dessa forma, segue que:

$$S'_B + I'_B = -(\alpha_B + b_B)(S_B + I_B) + (\alpha_B + b_B) - \beta_B I_B S_B$$

$$S'_B + I'_B \geq -(\alpha_B + b_B + \beta_B)(S_B + I_B) + \alpha_B + b_B$$

$$S'_B + I'_B \geq \alpha_B + b_B - (\alpha_B + b_B + \beta_B)(S_B + I_B)$$

ou seja,

$$(S'_B + I'_B) + [(\alpha_B + b_B + \beta_B)(S_B + I_B)] \geq \alpha_B + b_B. \quad (5.33)$$

Multiplicando ambos os lados da desigualdade (5.33) pelo fator integrante  $e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}$ , tem-se:

$$e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(S'_B + I'_B) + e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}[(\alpha_B + b_B + \beta_B)(S_B + I_B)] \geq e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(\alpha_B + b_B) \quad (5.34)$$



por outro lado,

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} [e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(S_B + I_B)] &= \\ (\alpha_B + b_B + \beta_B)e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(S_B + I_B) + e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(S'_B + I'_B), \end{aligned} \quad (5.35)$$

assim, a desigualdade (5.34) pode ser reescrita com o uso da equação (5.35):

$$\frac{d}{dt} [e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(S_B + I_B)] \geq e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(\alpha_B + b_B). \quad (5.36)$$

Integrando ambos os lados da desigualdade (5.36), obtém-se:

$$\begin{aligned} \int_0^t \frac{d}{ds} [e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)s}(S_B + I_B)] ds &\geq \int_0^t e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)s}(\alpha_B + b_B) ds \\ e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)s}(S_B(s) + I_B(s)) \Big|_0^t &\geq \frac{e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)s}(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B + b_B + \beta_B} \Big|_0^t \\ e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(S_B(t) + I_B(t)) - (S_B(0) + I_B(0)) &\geq \frac{\alpha_B + b_B}{\alpha_B + b_B + \beta_B}(e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t} - 1). \end{aligned}$$

Assim, tem-se que:

$$e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}(S_B(t) + I_B(t)) \geq \frac{\alpha_B + b_B}{\alpha_B + b_B + \beta_B}(e^{(\alpha_B + b_B + \beta_B)t} - 1) + (S_B(0) + I_B(0)). \quad (5.37)$$

Agora, multiplicando a desigualdade (5.37) por  $e^{-(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}$ , obtém-se:

$$S_B(t) + I_B(t) \geq \frac{\alpha_B + b_B}{\alpha_B + b_B + \beta_B}(1 - e^{-(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}) + (S_B(0) + I_B(0))e^{-(\alpha_B + b_B + \beta_B)t}.$$

Por outro lado, sabe-se que  $0 \leq e^{-(\alpha_B + b_B + \beta_B)t} \leq 1$ , para  $t > 0$ . Ou seja:

$$S_B(t) + I_B(t) \geq 0. \quad (5.38)$$

de (5.30) e (5.38) segue que

$$0 \leq S_B(t) + I_B(t) \leq 1. \quad (5.39)$$

De maneira análoga obtém-se que

$$0 \leq S_H(t) + I_H(t) + R_H(t) \leq 1. \quad (5.40)$$

Portanto  $\Lambda$  é um conjunto positivamente invariante. ■

Deve-se mostrar agora que o sistema é bem posto.

**Teorema 5.2** *Considere o sistema (5.41)*

$$\left\{ \begin{array}{l} S'_B = b_B(1 - S_B) - \beta_B I_B S_B \\ I'_B = \alpha_B(1 - S_B) - (\alpha_B + b_B) I_B \\ S'_H = b_H(1 - S_H) - \beta_H S_H I_B + \gamma_H R_H \\ I'_H = \alpha_H(1 - S_H - I_H - R_H) - (\delta_H + b_H) I_H \\ R'_H = \delta_H I_H - (\gamma_H + b_H) R_H \end{array} \right. , \quad (5.41)$$

definido na região  $\Lambda = \{(S_B, I_B, S_H, I_H, R_H) : 0 \leq S_B + I_B \leq 1, 0 \leq S_H + I_H + R_H \leq 1\}$ .

O sistema (5.41) admite única solução em  $\Lambda$ .

**Demonstração:**

Seja  $F : \Lambda \rightarrow \mathbb{R}^5$  dada por:  $F(t, S_B, I_B, S_H, I_H, R_H) = (f_1, f_2, f_3, f_4, f_5)$ , em que:

$$\left\{ \begin{array}{l} f_1 = b_B(1 - S_B) - \beta_B I_B S_B \\ f_2 = \alpha_B(1 - S_B) - (\alpha_B + b_B) I_B \\ f_3 = b_H(1 - S_H) - \beta_H S_H I_B + \gamma_H R_H \\ f_4 = \alpha_H(1 - S_H - I_H - R_H) - (\delta_H + b_H) I_H \\ f_5 = \delta_H I_H - (\gamma_H + b_H) R_H \end{array} \right. . \quad (5.42)$$

Note que  $F$  é uma função de classe  $C^1$  em  $\Lambda$ , que é compacto, então, pelo Corolário 4.5  $F$  é Lipschitziana. Assim, o sistema (5.21) possui uma única solução, ou seja, é bem posto. ■

## 5.2 Pontos de equilíbrio

Os pontos de equilíbrio do sistema (5.21) são dados por:

$$\left\{ \begin{array}{l} b_B(1 - S_B^e) - \beta_B I_B^e S_B^e = 0 \\ \alpha_B(1 - S_B^e) - (\alpha_B + b_B) I_B^e = 0 \\ b_H(1 - S_H^e) - \beta_H S_H^e I_B^e + \gamma_H R_H^e = 0 \\ \alpha_H(1 - S_H^e - I_H^e - R_H^e) - (\delta_H + b_H) I_H^e = 0 \\ \delta_H I_H^e - (\gamma_H + b_H) R_H^e = 0 \end{array} \right. \quad (5.43)$$

$$\alpha_B(1 - S_B^e) - (\alpha_B + b_B) I_B^e = 0 \quad (5.44)$$

$$b_H(1 - S_H^e) - \beta_H S_H^e I_B^e + \gamma_H R_H^e = 0 \quad (5.45)$$

$$\alpha_H(1 - S_H^e - I_H^e - R_H^e) - (\delta_H + b_H) I_H^e = 0 \quad (5.46)$$

$$\delta_H I_H^e - (\gamma_H + b_H) R_H^e = 0 \quad (5.47)$$

Isolando o termo  $(1 - S_B^e)$  na equação (5.44), obtém-se:

$$1 - S_B^e = \frac{(\alpha_B + b_B) I_B^e}{\alpha_B}. \quad (5.48)$$

Agora, substituindo a equação (5.48) na equação (5.43) segue que:

$$\begin{aligned} b_B \left( \frac{(\alpha_B + b_B) I_B^e}{\alpha_B} \right) - \beta_B I_B^e S_B^e &= 0 \\ I_B^e \left( \frac{b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B} - \beta_B S_B^e \right) &= 0. \end{aligned} \quad (5.49)$$

Deve-se considerar duas possibilidades para a resolução do sistema (5.43-5.47):  $I_B^e = 0$  ou  $\left( \frac{b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B} - \beta_B S_B^e \right) = 0$ .

Dessa forma, tem-se o ponto de equilíbrio livre da doença, quando  $I_B^e = 0$  e o ponto de equilíbrio endêmico, quando  $I_B^e \neq 0$ .

### 5.2.1 Ponto de equilíbrio livre da doença

Para calcular o ponto de equilíbrio livre da doença considera-se  $I_B^0 = 0$ .

Note que substituindo  $I_B^0 = 0$  na equação (5.48), obtém-se:

$$\begin{aligned} 1 - S_B^0 &= \frac{(\alpha_B + b_B) \cdot 0}{\alpha_B} \\ S_B^0 &= 1. \end{aligned} \quad (5.50)$$

Portanto, tem-se que, no ponto de equilíbrio livre da doença  $I_B^0 = 0$  e  $S_B^0 = 1$ , deve-se considerar tais soluções para a resolução das demais equações do sistema, sendo elas:

$$\begin{cases} b_H(1 - S_H^0) + \gamma_H R_H^0 = 0 & (5.51) \\ \alpha_H(1 - S_H^0 - I_H^0 - R_H^0) - (\delta_H + b_H)I_H^0 = 0 & (5.52) \\ \delta_H I_H^0 - (\gamma_H + b_H)R_H^0 = 0 & (5.53) \end{cases}$$

Assim, isolando o termo  $S_H^0$  na equação (5.51) do sistema, tem-se:

$$S_H^0 = \frac{\gamma_H R_H^0 + b_H}{b_H}. \quad (5.54)$$

Agora, isolando o termo  $I_H^0$  na equação (5.53) do sistema, obtém-se:

$$I_H^0 = \frac{(\gamma_H + b_H)R_H^0}{\delta_H}. \quad (5.55)$$

Substituindo os termos  $S_H^0$  e  $I_H^0$  encontrados nas equações (5.54) e (5.55), respectivamente, na equação (5.52) do sistema, obtém-se:

$$\begin{aligned} 0 &= \alpha_H \left( 1 - \frac{\gamma_H R_H^0 + b_H}{b_H} - \frac{(\gamma_H + b_H)R_H^0}{\delta_H} - R_H^0 \right) - (\delta_H + b_H) \frac{(\gamma_H + b_H)R_H^0}{\delta_H} \\ 0 &= \alpha_H \left( 1 - \frac{b_H}{b_H} + \left( -\frac{\gamma_H}{b_H} - \frac{(\gamma_H + b_H)}{\delta_H} - 1 \right) R_H^0 \right) - \frac{(\delta_H + b_H)(\gamma_H + b_H)}{\delta_H} R_H^0 \\ 0 &= \alpha_H \left( -\frac{\gamma_H}{b_H} - \frac{(\gamma_H + b_H)}{\delta_H} - 1 \right) R_H^0 - \frac{(\delta_H + b_H)(\gamma_H + b_H)}{\delta_H} R_H^0 \\ 0 &= R_H^0 \left[ \alpha_H \left( -\frac{\gamma_H}{b_H} - \frac{(\gamma_H + b_H)}{\delta_H} - 1 \right) - \frac{(\delta_H + b_H)(\gamma_H + b_H)}{\delta_H} \right]. \end{aligned} \quad (5.56)$$

Note que na equação (5.56), como  $\alpha_H$ ,  $\delta_H$ ,  $b_H$ ,  $\gamma_H$ , são parâmetros, todos são maiores do que zero, logo, tem-se que:

$$\alpha_H \left( -\frac{\gamma_H}{b_H} - \frac{(\gamma_H + b_H)}{\delta_H} - 1 \right) - \frac{(\delta_H + b_H)(\gamma_H + b_H)}{\delta_H} < 0.$$

Dessa forma,

$$R_H^0 = 0.$$

Agora, substituindo o valor encontrado para  $R_H^0$  na equação (5.54), obtém-se:

$$S_H^0 = \frac{b_H}{b_H} = 1. \quad (5.57)$$

Substituindo o termo  $R_H^0 = 0$ , na equação (5.55), obtém-se o termo  $I_H^0$ :

$$I_H^0 = \frac{(\gamma_H + b_H) \cdot 0}{\delta_H} = 0. \quad (5.58)$$

Portanto, a solução do sistema nesse caso, é dada por:

$$x_e^0 = (S_B^0, I_B^0, S_H^0, I_H^0, R_H^0) = (1, 0, 1, 0, 0). \quad (5.59)$$

## 5.2.2 Ponto de equilíbrio endêmico

Para encontrar este ponto considera-se  $I_B^* \neq 0$ . Logo segue da equação (5.49) que

$$\begin{aligned} \frac{b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B} - \beta_B S_B^* &= 0 \\ S_B^* &= \frac{b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B \beta_B}. \end{aligned} \quad (5.60)$$

Substituindo o valor encontrado na equação (5.60) para  $S_B$ , na equação (5.44) do sistema obtém-se:

$$\begin{aligned} \alpha_B \left( 1 - \frac{b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B \beta_B} \right) - (\alpha_B + b_B) I_B^* &= 0 \\ \frac{\alpha_B \beta_B - b_B(\alpha_B + b_B)}{\beta_B} - (\alpha_B + b_B) I_B^* &= 0 \\ I_B^* &= \frac{\alpha_B \beta_B - b_B(\alpha_B + b_B)}{\beta_B(\alpha_B + b_B)} \\ I_B^* &= \frac{b_B}{\beta_B} \cdot \frac{\alpha_B \beta_B - b_B(b_B + \alpha_B)}{b_B(b_B + \alpha_B)}. \end{aligned}$$

Por facilidade de notação, defina:

$$\rho = \frac{\alpha_B \beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)}. \quad (5.61)$$

Assim, note que  $S_B^*$ , obtido em (5.60), tem-se:

$$S_B^* = \frac{1}{\rho}. \quad (5.62)$$

Por outro lado, note que:

$$\begin{aligned} \rho - 1 &= \frac{\alpha_B \beta_B}{b_B(b_B + \alpha_B)} - 1 \\ &= \frac{\alpha_B \beta_B - b_B(b_B + \alpha_B)}{b_B(b_B + \alpha_B)}. \end{aligned} \quad (5.63)$$

Assim, o valor para  $I_B^*$  encontrado na equação (5.61), é dado por:

$$I_B^* = \frac{b_B}{\beta_B} (\rho - 1). \quad (5.64)$$

Resta trabalhar com as demais equações do sistema:

$$\begin{cases} b_H(1 - S_H^*) - \beta_H S_H^* I_B^* + \gamma_H R_H^* = 0 & (5.65) \\ \alpha_H(1 - S_H^* - I_H^* - R_H^*) - (\delta_H + b_H) I_H^* = 0 & (5.66) \\ \delta_H I_H^* - (\gamma_H + b_H) R_H^* = 0 & (5.67) \end{cases}$$

Substituindo o valor encontrado na equação (5.64) para  $I_B^*$  na equação (5.65), obtém-se:

$$\begin{cases} b_H(1 - S_H^*) - \beta_H S_H^* \frac{b_B}{\beta_B} (\rho - 1) + \gamma_H R_H^* = 0 & (5.68) \\ \alpha_H(1 - S_H^* - I_H^* - R_H^*) - (\delta_H + b_H) I_H^* = 0 & (5.69) \\ \delta_H I_H^* - (\gamma_H + b_H) R_H^* = 0 & (5.70) \end{cases}$$

Isolando o termo  $I_H^*$  na equação (5.70) do sistema, tem-se:

$$I_H^* = \frac{(\gamma_H + b_H) R_H^*}{\delta_H}. \quad (5.71)$$

Agora, isolando o termo  $S_H^*$  na equação (5.68), obtém-se:

$$b_H - b_H S_H^* - \frac{\beta_H S_H^* b_B (\rho - 1)}{\beta_B} + \gamma_H R_H^* = 0, \quad (5.72)$$

ou seja,

$$\begin{aligned}
 S_H^* \left[ \frac{-b_H \beta_B - \beta_H b_B (\rho - 1)}{\beta_B} \right] &= -b_H - \gamma R_H^* \\
 S_H^* &= \frac{-b_H - \gamma R_H^*}{\frac{-b_H \beta_B - \beta_H b_B (\rho - 1)}{\beta_B}} \\
 S_H^* &= \frac{(b_H + \gamma R_H^*) \beta_B}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)}. \tag{5.73}
 \end{aligned}$$

Substituindo o valor encontrado para  $S_H$  na equação (5.73) e para  $I_H$  na equação (5.71) na equação (5.69) do sistema, obtém-se:

$$\begin{aligned}
 0 &= \alpha_H - \left( \frac{\alpha_H (b_H - \gamma R_H^*) \beta_B}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} \right) - \left( \frac{\alpha_H (\gamma_H + b_H) R_H^*}{\delta_H} \right) - \alpha_H R_H^* \\
 &\quad - (\delta_H + b_H) \left( \frac{(\gamma_H + b_H) R_H^*}{\delta_H} \right).
 \end{aligned}$$

Logo, colocando  $R_H^*$  em evidência:

$$\begin{aligned}
 &-\alpha_H + \left( \frac{\alpha_H \beta_B b_H}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} \right) \\
 = &R_H^* \left[ \frac{-\alpha_H \gamma_H \beta_B}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} - \left( \frac{\alpha_H (\gamma_H + b_H)}{\delta_H} \right) - \alpha_H - (\delta_H + b_H) \left( \frac{\gamma_H + b_H}{\delta_H} \right) \right],
 \end{aligned}$$

resta apenas isolar o termo  $R_H^*$ .

Logo,

$$\begin{aligned}
 &\frac{\alpha_H (\beta_B b_H - b_H \beta_B - \beta_H b_B (\rho - 1))}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} \\
 = &R_H^* \left[ \frac{-\alpha_H \delta_H [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]}{[b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)] \cdot \delta_H} \right] \\
 &+ R_H^* \left[ \frac{-\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B - [\alpha_H (\gamma_H + b_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]}{[b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)] \cdot \delta_H} \right].
 \end{aligned}$$

Ou ainda,

$$\begin{aligned}
 &-\alpha_H \beta_H b_B (\rho - 1) \tag{5.74} \\
 = &R_H^* \left[ \frac{-\alpha_H \delta_H [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]}{\delta_H} \right] \\
 &+ R_H^* \left[ \frac{-\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B - [\alpha_H (\gamma_H + b_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]}{\delta_H} \right].
 \end{aligned}$$

Simplificando:

$$R_H^* = \frac{\alpha_H \beta_H b_B \delta_H (\rho - 1)}{\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B + [\alpha_H (\gamma_H + b_H + \delta_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]}.$$

Substituindo o valor de  $R_H^*$  na equação(5.75) para encontrar o valor de  $I_H^*$  e na equação (5.73) para encontrar o valor de  $S_H^*$ . Obtendo:

$$I_H^* = \frac{\alpha_H \beta_H b_B (\rho - 1) (\gamma_H + b_H)}{\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B + [\alpha_H (\gamma_H + b_H + \delta_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]}. \quad (5.75)$$

e,

$$S_H^* = \frac{b_H \beta_B}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} + \frac{\gamma_H \beta_B}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} \cdot \frac{\alpha_H \beta_H b_B \delta_H (\rho - 1)}{\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B + [\alpha_H (\gamma_H + b_H + \delta_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]}.$$

Logo, o ponto de equilíbrio endêmico, de acordo com as raízes encontradas é dado por

$x_e^* = (S_B^*, I_B^*, S_H^*, I_H^*, R_H^*)$  em que:

$$\left\{ \begin{array}{l} S_B^* = \frac{1}{\rho} \\ I_B^* = \frac{b_B}{\beta_B} (\rho - 1) \\ S_H^* = \frac{b_H \beta_B}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} + \frac{\gamma_H \beta_B}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} \cdot \frac{\alpha_H \beta_H b_B \delta_H (\rho - 1)}{\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B + [\alpha_H (\gamma_H + b_H + \delta_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]} \\ I_H^* = \frac{\alpha_H \beta_H b_B (\rho - 1) (\gamma_H + b_H)}{\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B + [\alpha_H (\gamma_H + b_H + \delta_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]} \\ R_H^* = \frac{\alpha_H \beta_H b_B \delta_H (\rho - 1)}{\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B + [\alpha_H (\gamma_H + b_H + \delta_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]} \end{array} \right.$$



Considerando  $R_H^*$  como encontrado em (5.75), ou seja,

$$R_H^* = \frac{\alpha_H \beta_H b_B \delta_H (\rho - 1)}{\alpha_H \delta_H \gamma_H \beta_B + [\alpha_H (\gamma_H + b_H + \delta_H) + (\delta_H + b_H) (\gamma_H + b_H)] [b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)]}$$

pode-se escrever:

$$\left\{ \begin{array}{l} S_B^* = \frac{1}{\rho} \\ I_B^* = \frac{b_B}{\beta_B} (\rho - 1) \\ S_H^* = \frac{(b_H + \gamma_H R_H^*) \beta_B}{b_H \beta_B + \beta_H b_B (\rho - 1)} \\ I_H^* = \frac{(\gamma_H + b_H) R_H^*}{\delta_H} \end{array} \right. \quad (5.76)$$

Assim, de (5.59) e de (5.76) pode-se enunciar o seguinte resultado:

**Teorema 5.3** *O sistema (5.21), definido na região*

$$\Lambda = \{(S_B, I_B, S_H, I_H, R_H) \in \mathbb{R}^5 \mid 0 \leq S_B + I_B \leq 1, 0 \leq S_H + I_H + R_H \leq 1\}$$

*possui um ponto de equilíbrio livre da doença  $x_e^0$  (5.59) e um ponto de equilíbrio endêmico  $x_e^*$  (5.76).*

### 5.3 Razão de reprodução básica

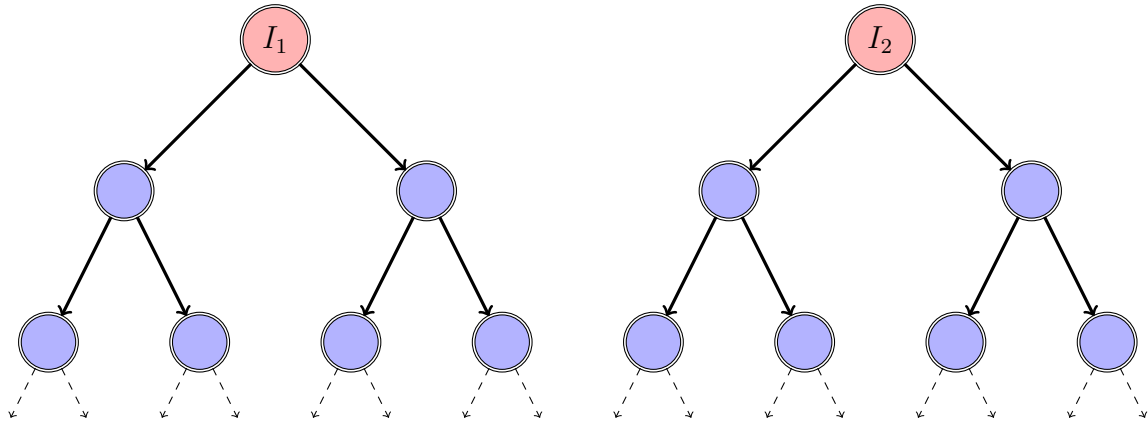
Kermack e Mckendrick (1927) definem o princípio do limiar, relacionando o início de uma epidemia a um determinado valor crítico do número de suscetíveis. Com isso, tem-se que mesmo incluindo infectados em uma população, o início da epidemia só ocorre quando o número de suscetíveis está acima do limiar, tal princípio é o teorema do valor limiar, definido também por Diekmann, Heesterbeek e Metz (1990).

A razão de reprodução básica é representada por  $\mathcal{R}_0$  e é definida como o número médio de infecções produzidas por um indivíduo infectado quando o mesmo é introduzido em uma

população completamente suscetível (ANDERSON; MAY, 1991).

Como exemplo, na Figura 10, pode-se visualizar como se dá a infecção quando  $\mathcal{R}_0$  é igual a dois, ou seja, cada indivíduo infectado transmite a doença a dois indivíduos suscetíveis ao ser inserido numa população livre da doença.

Figura 10 – Diagrama da dinâmica de transmissão quando tem-se  $\mathcal{R}_0 = 2$ .

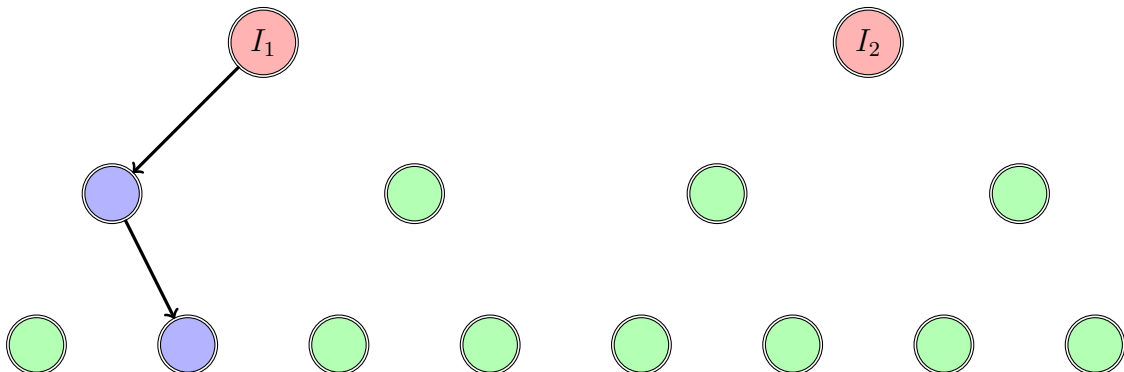


Fonte: elaborado pela autora.

Os círculos em vermelho representam dois indivíduos infectados ( $I_1$ ,  $I_2$ ) que são inseridos em uma população totalmente suscetível, representada pelos círculos em azul, considerando  $\mathcal{R}_0$  igual a dois, cada um dos tais infectados  $I_1$  e  $I_2$  transmitem a doença para mais dois indivíduos em média e assim por diante, as setas indicam a transmissão da infecção.

Dessa forma, pode-se notar que quando  $\mathcal{R}_0$  é maior que um, a doença se propaga, ocorrendo uma epidemia, ou seja, quando o número de infectados cresce a cada geração.

Figura 11 – Diagrama da dinâmica de transmissão quando tem-se  $\mathcal{R}_0 = 0,5$ .



Fonte: elaborado pela autora.

Já quando  $\mathcal{R}_0$  é menor que um a doença tende a se extinguir, como pode-se observar na Figura 11, onde considera-se  $\mathcal{R}_0$  igual a meio, ou seja, a cada dois infectados um deles transmite

a doença para um suscetível, enquanto o outro não a transmite. Os círculos em azul representam a quantidade de infectados após a introdução dos infectados primários, representados pelos círculos em vermelho. Já os círculos verdes referem-se a animais que não foram infectados.

Quando não se tem uma população livre da doença, ou seja, após o instante inicial, é definida a razão de reprodutividade efetiva, denotada apenas por  $\mathcal{R}$ , sendo o número médio de casos secundários que um indivíduo infectado produz em uma população não totalmente suscetível. Definindo  $S^*$  como o número de suscetíveis no instante  $t$ , tem-se que  $\mathcal{R}$  é dada por:

$$\mathcal{R} = \mathcal{R}_0 \cdot S^*(t). \quad (5.77)$$

Quando se está em equilíbrio, tem-se que  $\mathcal{R}$  é igual a um, logo,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{1}{S^*(t)}. \quad (5.78)$$

Primeiramente calcula-se a matriz jacobiana do sistema em estudo, aplicada no ponto de equilíbrio, com isso deve-se calcular as raízes do polinômio característico de tal matriz, a razão de reprodução básica é a condição necessária para que todas as raízes deste polinômio possuam parte real negativa, pois isso implica na estabilidade local do ponto de equilíbrio em questão.

### 5.3.1 Estabilidade local

Primeiramente é calculado o polinômio característico da matriz jacobiana, aplicada no ponto de equilíbrio, para mostrar a estabilidade local de ambos os pontos de equilíbrio.

#### 5.3.1.1 Estabilidade local do ponto livre da doença

**Teorema 5.4** *Se  $\mathcal{R}_0 < 1$  o ponto de equilíbrio livre da doença, dado por  $x_e^0 = (1,0,1,0,0)$  é localmente assintoticamente estável.*

**Demonstração:**

Seja  $x = (S_B, I_B, S_H, I_H, R_H)$ , a matriz jacobiana do sistema dado em (5.21) é dada por

$$Df(x) = \begin{bmatrix} -b_B - \beta_B I_B & -\beta_B S_B & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha_B & -(\alpha_B + b_B) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_H S_H & -b_H - \beta_H I_B & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H \end{bmatrix}$$

Assim, deve-se calcular a matriz jacobiana, aplicando o ponto livre da doença encontrado em (5.59), tal ponto é dado por  $x_e^0 = (1, 0, 1, 0, 0)$ .

Logo tem-se a matriz:

$$Df(x_e^0) = \begin{bmatrix} -b_B & -\beta_B & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha_B & -(\alpha_B + b_B) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_H & -b_H & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H \end{bmatrix}$$

O polinômio característico é dado por  $p_1(\lambda) = \det(Df(x_e^0) - \lambda I_d)$ .

Assim, aplicando o Teorema de Laplace para cálculos de determinantes, tal técnica é descrita em Hoffman e Kunze (1971), tem-se:

$$p_1(\lambda) = \begin{vmatrix} -b_B - \lambda & -\beta_B & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha_B & -(\alpha_B + b_B + \lambda) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_H & -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}$$

Agora, deve-se encontrar as raízes do polinômio característico  $p_1(\lambda)$  e determinar a condição necessária para que este tenha todas as raízes com parte real negativa.

$$\begin{aligned}
p_1(\lambda) &= (-b_B - \lambda) \begin{vmatrix} -(\alpha_B + b_B + \lambda) & 0 & 0 & 0 \\ -\beta_H & -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix} \\
&+ \beta_B \begin{vmatrix} -\alpha_B & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix} \\
&= (-b_B - \lambda)(-\alpha_B + b_B + \lambda) \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix} \\
&+ (\beta_B)(-\alpha_B) \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}.
\end{aligned}$$

Ou seja,

$$\begin{aligned}
p_1(\lambda) &= (-b_B - \lambda)(-\alpha_B + b_B + \lambda) + (\beta_B)(-\alpha_B) \\
&\cdot \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}.
\end{aligned}$$

Deve-se encontrar as raízes do polinômio característico  $p_1(\lambda)$ , dadas por:

$$0 = p_1(\lambda) = \underbrace{(-b_B - \lambda)(-\alpha_B + b_B + \lambda)}_{q_1(\lambda)} + (\beta_B)(-\alpha_B) \quad (5.79)$$

$$\cdot \underbrace{\begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}}_{r_1(\lambda)} \quad (5.80)$$

Para isso, pode-se resolver por partes, primeiramente encontrando as raízes do polinô-

mio  $q_1(\lambda)$ , presente em (5.79) e, posteriormente encontrando as raízes do polinômio  $r_1(\lambda)$ , gerado pelo determinante presente na equação (5.80). Ou seja, deve-se encontrar as raízes de  $r_1(\lambda)$  e  $q_1(\lambda)$ , em que:

$$q_1(\lambda) = (-b_B - \lambda)(-(\alpha_B + b_B + \lambda)) + (\beta_B)(-\alpha_B) = 0 \quad (5.81)$$

$$r_1(\lambda) = \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix} = 0. \quad (5.82)$$

Primeiramente encontrando as raízes do polinômio  $r_1(\lambda)$  (5.82):

$$r_1(\lambda) = \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix} = 0.$$

Assim,

$$\begin{aligned} r_1(\lambda) &= (-b_H - \lambda)(-\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda)(-\gamma_H - b_H - \lambda) \\ &\quad - \alpha_H \delta_H \gamma_H - [(-\alpha_H \delta_H)(-b_H - \lambda)] \\ &= (b_H \alpha_H + b_H \delta_H + b_H^2 + b_H \lambda + \alpha_H \lambda + \delta_H \lambda + b_H \lambda + \lambda^2)(-\gamma_H - b_H - \lambda) \\ &\quad - \alpha_H \delta_H \gamma_H - (\alpha_H \delta_H b_H + \alpha_H \delta_H \lambda) \\ &= -b_H \alpha_H \gamma_H - b_H^2 \alpha_H - b_H \alpha_H \lambda - b_H \delta_H \gamma_H - b_H^2 \delta_H - b_H \delta_H \lambda - b_H^2 \gamma_H - b_H^3 \\ &\quad - b_H^2 \lambda - 2b_H \gamma_H \lambda - 2b_H^2 \lambda - 2b_H \lambda^2 - \alpha_H \gamma_H \lambda - \alpha_H b_H \lambda - \alpha_H \lambda^2 - \delta_H \gamma_H \lambda \\ &\quad - \delta_H b_H \lambda - \delta_H \lambda^2 - \gamma_H \lambda^2 - b_H \lambda^2 - \lambda^3 \\ &\quad - \alpha_H \delta_H \gamma_H - \alpha_H \delta_H b_H - \alpha_H \delta_H \lambda \end{aligned}$$

ou seja,

$$\begin{aligned} r_1(\lambda) &= -\lambda^3 \\ &\quad + (-3b_H - \alpha_H - \delta_H - \gamma_H)\lambda^2 \\ &\quad + (-2b_H \alpha_H - 2b_H \delta_H - 3b_H^2 - 2b_H \gamma_H - \alpha_H \gamma_H - \delta_H \gamma_H - \alpha_H \delta_H)\lambda \\ &\quad - b_H \alpha_H \gamma_H - b_H^2 \alpha_H - b_H \delta_H \gamma_H - b_H^2 \delta_H - b_H^2 \gamma_H - b_H^3 - \alpha_H \delta_H \gamma_H - \alpha_H \delta_H b_H. \end{aligned}$$

Dessa forma, pode-se considerar o seguinte polinômio característico:

$$\begin{aligned}
 r_1(\lambda) &= \lambda^3 \\
 &+ (3b_H + \alpha_H + \delta_H + \gamma_H)\lambda^2 \\
 &+ (2b_H\alpha_H + 2b_H\delta_H + 3b_H^2 + 2b_H\gamma_H + \alpha_H\gamma_H + \delta_H\gamma_H + \alpha_H\delta_H)\lambda \\
 &+ b_H\alpha_H\gamma_H + b_H^2\alpha_H + b_H\delta_H\gamma_H + b_H^2\delta_H + b_H^2\gamma_H + b_H^3 + \alpha_H\delta_H\gamma_H + \alpha_H\delta_Hb_H.
 \end{aligned}$$

Assim, para o uso do critério de Hurwitz do Teorema 4.23, tem-se que:

$$\begin{aligned}
 a_0 &= 1. \\
 a_1 &= 3b_H + \alpha_H + \delta_H + \gamma_H. \\
 a_2 &= 2b_H\alpha_H + 2b_H\delta_H + 3b_H^2 + 2b_H\gamma_H + \alpha_H\gamma_H + \delta_H\gamma_H + \alpha_H\delta_H. \\
 a_3 &= b_H\alpha_H\gamma_H + b_H^2\alpha_H + b_H\delta_H\gamma_H + b_H^2\delta_H + b_H^2\gamma_H + b_H^3 + \alpha_H\delta_H\gamma_H + \alpha_H\delta_Hb_H.
 \end{aligned}$$

Note que os coeficientes  $a_0$ ,  $a_1$ ,  $a_2$  e  $a_3$  são todos positivos, o que satisfaz a Proposição 4.22. Resta agora calcular os determinantes e analisá-los, para verificar se satisfazem o Teorema 4.23.

$$\begin{aligned}
 \Delta_1 &= |a_1| \\
 &= |3b_H + \alpha_H + \delta_H + \gamma_H| \\
 &> 0.
 \end{aligned}$$

Já o  $\Delta_2$  é dado por:

$$\Delta_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix}$$

Assim,

$$\begin{aligned}
 \Delta_2 &= [(3b_H + \alpha_H + \delta_H + \gamma_H) \\
 &\cdot (2b_H\alpha_H + 2b_H\delta_H + 3b_H^2 + 2b_H\gamma_H + \alpha_H\gamma_H + \delta_H\gamma_H + \alpha_H\delta_H)] \\
 &- [(b_H\alpha_H\gamma_H + b_H^2\alpha_H + b_H\delta_H\gamma_H + b_H^2\delta_H + b_H^2\gamma_H + b_H^3 + \alpha_H\delta_H\gamma_H + \alpha_H\delta_Hb_H)].
 \end{aligned}$$

ou seja,

$$\begin{aligned}
\Delta_2 &= 6b_H^2\alpha_H + 6b_H^2\delta_H + 9b_H^3 + 6b_H^2\gamma_H + 3b_H\alpha_H\gamma_H + 3b_H\delta_H\gamma_H + 3b_H\alpha_H\delta_H \\
&\quad + 2b_H\alpha_H^2 + 2b_H\delta_H\alpha_H + 3b_H^2\alpha_H + 2b_H\gamma_H\alpha_H + \alpha_H^2\gamma_H + \delta_H\gamma_H\alpha_H + \alpha_H^2\delta_H \\
&\quad + 2b_H\alpha_H\delta_H + 2b_H\delta_H^2 + 3b_H^2\delta_H + 2b_H\gamma_H\delta_H + \alpha_H\gamma_H\delta_H + \delta_H^2\gamma_H + \alpha_H\delta_H^2 \\
&\quad + 2b_H\alpha_H\gamma_H + 2b_H\delta_H\gamma_H + 3b_H^2\gamma_H + 2b_H\gamma_H^2 + \alpha_H\gamma_H^2 + \delta_H\gamma_H^2 + \alpha_H\delta_H\gamma_H \\
&\quad - b_H\alpha_H\gamma_H - b_H^2\alpha_H - b_H\delta_H\gamma_H - b_H^2\delta_H - b_H^2\gamma_H - b_H^3 - \alpha_H\delta_H\gamma_H - \alpha_H\delta_Hb_H. \\
\Delta_2 &= 6b_H^2\alpha_H + 9b_H^2\delta_H + 9b_H^3 + 9b_H^2\gamma_H + 7b_H\alpha_H\gamma_H + 7b_H\delta_H\gamma_H \\
&\quad + 2b_H\alpha_H^2 + 7b_H\delta_H\alpha_H + \alpha_H^2\gamma_H + 3\delta_H\gamma_H\alpha_H + 2b_H\delta_H^2 + \delta_H^2\gamma_H \\
&\quad + 2b_H\gamma_H^2 + \alpha_H\gamma_H^2 + \delta_H\gamma_H^2 + \alpha_H^2\delta_H + \alpha_H\delta_H^2 \\
&\quad - b_H\alpha_H\gamma_H - b_H^2\alpha_H - b_H\delta_H\gamma_H - b_H^2\delta_H - b_H^2\gamma_H - b_H^3 - \alpha_H\delta_H\gamma_H - \alpha_H\delta_Hb_H \\
&= 5b_H^2\alpha_H + 8b_H^2\delta_H + 8b_H^3 + 8b_H^2\gamma_H + 6b_H\alpha_H\gamma_H + 6b_H\delta_H\gamma_H \\
&\quad + 2b_H\alpha_H^2 + 6b_H\delta_H\alpha_H + \alpha_H^2\gamma_H + 2\delta_H\gamma_H\alpha_H + 2b_H\delta_H^2 + \delta_H^2\gamma_H \\
&\quad + 2b_H\gamma_H^2 + \alpha_H\gamma_H^2 + \delta_H\gamma_H^2 + \alpha_H^2\delta_H + \alpha_H\delta_H^2 \\
&> 0.
\end{aligned} \tag{5.83}$$

logo,

$$\Delta_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix} > 0.$$

Por fim,

$$\Delta_3 = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ 0 & 0 & a_3 \end{vmatrix},$$

Logo, aplicando o Teorema de Laplace, pode-se escrever:

$$\Delta_3 = a_3 \cdot \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix}. \tag{5.84}$$



De acordo com (5.83), sabe-se que:

$$\Delta_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix} > 0$$

por outro lado,

$$a_3 = b_H \alpha_H \gamma_H + b_H^2 \alpha_H + b_H \delta_H \gamma_H + b_H^2 \delta_H + b_H^2 \gamma_H + b_H^3 + \alpha_H \delta_H \gamma_H + \alpha_H \delta_H b_H > 0.$$

Dessa forma, segue que:

$$\begin{aligned} \Delta_3 &= a_3 \cdot \Delta_2 \\ &> 0. \end{aligned}$$

Como  $a_0, a_1, a_2$  e  $a_3$  possuem o mesmo sinal e  $\Delta_1, \Delta_2$  e  $\Delta_3$  são positivos, pelo critério de Hurwitz, dado pelo Teorema 4.23, o polinômio  $r_1(\lambda)$  dado em (5.82) é estável, ou seja, pela Definição 4.21, tem-se que tal polinômio possui todas as raízes com parte real negativa.

Deve-se encontrar as raízes do polinômio  $q_1(\lambda)$  dado em (5.81):

$$\begin{aligned} 0 = q_1(\lambda) &= b_B \alpha_B + b_B^2 + b_B \lambda + \alpha_B \lambda + b_B \lambda + \lambda^2 - \alpha_B \beta_B \\ &= \lambda^2 + (2b_B + \alpha_B) \lambda + b_B \alpha_B + b_B^2 - \alpha_B \beta_B. \end{aligned} \quad (5.85)$$

O discriminante  $\Delta$  do polinômio dado em (5.85):

$$\begin{aligned} \Delta &= (2b_B + \alpha_B)^2 - 4(b_B \alpha_B + b_B^2 - \alpha_B \beta_B) \\ &= 4b_B^2 + 4b_B \alpha_B + \alpha_B^2 - 4b_B \alpha_B - 4b_B^2 + 4\alpha_B \beta_B \\ &= \alpha_B^2 + 4\alpha_B \beta_B \\ &= \alpha_B(\alpha_B + 4\beta_B). \end{aligned} \quad (5.86)$$

Portanto as raízes de  $q_1(\lambda)$  são dadas por:

$$\lambda = \frac{-2b_B - \alpha_B \pm \sqrt{\alpha_B(\alpha_B + 4\beta_B)}}{2}. \quad (5.87)$$

Dessa forma, a condição para que as raízes sejam negativas é:

$$\begin{aligned}
-(2b_B + \alpha_B) + \sqrt{\alpha_B(\alpha_B + 4\beta_B)} &< 0 \\
\sqrt{\alpha_B(\alpha_B + 4\beta_B)} &< 2b_B + \alpha_B \\
\alpha_B(\alpha_B + 4\beta_B) &< (2b_B + \alpha_B)^2 \\
\alpha_B^2 + 4\alpha_B\beta_B &< 4b_B^2 + 4b_B\alpha_B + \alpha_B^2 \\
\alpha_B\beta_B &< b_B^2 + b_B\alpha_B \\
\alpha_B\beta_B &< b_B(b_B + \alpha_B).
\end{aligned} \tag{5.88}$$

Assim, a razão de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$  pode ser definida como:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha_B\beta_B}{b_B(b_B + \alpha_B)}. \tag{5.89}$$

Conforme mencionado na Subseção 5.3 , a taxa  $\mathcal{R}_0$  é um parâmetro no qual  $\mathcal{R}_0 > 1$  ocorre uma epidemia,  $\mathcal{R}_0 < 1$  extinção da doença e  $\mathcal{R}_0 = 1$  ocorre uma endemia, trata-se de um estado de transição. Logo, ao considerar  $\mathcal{R}_0 < 1$ , sabe-se que  $q_1(\lambda)$ , definido em (5.81) também possui todas as raízes com parte real negativa.

Portanto, o polinômio característico da matriz jacobiana do sistema (5.21), aplicando se o ponto livre da doença, dado por  $p_1(\lambda)$  (5.85), possui todas as raízes com parte real negativa. Logo, pelo Teorema 4.25, o ponto de equilíbrio dado por  $(1, 0, 1, 0, 0)$  é localmente assintoticamente estável, quando  $\mathcal{R}_0 < 1$ . ■

### 5.3.1.2 Estabilidade local do ponto endêmico

Primeiramente, pode-se reescrever o ponto de equilíbrio endêmico, usando a taxa de reprodução básica, encontrada em (5.89).

A razão de reprodução básica, dada em (5.89) e a constante  $\rho$  definida em (5.61) são iguais,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha_B\beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} = \rho. \tag{5.90}$$

Logo, o ponto de equilíbrio endêmico dado em (5.76) pode ser reescrito dependendo da razão de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$ .

Ou seja,

$$\left\{ \begin{array}{l} S_B^* = \frac{1}{\mathcal{R}_0} \\ I_B^* = \frac{b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \\ S_H^* = \frac{(b_H + \gamma_H R_H^*)\beta_B}{b_H\beta_B + \beta_H b_B(\mathcal{R}_0 - 1)} \\ I_H^* = \frac{(\gamma_H + b_H)R_H^*}{\delta_H} \\ R_H^* = \frac{\alpha_H\beta_H b_B\delta_H(\mathcal{R}_0 - 1)}{\alpha_H\delta_H\gamma_H\beta_B + [\alpha_H(\gamma_H + b_H + \delta_H) - (\delta_H + b_H)][b_H\beta_B + \beta_H b_B(\mathcal{R}_0 - 1)]} \end{array} \right. \quad (5.91)$$

**Teorema 5.5** Se  $\mathcal{R}_0 > 1$  o ponto de equilíbrio endêmico, dado por  $x_e^* = (S_B^*, I_B^*, S_H^*, I_H^*, R_H^*)$  (5.76) é localmente assintoticamente estável.

**Demonstração:**

Para saber se existe estabilidade local do ponto de equilíbrio endêmico, deve-se calcular a matriz jacobiana, substituindo o ponto de equilíbrio endêmico.

Seja  $x_e^* = (S_B^*, I_B^*, S_H^*, I_H^*, R_H^*)$ ,

$$Df(x_e^*) = \begin{bmatrix} -b_B - \beta_B I_B^* & -\beta_B S_B^* & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha_B & -(\alpha_B + b_B) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_H S_H^* & -b_H - \beta_H I_B^* & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H \end{bmatrix}.$$

Sabe-se que os valores encontrados para  $S_B^*, I_B^*, S_H^*, I_H^*, R_H^*$  são dados em (5.91). Note que substituindo os valores de  $I_B^*, S_B^*$ , tomando:

$$k = -b_H - \frac{\beta_H b_B(\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B}, \quad (5.92)$$

obtem-se:

$$Df(x_e^*) = \begin{bmatrix} -b_B - \frac{\beta_B b_B(\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} & -\frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0} & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha_B & -(\alpha_B + b_B) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_H S_H^* & k & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H \end{bmatrix}$$

assim, efetuando alguns cálculos

$$Df(x_e^*) = \begin{bmatrix} -b_B \mathcal{R}_0 & \frac{-\beta_B}{\mathcal{R}_0} & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha_B & -(\alpha_B + b_B) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_H S_H & k & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H \end{bmatrix}$$

O polinômio característico  $p_2(\lambda)$  da matriz jacobiana é dado pelo  $\det(Df(x_e^*) - \lambda Id)$ , ou seja:

$$p_2(\lambda) = \begin{vmatrix} -b_B \mathcal{R}_0 - \lambda & \frac{-\beta_B}{\mathcal{R}_0} & 0 & 0 & 0 \\ -\alpha_B & -(\alpha_B + b_B) - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_H S_H & k - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}$$

logo, aplicando o Teorema de Laplace,

$$p_2(\lambda) = -(b_B \mathcal{R}_0 + \lambda) \begin{vmatrix} -(\alpha_B + b_B + \lambda) & 0 & 0 & 0 \\ -\beta_H S_H & k - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix} + \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0} \begin{vmatrix} -\alpha_B & 0 & 0 & 0 \\ 0 & k - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}.$$

Portanto, retornando  $k$  como foi definido na equação (5.92), tem-se:

$$p_2(\lambda) = (b_B \mathcal{R}_0 + \lambda)(\alpha_B + b_B + \lambda) \quad (5.93)$$

$$\cdot \begin{vmatrix} -b_H - \frac{\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}$$

$$+ \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0}(-\alpha_B) \begin{vmatrix} -b_H - \beta_H \cdot \frac{b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}$$

assim,

$$p_2(\lambda) = \underbrace{\left[ (b_B \mathcal{R}_0 + \lambda)(\alpha_B + b_B + \lambda) + \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0}(-\alpha_B) \right]}_{q_2(\lambda)}$$

$$\cdot \underbrace{\begin{vmatrix} -b_H - \frac{\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix}}_{r_2(\lambda)}$$

Dessa forma, encontrar as raízes de  $p_2(\lambda)$  é o mesmo que encontrar as raízes de  $q_2(\lambda)$  e  $r_2(\lambda)$ , sendo  $q_2(\lambda)$  e  $r_2(\lambda)$  dados por:

$$q_2(\lambda) = (b_B \mathcal{R}_0 + \lambda)(\alpha_B + b_B + \lambda) + \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0}(-\alpha_B). \quad (5.94)$$

$$r_2(\lambda) = \begin{vmatrix} -b_H - \frac{\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix} \quad (5.95)$$

Assim, encontrando as raízes de  $r_2(\lambda)$  (5.95), temos:

$$r_2(\lambda) = \begin{vmatrix} -b_H - \frac{\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -\gamma_H - b_H - \lambda \end{vmatrix},$$

assim

$$r_2(\lambda) = \left( -b_H - \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \lambda \right) \cdot (-\alpha_H - \delta_H - b_H - \lambda) \cdot (-\gamma_H - b_H - \lambda) \\ - \alpha_H \delta_H \gamma_H - \left[ -\alpha_H \delta_H \left( -b_H - \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \lambda \right) \right]$$

ou seja,

$$r_2(\lambda) = \left( b_H \alpha_H + b_H \delta_H + b_H^2 + b_H \lambda \right. \\ \left. + \frac{\alpha_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) + \frac{\delta_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \right. \\ \left. + \frac{b_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) + \frac{\beta_H b_B \lambda}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \right. \\ \left. + \alpha_H \lambda + \delta_H \lambda + b_H \lambda + \lambda^2 \right) \\ \cdot (-\gamma_H - b_H - \lambda) \\ - \alpha_H \delta_H \gamma_H - \alpha_H \delta_H b_H \\ - \alpha_H \delta_H \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \alpha_H \delta_H \lambda$$

Assim,

$$r_2(\lambda) = -b_H \alpha_H \gamma_H - b_H \delta_H \gamma_H - \gamma_H b_H^2 - \gamma_H b_H \lambda \\ - b_H^2 \alpha_H - b_H^2 \delta_H - b_H^3 - b_H^2 \lambda \\ - b_H \alpha_H \lambda - b_H \delta_H \lambda - b_H^2 \lambda - b_H \lambda^2 \\ - \frac{\gamma_H \alpha_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\gamma_H \delta_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\gamma_H b_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \\ - \frac{\gamma_H \beta_H b_B \lambda}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\alpha_H \beta_H b_B b_H}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\delta_H \beta_H b_B b_H}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \\ - \frac{b_H^2 \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{b_H \beta_H b_B \lambda}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\alpha_H \beta_H b_B \lambda}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \\ - \frac{\delta_H \beta_H b_B \lambda}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{b_H \beta_H b_B \lambda}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\beta_H b_B \lambda^2}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \\ - \alpha_H \gamma_H \lambda - \delta_H \gamma_H \lambda - b_H \gamma_H \lambda - \gamma_H \lambda^2 \\ - \alpha_H b_H \lambda - \delta_H b_H \lambda - b_H^2 \lambda - b_H \lambda^2 \\ - \alpha_H \lambda^2 - \delta_H \lambda^2 - b_H \lambda^2 - \lambda^3 \\ - \alpha_H \delta_H \gamma_H - \alpha_H \delta_H b_H - \alpha_H \delta_H \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \alpha_H \delta_H \lambda.$$

O polinômio característico  $r_2(\lambda)$  é dado por:

$$\begin{aligned}
r_2(\lambda) = & -b_H\alpha_H\gamma_H - b_H\delta_H\gamma_H - \gamma_H b_H^2 - \gamma_H b_H\lambda \\
& -b_H^2\alpha_H - b_H^2\delta_H - b_H^3 - b_H^2\lambda \\
& -b_H\alpha_H\lambda - b_H\delta_H\lambda - b_H^2\lambda - b_H\lambda^2 \\
& -\frac{\gamma_H\alpha_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\gamma_H\delta_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\gamma_H b_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \\
& -\frac{\gamma_H\beta_H b_B\lambda}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\alpha_H\beta_H b_B b_H}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\delta_H\beta_H b_B b_H}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \\
& +\frac{b_H^2\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) + \frac{b_H\beta_H b_B\lambda}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\alpha_H\beta_H b_B\lambda}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \\
& -\frac{\delta_H\beta_H b_B\lambda}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{b_H\beta_H b_B\lambda}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\beta_H b_B\lambda^2}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \\
& -\alpha_H\gamma_H\lambda - \delta_H\gamma_H\lambda - b_H\gamma_H\lambda - \gamma_H\lambda^2 \\
& -\alpha_H b_H\lambda - \delta_H b_H\lambda - b_H^2\lambda - b_H\lambda^2 \\
& -\alpha_H\lambda^2 - \delta_H\lambda^2 - b_H\lambda^2 - \lambda^3 \\
& -\alpha_H\delta_H\gamma_H - \alpha_H\delta_H b_H - \alpha_H\delta_H\frac{\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \alpha_H\delta_H\lambda
\end{aligned}$$

ou seja:

$$\begin{aligned}
r_2(\lambda) = & -\lambda^3 \\
& + \left( -b_H - \gamma_H - \frac{\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - b_H - \alpha_H - \delta_H - b_H \right) \lambda^2 \\
& + \left( -\gamma_H b_H - b_H^2 - b_H\alpha_H - b_H\delta_H - b_H^2 - b_H\gamma_H - \alpha_H b_H - \delta_H b_H - b_H^2 - \alpha_H\gamma_H \right. \\
& \quad -\delta_H\gamma_H - \alpha_H\delta_H - \frac{\gamma_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{b_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\alpha_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \\
& \quad \left. -\frac{\delta_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{b_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \right) \lambda \\
& + \left( -b_H\alpha_H\gamma_H - b_H\delta_H\gamma_H - \gamma_H b_H^2 - b_H^2\alpha_H - b_H^2\delta_H - b_H^3 - \alpha_H\delta_H\gamma_H - \alpha_H\delta_H b_H \right. \\
& \quad -\frac{\gamma_H\alpha_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\gamma_H\delta_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\gamma_H b_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \\
& \quad -\frac{\alpha_H\beta_H b_B b_H}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \\
& \quad \left. -\frac{\delta_H\beta_H b_B b_H}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{b_H^2\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\alpha_H\delta_H\beta_H b_B}{\beta_B}(\mathcal{R}_0 - 1) \right).
\end{aligned}$$

Simplificando, obtém-se:

$$\begin{aligned}
r_2(\lambda) = & -\lambda^3 \\
& + \left( -3b_H - \gamma_H - \alpha_H - \delta_H - \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \right) \lambda^2 \\
& + \left( -\gamma_H b_H - 3b_H^2 - 2b_H \alpha_H - 2b_H \delta_H - b_H \gamma_H - \alpha_H \gamma_H - \delta_H \gamma_H - \alpha_H \delta_H \right. \\
& \quad - \frac{\gamma_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{2b_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \\
& \quad \left. - \frac{\alpha_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\delta_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \right) \lambda \\
& + \left( -b_H \alpha_H \gamma_H - b_H \delta_H \gamma_H - \gamma_H b_H^2 - b_H^2 \alpha_H - b_H^2 \delta_H - b_H^3 - \alpha_H \delta_H \gamma_H - \alpha_H \delta_H b_H \right. \\
& \quad - \frac{\gamma_H \alpha_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\gamma_H \delta_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\gamma_H b_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \\
& \quad - \frac{\alpha_H \beta_H b_B b_H}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\delta_H \beta_H b_B b_H}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \\
& \quad \left. - \frac{b_H^2 \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) - \frac{\alpha_H \delta_H \beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \right).
\end{aligned}$$

Considerando o seguinte polinômio característico:

$$\begin{aligned}
r_2(\lambda) = & \lambda^3 \\
& + \left( 3b_H + \gamma_H + \alpha_H + \delta_H + \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \right) \lambda^2 \\
& + \left( \gamma_H b_H + 3b_H^2 + 2b_H \alpha_H + 2b_H \delta_H + b_H \gamma_H + \alpha_H \gamma_H + \delta_H \gamma_H + \alpha_H \delta_H \right. \\
& \quad \left. + \frac{[\gamma_H \beta_H b_B + 2b_H \beta_H b_B + \alpha_H \beta_H b_B + \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \right) \lambda \\
& + \left( b_H \alpha_H \gamma_H + b_H \delta_H \gamma_H + \gamma_H b_H^2 + b_H^2 \alpha_H + b_H^2 \delta_H + b_H^3 + \alpha_H \delta_H \gamma_H + \alpha_H \delta_H b_H \right. \\
& \quad + \frac{[\gamma_H \alpha_H \beta_H b_B + \gamma_H \delta_H \beta_H b_B + \gamma_H b_H \beta_H b_B + \alpha_H \beta_H b_B b_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& \quad \left. + \frac{[\delta_H \beta_H b_B b_H + b_H^2 \beta_H b_B + \alpha_H \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \right).
\end{aligned}$$

Para o uso do critério de Hurwitz, Teorema 4.23, tem-se que:

$$a_0 = 1.$$

$$a_1 = 3b_H + \gamma_H + \alpha_H + \delta_H + \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1).$$



e,

$$\begin{aligned}
a_2 &= \gamma_H b_H + 3b_H^2 + 2b_H \alpha_H + 2b_H \delta_H + b_H \gamma_H + \alpha_H \gamma_H + \delta_H \gamma_H + \alpha_H \delta_H \\
&\quad + \frac{[\gamma_H \beta_H b_B + 2b_H \beta_H b_B + \alpha_H \beta_H b_B + \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B}. \\
a_3 &= b_H \alpha_H \gamma_H + b_H \delta_H \gamma_H + \gamma_H b_H^2 + b_H^2 \alpha_H + b_H^2 \delta_H + b_H^3 + \alpha_H \delta_H \gamma_H + \alpha_H \delta_H b_H \\
&\quad + \frac{[\gamma_H \alpha_H \beta_H b_B + \gamma_H \delta_H \beta_H b_B + \gamma_H b_H \beta_H b_B + \alpha_H \beta_H b_B b_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{[\delta_H \beta_H b_B b_H + b_H^2 \beta_H b_B + \alpha_H \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B}.
\end{aligned}$$

Note que os coeficientes  $a_0$ ,  $a_1$ ,  $a_2$  e  $a_3$  são todos positivos, visto que  $\mathcal{R}_0 > 1$ , o que satisfaz a Proposição 4.22, assim para o uso do Critério de Hurwitz, descrito no Teorema 4.23, resta calcular os determinantes e analisá-los.

$$\begin{aligned}
\Delta_1 &= |a_1| \\
&= \left| 3b_H + \gamma_H + \alpha_H + \delta_H + \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \right| \\
&> 0 \text{ pois } \mathcal{R}_0 > 1.
\end{aligned}$$

Já o  $\Delta_2$  é dado por:

$$\Delta_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix}$$

assim,

$$\begin{aligned}
\Delta_2 &= \left( 3b_H + \gamma_H + \alpha_H + \delta_H + \frac{\beta_H b_B}{\beta_B} (\mathcal{R}_0 - 1) \right) \\
&\quad \cdot \left( \gamma_H b_H + 3b_H^2 + 2b_H \alpha_H + 2b_H \delta_H \right. \\
&\quad \left. + b_H \gamma_H + \alpha_H \gamma_H + \delta_H \gamma_H + \alpha_H \delta_H \right. \\
&\quad \left. + \frac{[\gamma_H \beta_H b_B + 2b_H \beta_H b_B + \alpha_H \beta_H b_B + \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \right) \\
&\quad - \left( b_H \alpha_H \gamma_H + b_H \delta_H \gamma_H + \gamma_H b_H^2 \right. \\
&\quad \left. + b_H^2 \alpha_H + b_H^2 \delta_H + b_H^3 + \alpha_H \delta_H \gamma_H + \alpha_H \delta_H b_H \right. \\
&\quad \left. + \frac{[\gamma_H \alpha_H \beta_H b_B + \gamma_H \delta_H \beta_H b_B + \gamma_H b_H \beta_H b_B + \alpha_H \beta_H b_B b_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \right. \\
&\quad \left. + \frac{[\delta_H \beta_H b_B b_H + b_H^2 \beta_H b_B + \alpha_H \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \right).
\end{aligned}$$

Resolvendo:

$$\begin{aligned}
\Delta_2 = & \frac{3\gamma_H b_H^2 + 9b_H^3 + 6b_H^2 \alpha_H + 6b_H^2 \delta_H + 3b_H^2 \gamma_H + 3b_H \alpha_H \gamma_H + 3b_H \delta_H \gamma_H + 3b_H \alpha_H \delta_H}{\beta_B} \\
& + \frac{[3b_H \gamma_H \beta_H b_B + 6b_H^2 \beta_H b_B + 3b_H \alpha_H \beta_H b_B + 3b_H \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& + \frac{\gamma_H^2 b_H + 3b_H^2 \gamma_H + 2b_H \alpha_H \gamma_H + 2b_H \delta_H \gamma_H + b_H \gamma_H^2 + \alpha_H \gamma_H^2 + \delta_H \gamma_H^2 + \gamma_H \alpha_H \delta_H}{\beta_B} \\
& + \frac{[\gamma_H^2 \beta_H b_B + 2b_H \beta_H b_B \gamma_H + \alpha_H \beta_H b_B \gamma_H + \delta_H \beta_H b_B \gamma_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& + \frac{\gamma_H b_H \alpha_H + 3b_H^2 \alpha_H + 2b_H \alpha_H^2 + 2b_H \delta_H \alpha_H + b_H \gamma_H \alpha_H + \alpha_H^2 \gamma_H + \delta_H \gamma_H \alpha_H + \alpha_H^2 \delta_H}{\beta_B} \\
& + \frac{[\gamma_H \beta_H b_B \alpha_H + 2b_H \beta_H b_B \alpha_H + \alpha_H^2 \beta_H b_B + \delta_H \beta_H b_B \alpha_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& + \frac{\gamma_H b_H \delta_H + 3b_H^2 \delta_H + 2b_H \alpha_H \delta_H + 2b_H \delta_H^2 + b_H \gamma_H \delta_H + \alpha_H \gamma_H \delta_H + \delta_H^2 \gamma_H + \alpha_H \delta_H^2}{\beta_B} \\
& + \frac{[\gamma_H \beta_H b_B \delta_H + 2b_H \beta_H b_B \delta_H + \alpha_H \beta_H b_B \delta_H + \delta_H^2 \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& + \frac{\beta_H b_B \gamma_H b_H (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} + \frac{3b_H^2 \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& + \frac{2b_H \alpha_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} + \frac{2b_H \delta_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& + \frac{b_H \gamma_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} + \frac{\alpha_H \gamma_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} + \frac{\alpha_H \delta_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& + \frac{\delta_H \gamma_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& + \frac{[\gamma_H \beta_H^2 b_B^2 + 2b_H \beta_H^2 b_B^2 + \alpha_H \beta_H^2 b_B^2 + \delta_H \beta_H^2 b_B^2](\mathcal{R}_0 - 1)^2}{\beta_B^2} \\
& - \frac{b_H \alpha_H \gamma_H - b_H \delta_H \gamma_H - \gamma_H b_H^2 - b_H^2 \alpha_H - b_H^2 \delta_H - b_H^3 - \alpha_H \delta_H \gamma_H - \alpha_H \delta_H b_H}{\beta_B} \\
& - \frac{[\gamma_H \alpha_H \beta_H b_B + \gamma_H \delta_H \beta_H b_B + \gamma_H b_H \beta_H b_B + \alpha_H \beta_H b_B b_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
& - \frac{[\delta_H \beta_H b_B b_H + b_H^2 \beta_H b_B + \alpha_H \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B}.
\end{aligned}$$

Simplificando:

$$\begin{aligned}
\Delta_2 &= 3\gamma_H b_H^2 + 8b_H^3 + 5b_H^2 \alpha_H + 5b_H^2 \delta_H + 2b_H^2 \gamma_H + 2b_H \alpha_H \gamma_H + 2b_H \delta_H \gamma_H + 2b_H \alpha_H \delta_H \\
&\quad + \frac{[2b_H \gamma_H \beta_H b_B + 5b_H^2 \beta_H b_B + 2b_H \alpha_H \beta_H b_B + 2b_H \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{\gamma_H^2 b_H + 3b_H^2 \gamma_H + 2b_H \alpha_H \gamma_H + 2b_H \delta_H \gamma_H + b_H \gamma_H^3 + \alpha_H \gamma_H^2 + \delta_H \gamma_H^2}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{[\gamma_H^2 \beta_H b_B + 2b_H \beta_H b_B \gamma_H + \delta_H \beta_H b_B \gamma_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{\gamma_H b_H \alpha_H + 3b_H^2 \alpha_H + 2b_H \alpha_H^2 + 2b_H \delta_H \alpha_H + b_H \gamma_H \alpha_H + \alpha_H^2 \gamma_H + \delta_H \gamma_H \alpha_H + \alpha_H^2 \delta_H}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{[\gamma_H \beta_H b_B \alpha_H + 2b_H \beta_H b_B \alpha_H + \alpha_H^2 \beta_H b_B + \delta_H \beta_H b_B \alpha_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{\gamma_H b_H \delta_H + 3b_H^2 \delta_H + 2b_H \alpha_H \delta_H + 2b_H \delta_H^2 + b_H \gamma_H \delta_H + \alpha_H \gamma_H \delta_H + \delta_H^2 \gamma_H + \alpha_H \delta_H^2}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{[2b_H \beta_H b_B \delta_H + \alpha_H \beta_H b_B \delta_H + \delta_H^2 \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{\beta_H b_B \gamma_H b_H (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} + \frac{2b_H^2 \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{2b_H \alpha_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} + \frac{2b_H \delta_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{b_H \gamma_H^2 \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} + \frac{\alpha_H \gamma_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{\delta_H \gamma_H \beta_H b_B (\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{[\gamma_H \beta_H^2 b_B^2 + 2b_H \beta_H^2 b_B^2 + \alpha_H \beta_H^2 b_B^2 + \delta_H \beta_H^2 b_B^2](\mathcal{R}_0 - 1)^2}{\beta_B^2} \\
&> 0.
\end{aligned} \tag{5.96}$$

Por fim,

$$\begin{aligned}
\Delta_3 &= \begin{vmatrix} a_1 & a_0 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ 0 & 0 & a_3 \end{vmatrix} \\
&= a_3 \cdot \begin{vmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{vmatrix} \\
&= a_3 \cdot \Delta_2.
\end{aligned}$$

Da equação (5.96) tem-se que  $\Delta_2 > 0$ , por outro lado,

$$\begin{aligned}
a_3 &= b_H \alpha_H \gamma_H + b_H \delta_H \gamma_H + \gamma_H b_H^2 + b_H^2 \alpha_H + b_H^2 \delta_H + b_H^3 + \alpha_H \delta_H \gamma_H + \alpha_H \delta_H b_H \\
&\quad + \frac{[\gamma_H \alpha_H \beta_H b_B + \gamma_H \delta_H \beta_H b_B + \gamma_H b_H \beta_H b_B + \alpha_H \beta_H b_B b_H](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&\quad + \frac{[\delta_H \beta_H b_B b_H + b_H^2 \beta_H b_B + \alpha_H \delta_H \beta_H b_B](\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta_B} \\
&> 0.
\end{aligned}$$

ou seja, tem-se que

$$\Delta_3 > 0.$$

Dessa forma, como  $a_0, a_1, a_2$  e  $a_3$  possuem o mesmo sinal e  $\Delta_1, \Delta_2$  e  $\Delta_3$  são positivos, pelo critério de Hurwitz, dado pelo Teorema 4.23 polinômio  $r_2(\lambda)$ , dado em (5.95) é estável, ou seja, pela Definição 4.21, tem-se que tal polinômio possui todas as raízes com parte real negativa.

Agora, deve-se encontrar o polinômio  $q_2(\lambda)$ , calculando o determinante presente em (5.94).

$$\begin{aligned}
0 &= q_2(\lambda) \\
&= (b_B \mathcal{R}_0 + \lambda)(\alpha_B + b_B + \lambda) + \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0}(-\alpha_B) \\
&= b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 + b_B^2 \mathcal{R}_0 + b_B \mathcal{R}_0 \lambda + \alpha_B \lambda + b_B \lambda + \lambda^2 - \frac{\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0}
\end{aligned}$$

logo,

$$q_2(\lambda) = \lambda^2 + (b_B \mathcal{R}_0 + \alpha_B + b_B) \lambda + b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 + b_B^2 \mathcal{R}_0 - \frac{\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0}. \quad (5.97)$$

Calculando o discriminante  $\Delta$  da equação (5.97), obtém-se:

$$\begin{aligned}
\Delta &= (b_B \mathcal{R}_0 + \alpha_B + b_B)^2 - 4 \left( b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 + b_B^2 \mathcal{R}_0 - \frac{\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0} \right) \\
&= b_B^2 \mathcal{R}_0^2 + 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 + 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 - 4b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 4b_B^2 \mathcal{R}_0 + 4 \frac{\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0} \\
&= b_B^2 \mathcal{R}_0^2 - 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 + \frac{4\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0}.
\end{aligned}$$

Logo, as raízes de  $q_2(\lambda)$  (5.94) são dadas por:

$$\lambda = \frac{-(b_B \mathcal{R}_0 + \alpha_B + b_B) \pm \sqrt{b_B^2 \mathcal{R}_0^2 - 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 + \frac{4\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0}}}{2}.$$

Assim, o polinômio característico dado por  $q_2(\lambda)$  terá raízes com parte real negativa se:

**Caso (i):**

$$b_B^2 \mathcal{R}_0^2 - 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 + \frac{4\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0} < 0$$

assim,

$$\sqrt{b_B^2 \mathcal{R}_0^2 - 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 + \frac{4\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0}}$$

é um número complexo, portanto, a parte real da raiz de  $\lambda$  é dada por:

$$-(b_B \mathcal{R}_0 + \alpha_B + b_B) < 0$$

logo, o polinômio terá raiz com parte real negativa.

**Caso (ii):**

$$b_B^2 \mathcal{R}_0^2 - 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 + \frac{4\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0} \geq 0$$

Assim, deve-se calcular:

$$-(b_B \mathcal{R}_0 + \alpha_B + b_B) + \sqrt{b_B^2 \mathcal{R}_0^2 - 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 + \frac{4\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0}} < 0$$

ou seja,

$$\sqrt{b_B^2 \mathcal{R}_0^2 - 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 + \frac{4\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0}} < b_B \mathcal{R}_0 + \alpha_B + b_B. \quad (5.98)$$

Elevando ambos os membros de (5.98) ao quadrado, obtém-se:

$$b_B^2 \mathcal{R}_0^2 - 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 - 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2 + \frac{4\alpha_B \beta_B}{\mathcal{R}_0} < b_B^2 \mathcal{R}_0^2 + 2b_B \alpha_B \mathcal{R}_0 + 2b_B^2 \mathcal{R}_0 + \alpha_B^2 + 2\alpha_B b_B + b_B^2$$

logo,

$$-4b_B\alpha_B\mathcal{R}_0 - 4b_B^2\mathcal{R}_0 + \frac{4\alpha_B\beta_B}{\mathcal{R}_0} < 0$$

ou seja,

$$\begin{aligned} \frac{4\alpha_B\beta_B}{\mathcal{R}_0} &< 4b_B\alpha_B\mathcal{R}_0 + 4b_B^2\mathcal{R}_0 \\ \frac{\alpha_B\beta_B}{\mathcal{R}_0} &< \mathcal{R}_0(b_B\alpha_B + b_B^2) \end{aligned} \quad (5.99)$$

$$\begin{aligned} \alpha_B\beta_B &< (\mathcal{R}_0)^2[b_B(\alpha_B + b_B)] \\ \frac{\alpha_B\beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} &< (\mathcal{R}_0)^2. \end{aligned} \quad (5.100)$$

Como  $\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha_B\beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)}$ , e como considera-se o ponto de equilíbrio endêmico, ou seja  $\mathcal{R}_0 > 1$ , segue que a desigualdade (5.100) é verdadeira, pois:

$$\frac{\alpha_B\beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} < \left( \frac{\alpha_B\beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \right)^2. \quad (5.101)$$

Dessa forma, segue dos casos (i) e (ii) que se  $\mathcal{R}_0 > 1$ , o polinômio  $q_2(\lambda)$  (5.94) terá raízes com parte real negativa.

Portanto, o polinômio característico da matriz jacobiana do sistema (5.21), aplicando-se o ponto endêmico, que é dado por  $p_2(\lambda)$  possui todas as raízes com parte real negativa. Logo, pelo Teorema 4.25, o ponto de equilíbrio dado por  $x_e^* = (S_B^*, I_B^*, S_H^*, I_H^*, R_H^*)$  é localmente assintoticamente estável quando  $\mathcal{R}_0 > 1$ . ■

**Observação 5.6** Note que quando se está em equilíbrio, em  $\mathcal{R}_0 = 1$ , tem-se que:

$$\begin{aligned} \mathcal{R}_0 &= \frac{\alpha_B\beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \\ &= \frac{1}{S_B^*}. \end{aligned}$$

O que condiz com o definido em (5.78).

#### 5.4 Estabilidade global do ponto de equilíbrio livre da doença

Nesta seção, será analisada a estabilidade global do ponto de equilíbrio livre da doença.

**Teorema 5.7** *Se  $\mathcal{R}_0 < 1$  o ponto de equilíbrio livre da doença  $x_e^0 = (1, 0, 1, 0, 0)$  é globalmente assintoticamente estável.*

##### Demonstração:

Inicialmente será feita uma mudança de variáveis no sistema (5.21), dada por:

$$\begin{cases} X_B(t) = 1 - S_B(t) \\ X_H(t) = 1 - S_H(t) \end{cases}$$

logo, tem-se que:

$$\begin{cases} S_B(t) = 1 - X_B(t) \\ X'_B(t) = -S'_B(t) \\ S_H(t) = 1 - X_H(t) \\ X'_H(t) = -S'_H(t) \end{cases}.$$

Substituindo no sistema (5.21):

$$\begin{cases} X'_B = -b_B X_B + \beta_B I_B (1 - X_B) \\ I'_B = \alpha_B X_B - (\alpha_B + b_B) I_B \\ X'_H = -b_H X_H + \beta_H I_B (1 - X_H) - \gamma_H R_H \\ I'_H = \alpha_H (X_H - I_H - R_H) - (\delta_H + b_H) I_H \\ R'_H = \delta_H I_H - (\gamma_H + b_H) R_H \end{cases} \quad (5.102)$$

Por outro lado, note que o ponto de equilíbrio livre da doença,  $E^0 = (X_B, I_B, X_H, I_H, R_H)$  se torna  $E^0 = (0, 0, 0, 0, 0)$ .

Seja  $\Omega = \{(S_B, I_B, S_H, I_H, R_H) \in \mathbb{R}^5; 0 \leq S_B, I_B, S_H, I_H, R_H \leq 1\}$  sejam  $c$  e  $m$  constantes reais positivas a serem definidas posteriormente.

Defina  $U : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ , dada por:

$$U(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) = (\alpha_B + b_B + 1)X_B + \left(\beta_B + \frac{b_B}{\alpha_B}\right)I_B + \frac{m}{\beta_H}X_H + cI_H + cR_H. \quad (5.103)$$

Note que a função  $U(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H)$ , definida em (5.103), é uma função de Lyapunov.

Para isso, deve-se mostrar que tal função satisfaz duas condições:

*Condição (i):*

Deve-se mostrar que  $U(0, 0, 0, 0, 0) = 0$  e  $U(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) > 0$ , para todo  $(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) \in \Omega \setminus \{(0, 0, 0, 0, 0)\}$ .

De fato, pois:

$$\begin{aligned} U(0,0,0,0,0) &= (\alpha_B + b_B + 1) \cdot 0 + \left(\beta_B + \frac{b_B}{\alpha_B}\right) \cdot 0 \\ &\quad + \frac{m}{\beta_H} \cdot 0 + c \cdot 0 + c \cdot 0 \\ &= 0, \end{aligned}$$

e

$$\begin{aligned} U(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) &= (\alpha_B + b_B + 1)X_B + \left(\beta_B + \frac{b_B}{\alpha_B}\right)I_B \\ &\quad + \frac{m}{\beta_H}X_H + cI_H + cR_H \\ &> 0 \quad \forall (X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) \in \Omega \setminus \{(0,0,0,0,0)\}. \end{aligned}$$

*Condição (ii):*

Deve-se mostrar que  $U'(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) < 0 \quad \forall (X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) \in \Omega$ .

Note que:

$$\begin{aligned} U'(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) &= \langle \nabla(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H), F(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) \rangle \\ &= (\alpha_B + b_B + 1)X'_B + \left(\beta_B + \frac{b_B}{\alpha_B}\right)I'_B + \frac{m}{\beta_H}X'_H + cI'_H + cR'_H \end{aligned}$$



assim,

$$\begin{aligned}
U'(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) &= (\alpha_B + b_B + 1)[-b_B X_B + \beta_B I_B(1 - X_B)] \\
&+ \left( \beta_B + \frac{b_B}{\alpha_B} \right) [\alpha_B X_B - (\alpha_B + b_B) I_B] \\
&+ \frac{m}{\beta_H} [-b_H X_H + \beta_H I_B(1 - X_H) - \gamma_H R_H] \\
&+ c[\alpha_H(X_H - I_H - R_H) - (\delta_H + b_H) I_H] \\
&+ c[\delta_H I_H - (\gamma_H + b_H) R_H] \\
&= (\alpha_B + b_B)[-b_B X_B + \beta_B I_B(1 - X_B)] \\
&+ [-b_B X_B + \beta_B I_B(1 - X_B)] \\
&+ \beta_B [\alpha_B X_B - (\alpha_B + b_B) I_B] + \frac{b_B}{\alpha_B} [\alpha_B X_B - (\alpha_B + b_B) I_B] \\
&+ \frac{m}{\beta_H} [-b_H X_H + \beta_H I_B(1 - X_H) - \gamma_H R_H] \\
&+ c[\alpha_H(X_H - I_H - R_H) - (\delta_H + b_H) I_H] \\
&+ c[\delta_H I_H - (\gamma_H + b_H) R_H] \\
&= X_B [-b_B(\alpha_B + b_B) + \beta_B \alpha_B] \\
&+ I_B [(\alpha_B + b_B)\beta_B(1 - X_B) - (\alpha_B + b_B)\beta_B] \\
&- b_B X_B + \beta_B I_B(1 - X_B) + \frac{b_B}{\alpha_B} [\alpha_B X_B - (\alpha_B + b_B) I_B] \\
&+ \frac{m}{\beta_H} [-b_H X_H + \beta_H I_B(1 - X_H) - \gamma_H R_H] \\
&+ c[\alpha_H(X_H - I_H - R_H) - (\delta_H + b_H) I_H] \\
&+ c[\delta_H I_H - (\gamma_H + b_H) R_H].
\end{aligned}$$

Assim,

$$\begin{aligned}
U'(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) &= X_B b_B (\alpha_B + b_B) [\mathcal{R}_0 - 1] \\
&+ I_B [-(\alpha_B + b_B)\beta_B X_B] \\
&- b_B X_B + \beta_B I_B(1 - X_B) + b_B X_B \\
&- \frac{b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B} I_B + \frac{m}{\beta_H} \beta_H I_B(1 - X_H) \\
&+ X_H \left[ -\frac{m}{\beta_H} b_H + c\alpha_H \right] \\
&+ I_H [-c\alpha_H - cb_H] \\
&+ R_H \left[ -\frac{m}{\beta_H} \gamma_H - c\alpha_H - c(\gamma_H + b_H) \right]
\end{aligned}$$

ou seja,

$$\begin{aligned}
U'(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) &= X_B b_B (\alpha_B + b_B) [\mathcal{R}_0 - 1] \\
&+ I_B [-(\alpha_B + b_B) \beta_B X_B] \\
&+ I_B [-\beta_B X_B - m X_H] \\
&+ I_B \left[ \beta_B - \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0} + m \right] \\
&+ X_H \left[ -\frac{m}{\beta_H} b_H + c \alpha_H \right] \\
&+ I_H [-c \alpha_H - c b_H] \\
&+ R_H \left[ -\frac{m}{\beta_H} \gamma_H - c \alpha_H - c(\gamma_H + b_H) \right].
\end{aligned}$$

Agora, tomando  $0 < m < \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0} - \beta_B$ , e  $0 < c < \frac{m}{\alpha_H \beta_H}$ . Tem-se que:

$$\begin{aligned}
U'(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) &= X_B b_B (\alpha_B + b_B) \underbrace{[\mathcal{R}_0 - 1]}_{<0} \\
&+ I_B \underbrace{[-(\alpha_B + b_B) \beta_B X_B]}_{<0} \\
&+ I_B \underbrace{[-\beta_B X_B - m X_H]}_{<0} \\
&+ I_B \underbrace{\left[ \beta_B - \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0} + m \right]}_{<0} \\
&+ X_H \underbrace{\left[ -\frac{m}{\beta_H} b_H + c \alpha_H \right]}_{<0} \\
&+ I_H \underbrace{[-c \alpha_H - c b_H]}_{<0} \\
&+ R_H \underbrace{\left[ -\frac{m}{\beta_H} \gamma_H - c \alpha_H - c(\gamma_H + b_H) \right]}_{<0} \\
&\leq 0.
\end{aligned}$$

Mais ainda, note que  $U'(X_B, I_B, R_H, I_H, R_H) = 0$  se, e somente se,

$$(X_B, I_B, R_H, I_H, R_H) = (0, 0, 0, 0, 0).$$

que coincide com o ponto de equilíbrio livre da doença para o sistema (5.102). Assim, segue de

(5.104) que a função definida em (5.103) é tal que sua derivada é

$$U'(x) = U'(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) < 0 \quad \forall (X_B, I_B, X_H, I_H, R_H) \neq (0,0,0,0,0).$$

Portanto, tem-se que  $U(X_B, I_B, X_H, I_H, R_H)$  dada em (5.103) é uma função de Lyapunov estrita, definida em 4.26. E pelo princípio da Invariância de La Salle, Teorema 4.29, tem-se que o ponto de equilíbrio livre da doença é globalmente assintoticamente estável quando  $\mathcal{R}_0 < 1$ .

■

**Observação 5.8** *Leon (2016) traz candidatas a funções de Lyapunov para cada modelo epidêmico usando combinações adequadas das seguintes funções:*

$$1. L(x_1, x_2, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n c_i \left( x_i - x_i^* - x_i^* \ln \frac{x_i}{x_i^*} \right)$$

$$2. V(x_1, x_2, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n \frac{c_i}{2} (x_i - x_i^*)^2$$

$$3. W(x_1, x_2, \dots, x_n) = \frac{c}{2} \left[ \sum_{i=1}^n (x_i - x_i^*)^2 \right]$$

*Foram realizadas algumas tentativas até encontrar a função  $U(x)$  dada em (5.103), para que tal função fosse uma função de Lyapunov. Realizou-se também diversas tentativas considerando as candidatas descritas para encontrar uma função de Lyapunov para o ponto de equilíbrio endêmico, mas não obteve-se sucesso.*

## 6 ANÁLISE DE SENSIBILIDADE

A análise de sensibilidade possibilita determinar com quais parâmetros uma variável, que depende diferencialmente dos mesmos, possui maior sensibilidade, o que permite mudar o comportamento qualitativo das soluções. Dessa forma, o conhecimento dos parâmetros que causam maiores mudanças possibilitam melhorar as formas de controle de uma epidemia.

Chitnis, Hyman e Cushing (2008), definem o índice de sensibilidade como:

**Definição 6.1** *O índice de sensibilidade normalizado para frente, da variável  $\mu$ , que depende diferencialmente do parâmetro  $p$  é definido como:*

$$\Gamma_p^\mu := \frac{\partial \mu}{\partial p} \cdot \frac{p}{\mu}.$$

Tem-se ainda as relações presentes na Tabela 1

Tabela 1 – Análise de sensibilidade da variável  $\mu$  em relação ao parâmetro  $p$ , do qual depende diferencialmente.

Impacto dos parâmetros	Valor de referência
Baixo impacto	$\Gamma_p^\mu < 0,4$
Médio impacto	$0,4 \leq \Gamma_p^\mu \leq 0,5$
Alto impacto	$0,5 < \Gamma_p^\mu$

Fonte: elaborado pela autora.

Além disso, valores positivos indicam que a variável  $\mu$  é diretamente proporcional ao parâmetro  $p$ , enquanto valores negativos indica que são inversamente proporcionais.

Dessa forma, deve-se calcular qual o índice de sensibilidade para cada um dos parâmetros presentes no modelo, sendo o  $\mathcal{R}_0$  definido em (5.89).

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha_B \beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)}.$$

Note que como  $\mathcal{R}_0$  depende apenas dos parâmetros  $\alpha_B$ ,  $\beta_B$ ,  $b_B$ , deve-se calcular os índices de sensibilidade para esses parâmetros, tendo em vista que  $\frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial p} = 0$  para os demais parâmetros.

Primeiramente, calculando o índice de sensibilidade de  $\mathcal{R}_0$  com relação ao parâmetro  $b_B$ .

Tem-se que:

$$\begin{aligned}
\Gamma_{b_B}^{\mathcal{R}_0} &= \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial b_B} \cdot \frac{b_B}{\mathcal{R}_0} \\
&= \frac{\partial}{\partial b_B} \left( \frac{\alpha_B \beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \right) \cdot \frac{b_B}{\mathcal{R}_0} \\
&= (\alpha_B \beta_B) \left( \frac{-(\alpha_B + 2b_B)}{b_B^2(\alpha_B + b_B)^2} \right) \cdot \frac{b_B}{\mathcal{R}_0} \\
&= (\alpha_B \beta_B) \left( \frac{-(\alpha_B + 2b_B)}{b_B(\alpha_B + b_B)^2} \right) \cdot \left( \frac{b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B \beta_B} \right) \\
&= \left( \frac{-(\alpha_B + 2b_B)}{b_B(\alpha_B + b_B)^2} \right) \cdot (b_B(\alpha_B + b_B)) \\
&= -\frac{(\alpha_B + 2b_B)}{\alpha_B + b_B}.
\end{aligned}$$

Note que independente do valor dos parâmetros  $\alpha_B$  e  $b_B$ , o valor de  $\Gamma_{b_B}^{\mathcal{R}_0}$  será negativo, portanto o parâmetro  $b_B$  não impacta diretamente  $\mathcal{R}_0$ . Na seção 8 serão apresentados os valores para cada um dos parâmetros presentes no trabalho de (ABAKAR et al., 2017), na Tabela 4. Considerando tais valores, tem-se  $b_B = 0,177$ ,  $\alpha_B = 1,083$ . Portanto:

$$\begin{aligned}
\Gamma_{b_B}^{\mathcal{R}_0} &= -\frac{\alpha_B + 2b_B}{\alpha_B + b_B} \\
&= -1,140476.
\end{aligned}$$

Ou seja,  $b_B$  tem um baixo impacto em  $\mathcal{R}_0$  e além disso,  $\mathcal{R}_0$  é inversamente proporcional ao parâmetro  $b_B$ .

Agora, calculando o índice de sensibilidade de  $\mathcal{R}_0$  com relação ao parâmetro  $\alpha_B$ :

$$\begin{aligned}
\Gamma_{\alpha_B}^{\mathcal{R}_0} &= \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \alpha_B} \cdot \frac{\alpha_B}{\mathcal{R}_0} \\
&= \frac{\partial}{\partial \alpha_B} \left( \frac{\alpha_B \beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \right) \cdot \frac{\alpha_B}{\mathcal{R}_0} \\
&= \left( \frac{b_B(\alpha_B + b_B)\beta_B - \alpha_B \beta_B b_B}{b_B^2(\alpha_B + b_B)^2} \right) \left( \frac{\alpha_B b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B \beta_B} \right) \\
&= \frac{b_B(\alpha_B + b_B) - \alpha_B b_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \\
&= \frac{b_B}{\alpha_B + b_B}.
\end{aligned}$$

Dessa forma, se  $\alpha_B < b_B$ , então  $\alpha_B + b_B < 2b_B$ , logo  $\frac{1}{2} < \frac{b_B}{\alpha_B + b_B} = \Gamma_{\alpha_B}^{\mathcal{R}_0}$ . Portanto, se  $\alpha_B < b_B$ , segue que o parâmetro  $\alpha_B$  terá um alto impacto em  $\mathcal{R}_0$ .

Usando os valores descritos em Abakar et al. (2017) (Tabela 4), tem-se que:

$$\begin{aligned}\Gamma_{\alpha_B}^{\mathcal{R}_0} &= \frac{b_B(\alpha_B + b_B) - \alpha_B b_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \\ &= 0,1404762.\end{aligned}\quad (6.1)$$

Ou seja, segundo os dados, o parâmetro  $\alpha_B$  terá um baixo impacto sobre a taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$ .

Por fim, calculando o índice de sensibilidade do parâmetro  $\beta_B$

$$\begin{aligned}\Gamma_{\beta_B}^{\mathcal{R}_0} &= \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \beta_B} \cdot \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0} \\ &= \frac{\partial}{\partial \beta_B} \left( \frac{\alpha_B \beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \right) \cdot \frac{\beta_B}{\mathcal{R}_0} \\ &= \left( \frac{\alpha_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \right) \cdot \left( \frac{\beta_B b_B(\alpha_B + b_B)}{\alpha_B \beta_B} \right) \\ &= 1.\end{aligned}$$

Portanto, independente dos valores dos parâmetros,  $\beta_B$  terá um alto impacto em  $\mathcal{R}_0$ .

Em resumo, na Tabela 2 tem-se o índice de sensibilidade de cada um dos parâmetros.

Tabela 2 – Índices de sensibilidade da razão de reprodução básica em relação a cada um dos parâmetros presentes no modelo.

Parâmetros	Representação	Índice de Sensibilidade
Natalidade bovina	$b_B$	-1,140476
Transmissão entre bovinos	$\beta_B$	1
Período de incubação bovina	$\alpha_B$	0,1404762
Natalidade humana	$b_H$	0
Transmissão de bovinos para humanos	$\beta_H$	0
Período de incubação humana	$\alpha_H$	0
Sucesso no tratamento	$\delta_H$	0
Perda de imunidade temporária	$\gamma_H$	0

Fonte: elaborado pela autora.

Note que o parâmetro  $b_B$  é inversamente proporcional a  $\mathcal{R}_0$ , tendo um baixo impacto,  $\alpha_B$  apesar de ser considerado diretamente proporcional também possui um baixo impacto. E o parâmetro  $\beta_B$  é diretamente proporcional a  $\mathcal{R}_0$  e possui um alto impacto no comportamento qualitativo das soluções. Portanto, para um controle da Tuberculose Bovina, é necessário controlar a taxa de infecção entre bovinos.

## 7 MODELO PARA POPULAÇÃO DE BOVINOS NÃO CONSTANTE

Foi realizada uma adaptação no modelo proposto para a Tuberculose Bovina para que a população de bovinos fosse não constante. Para isso foram consideradas algumas condições:

- $b_B - \mu_B < 0$ : a taxa de mortalidade é maior do que a taxa de natalidade entre bovinos, pois nessa adaptação será considerada a mortalidade tanto pela doença ou outras causas naturais e também o abate para consumo.
- $\xi$ : trata-se de uma quantidade de animais que será recrutada de fontes exteriores.
- $N_B(0) \cdot (b_B - \mu_B) + \xi \geq 0$ : condição imposta para que o sistema seja bem posto.
- As equações de cada subpopulação não foram divididas pelas populações totais ( $N_B$  e  $N_H$ ), isto é, não foi realizada a mudança de variável presente em (5.18).

Com tais alterações o sistema adaptado se torna:

$$\left\{ \begin{array}{l} \bar{S}'_B = \xi + b_B N_B - \beta_B \bar{S}_B \frac{\bar{I}_B}{N_B} - \mu_B \bar{S}_B \\ \bar{L}'_B = \beta_B \bar{S}_B \frac{\bar{I}_B}{N_B} - (\alpha_B + \mu_B) \bar{L}_B \\ \bar{I}'_B = \alpha_B \bar{L}_B - \mu_B \bar{I}_B \\ \bar{S}'_H = b_H (N_H - \bar{S}_H) - \beta_H \bar{S}_H \frac{\bar{I}_B}{N_B} + \gamma_H \bar{R}_H \\ \bar{L}'_H = \beta_H \bar{S}_H \frac{\bar{I}_B}{N_B} - (\alpha_H + b_H) \bar{L}_H \\ \bar{I}'_H = \alpha_H \bar{L}_H - (\delta_H + b_H) \bar{I}_H \\ \bar{R}'_H = \delta_H \bar{I}_H - (\gamma_H + b_H) \bar{R}_H \end{array} \right. \quad (7.1)$$

Note que

$$\begin{aligned} N'_B &= S'_B + L'_B + I'_B \\ &= \xi + b_B N_B - \beta_B \bar{S}_B \frac{\bar{I}_B}{N_B} - \mu_B \bar{S}_B + \beta_B \bar{S}_B \frac{\bar{I}_B}{N_B} - (\alpha_B + \mu_B) \bar{L}_B + \alpha_B \bar{L}_B - \mu_B \bar{I}_B \\ &= \xi + b_B N_B - \mu_B N_B \end{aligned}$$

**Observação 7.1** No ponto de equilíbrio, temos que a população de bovinos é constante, assim sendo,  $N'_B(t) = 0$ .

$$\begin{aligned} 0 &= \xi + (b_B - \mu_B)N_B^e \\ N_B^e &= \frac{-\xi}{b_B - \mu_B} \\ &= \frac{\xi}{\mu_B - b_B} \end{aligned} \quad (7.2)$$

portanto, no ponto de equilíbrio tem-se que a população total de bovinos é  $N_B^e = \frac{\xi}{\mu_B - b_B}$ .

Assim, os pontos de equilíbrio são dados por:

$$\left\{ \begin{array}{l} \xi + b_B N_B^e - \beta_B \bar{S}_B^e \frac{\bar{I}_B^e}{N_B^e} - \mu_B \bar{S}_B^e = 0 \end{array} \right. \quad (7.3)$$

$$\beta_B \bar{S}_B^e \frac{\bar{I}_B^e}{N_B^e} - (\alpha_B + \mu_B) \bar{L}_B^e = 0 \quad (7.4)$$

$$\alpha_B \bar{L}_B^e - \mu_B \bar{I}_B^e = 0 \quad (7.5)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} b_H(N_H^e - \bar{S}_H^e) - \beta_H \bar{S}_H^e \frac{\bar{I}_B^e}{N_B^e} + \gamma_H \bar{R}_H^e = 0 \end{array} \right. \quad (7.6)$$

$$\beta_H \bar{S}_H^e \frac{\bar{I}_B^e}{N_B^e} - (\alpha_H + b_H) \bar{L}_H^e = 0 \quad (7.7)$$

$$\alpha_H \bar{L}_H^e - (\delta_H + b_H) \bar{I}_H^e = 0 \quad (7.8)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \delta_H \bar{I}_H^e - (\gamma_H + b_H) \bar{R}_H^e = 0 \end{array} \right. \quad (7.9)$$

Dessa forma, isolando o termo  $\bar{L}_B^e$  em (7.4), obtém-se

$$\begin{aligned} \alpha_B \bar{L}_B^e - \mu_B \bar{I}_B^e &= 0 \\ \bar{L}_B^e &= \frac{\mu_B \bar{I}_B^e}{\alpha_B} \end{aligned} \quad (7.10)$$

substituindo a expressão encontrada em (7.10) para  $\bar{L}_B^e$  na equação (7.4), tem-se:

$$\begin{aligned} \beta_B \bar{S}_B^e \frac{\bar{I}_B^e}{N_B^e} - (\alpha_B + \mu_B) \frac{\mu_B \bar{I}_B^e}{\alpha_B} &= 0 \\ \bar{I}_B^e \left[ \beta_B \frac{\bar{S}_B^e}{N_B^e} - \frac{(\alpha_B + \mu_B) \mu_B}{\alpha_B} \right] &= 0. \end{aligned} \quad (7.11)$$

Assim, os pontos de equilíbrio são dados por  $I_B^0 = 0$ , denominado ponto de equilíbrio livre da doença ou  $\left[ \beta_B \frac{\bar{S}_B^e}{N_B^e} - \frac{(\alpha_B + \mu_B) \mu_B}{\alpha_B} \right] = 0$ , denominado ponto de equilíbrio endêmico.



## 7.1 Ponto de equilíbrio livre da doença

Primeiramente, considerando  $I_B^0 = 0$  o ponto de equilíbrio é dado pelas expressões (7.12)-(7.18).

$$\left\{ \begin{array}{l} \xi + b_B N_B^e - \mu_B \bar{S}_B^0 = 0 \\ -(\alpha_B + \mu_B) \bar{L}_B^0 = 0 \\ \alpha_B \bar{L}_B^0 = 0 \\ b_H(N_H - \bar{S}_H^0) + \gamma_H \bar{R}_H^0 = 0 \\ -(\alpha_H + b_H) \bar{L}_H^0 = 0 \\ \alpha_H \bar{L}_H^0 - (\delta_H + b_H) \bar{I}_H^0 = 0 \\ \delta_H \bar{I}_H^0 - (\gamma_H + b_H) \bar{R}_H^0 = 0 \end{array} \right. \quad \begin{array}{l} (7.12) \\ (7.13) \\ (7.14) \\ (7.15) \\ (7.16) \\ (7.17) \\ (7.18) \end{array}$$

Assim, de acordo com as equações (7.13) e (7.14), segue que  $\bar{L}_B^0 = 0$ , já que  $\alpha_B$  e  $\mu_B$  são diferentes de zero. Isolando o termo  $\bar{S}_B^0$  em (7.12) tem-se:

$$\bar{S}_B^0 = \frac{\xi + b_B N_B^e}{\mu_B}. \quad (7.19)$$

Já considerando a equação (7.16) temos que  $\bar{L}_H^0 = 0$ , tendo em vista que  $(\alpha_H + b_H) \neq 0$ .

Logo, tem-se:

$$\left\{ \begin{array}{l} \bar{S}_B^0 = \frac{\xi + b_B N_B^e}{\mu_B} \\ \bar{L}_B^0 = 0 \\ \bar{I}_B^0 = 0 \\ b_H(N_H - \bar{S}_H^0) + \gamma_H \bar{R}_H^0 = 0 \\ \bar{L}_H^0 = 0 \\ -(\delta_H + b_H) \bar{I}_H^0 = 0 \\ \delta_H \bar{I}_H^0 - (\gamma_H + b_H) \bar{R}_H^0 = 0 \end{array} \right. \quad \begin{array}{l} (7.20) \\ (7.21) \\ (7.22) \\ (7.23) \\ (7.24) \\ (7.25) \\ (7.26) \end{array}$$

Ou seja, segue de (7.25) e (7.26) que  $\bar{I}_H^0 = 0$  e  $\bar{R}_H^0 = 0$ , respectivamente, e por fim,

isolando o termo  $\bar{S}_H^0$  em (7.23), tem-se

$$\begin{aligned} b_H(N_H - \bar{S}_H^0) &= 0. \\ \bar{S}_H^0 &= N_H \end{aligned} \quad (7.27)$$

Portanto, o ponto de equilíbrio livre da doença do sistema (7.1) é dado por:

$$x_{e1}^0 = (\bar{S}_B^0, \bar{L}_B^0, \bar{I}_B^0, \bar{S}_H^0, \bar{L}_H^0, \bar{I}_H^0, \bar{R}_H^0) = \left( \frac{\xi + b_B N_B^e}{\mu_B}, 0, 0, N_H, 0, 0, 0 \right) \quad (7.28)$$

## 7.2 Ponto de equilíbrio endêmico

Agora, considera-se  $\left[ \beta_B \frac{\bar{S}_B^*}{N_B^e} - \frac{(\alpha_B + \mu_B)\mu_B}{\alpha_B} \right] = 0$ . Portanto, tem-se que:

$$\bar{S}_B^* = \frac{(\alpha_B + \mu_B)\mu_B \cdot N_B^e}{\alpha_B \beta_B} \quad (7.29)$$

Assim, tem-se que o ponto de equilíbrio é dado por:

$$\left\{ \begin{aligned} \xi + b_B N_B^e - \beta_B \frac{\bar{I}_B^*}{N_B^e} \cdot \bar{S}_B^* - \mu_B \bar{S}_B^* &= 0 & (7.30) \\ \beta_B \frac{\bar{I}_B^*}{N_B^e} \cdot \bar{S}_B^* - (\alpha_B + \mu_B) \bar{L}_B^* &= 0 & (7.31) \\ \alpha_B \bar{L}_B^* - \mu_B \bar{I}_B^* &= 0 & (7.32) \\ b_H(N_H - \bar{S}_H^*) - \beta_H \bar{S}_H^* \frac{\bar{I}_B^*}{N_B^e} + \gamma_H \bar{R}_H^* &= 0 & (7.33) \\ \beta_H \bar{S}_H^* \frac{\bar{I}_B^*}{N_B^e} - (\alpha_H + b_H) \bar{L}_H^* &= 0 & (7.34) \\ \alpha_H \bar{L}_H^* - (\delta_H + b_H) \bar{I}_H^* &= 0 & (7.35) \\ \delta_H \bar{I}_H^* - (\gamma_H + b_H) \bar{R}_H^* &= 0 & (7.36) \end{aligned} \right.$$

Assim, de (7.30) obtém-se  $\bar{I}_B^*$

$$\xi + b_B N_B^e - \bar{I}_B^* \frac{\beta_B \bar{S}_B^*}{N_B^e} - \mu_B \bar{S}_B^* = 0$$

ou seja,

$$\begin{aligned}
-\bar{I}_B^* \frac{\beta_B \bar{S}_B^*}{N_B^e} &= -(\xi + b_B N_B^e) + \mu_B \bar{S}_B^* \\
-\bar{I}_B^* &= [-(\xi + b_B N_B^e) + \mu_B \bar{S}_B^*] \cdot \frac{N_B^e}{\beta_B \bar{S}_B^*} \\
\bar{I}_B^* &= \frac{(\xi + b_B N_B^e - \mu_B \bar{S}_B^*) N_B^e}{\beta_B \bar{S}_B^*}.
\end{aligned} \tag{7.37}$$

De (7.32) obtém-se  $\bar{L}_B^*$ , dependendo do valor de  $\bar{I}_B^*$ :

$$\bar{L}_B^* = \frac{\mu_B}{\alpha_B} \bar{I}_B^*. \tag{7.38}$$

Isolando o termo  $\bar{L}_H^*$  e  $\bar{R}_H^*$  em (7.35) e (7.36), respectivamente, obtemos:

$$\bar{L}_H^* = \frac{(\delta_H + b_H)}{\alpha_H} \bar{I}_H^* \tag{7.39}$$

$$\bar{R}_H^* = \frac{\delta_H}{(\gamma_H + b_H)} \bar{I}_H^*. \tag{7.40}$$

Substituindo a expressão encontrada para  $\bar{L}_H^*$  (7.39) em (7.34), tem-se

$$\begin{aligned}
\beta_H \bar{S}_H^* \frac{\bar{I}_B^*}{N_B^e} - (\alpha_H + b_H) \frac{(\delta_H + b_H)}{\alpha_H} \bar{I}_H^* &= 0 \\
\bar{S}_H^* \frac{\beta_H \bar{I}_B^*}{N_B^e} &= \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)}{\alpha_H} \bar{I}_H^* \\
\bar{S}_H^* &= \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)}{\alpha_H} \bar{I}_H^* \cdot \frac{N_B^e}{\beta_H \bar{I}_B^*} \\
\bar{S}_H^* &= \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H) N_B^e}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*} \bar{I}_H^*.
\end{aligned} \tag{7.41}$$

Agora, substituindo as expressões encontradas para  $\bar{S}_H^*$  (7.41) e  $\bar{R}_H^*$  (7.40) em (7.33), tem-se  $\bar{I}_H^*$ .

$$\begin{aligned}
&b_H \left( N_H^* - \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H) N_B^e}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*} \bar{I}_H^* \right) \\
-\beta_H \frac{\bar{I}_B^*}{N_B^e} \cdot \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H) N_B^e}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*} \bar{I}_H^* + \gamma_H \frac{\delta_H}{(\gamma_H + b_H)} \bar{I}_H^* &= 0 \\
&b_H \left( N_H^* - \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H) N_B^e}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*} \bar{I}_H^* \right) \\
-\frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)}{\alpha_H} \bar{I}_H^* + \frac{\gamma_H \delta_H}{(\gamma_H + b_H)} \bar{I}_H^* &= 0.
\end{aligned} \tag{7.42}$$

Logo, isolando  $\bar{I}_H^*$  em (7.42), tem-se

$$\begin{aligned}
& -\frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)b_H N_B^e}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*} \bar{I}_H^* - \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)}{\alpha_H} \bar{I}_H^* + \frac{\gamma_H \delta_H}{(\gamma_H + b_H)} \bar{I}_H^* = -b_H N_H^* \\
& \bar{I}_H^* \left[ -\frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)b_H N_B^e}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*} - \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)}{\alpha_H} + \frac{\gamma_H \delta_H}{(\gamma_H + b_H)} \right] = -b_H N_H^* \\
& \bar{I}_H^* \cdot \left[ \frac{-(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)b_H N_B^e (\gamma_H + b_H)}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^* (\gamma_H + b_H)} \right. \\
& \quad \left. - \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H) \beta_H \bar{I}_B^* (\gamma_H + b_H)}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^* (\gamma_H + b_H)} + \frac{\gamma_H \delta_H \alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^* (\gamma_H + b_H)} \right] \\
& = -b_H N_H^* \tag{7.43}
\end{aligned}$$

assim, seja  $\eta$  definida como em (7.44):

$$\begin{aligned}
\eta & = \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H)b_H N_B^e (\gamma_H + b_H)}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^* (\gamma_H + b_H)} \\
& \quad + \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H) \beta_H \bar{I}_B^* (\gamma_H + b_H)}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^* (\gamma_H + b_H)} - \frac{\gamma_H \delta_H \alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^* (\gamma_H + b_H)}. \tag{7.44}
\end{aligned}$$

logo, podemos escrever  $\bar{I}_H^*$  como:

$$\bar{I}_H^* = \frac{b_H N_H^*}{\eta}.$$

Assim, o ponto de equilíbrio endêmico é dado por  $x_{e1}^* = (\bar{S}_B^*, \bar{L}_B^*, \bar{I}_B^*, \bar{S}_H^*, \bar{L}_H^*, \bar{I}_H^*, \bar{R}_H^*)$  (7.45).

$$\left\{ \begin{array}{l}
\bar{S}_B = \frac{(\alpha_B + \mu_B) \mu_B N_B^e}{\alpha_B \beta_B} \\
\bar{L}_B^* = \frac{\mu_B}{\alpha_B} \bar{I}_B^* \\
\bar{I}_B^* = \frac{(\xi + b_B N_B^e - \mu_B \bar{S}_B^*) N_B^e}{\beta_B \bar{S}_B^*} \\
\bar{S}_H^* = \frac{(\alpha_H + b_H)(\delta_H + b_H) N_B^e}{\alpha_H \beta_H \bar{I}_B^*} \bar{I}_H^* \\
\bar{L}_H^* = (\delta_H + b_H) \\
\bar{I}_H^* = \frac{\alpha_H}{b_H N_H^*} \\
\bar{R}_H^* = \frac{\eta}{\delta_H} \bar{I}_H^*
\end{array} \right. \tag{7.45}$$

Sendo  $\eta$  definida em (7.44) e  $N_B^e$  em (7.2). Dessa forma pode-se enunciar o seguinte resultado:

**Teorema 7.2** *O sistema (7.1) definido na região*

$$\Omega = \left\{ (S_B, L_B, I_B, S_H, I_H, R_H) : 0 \leq S_B + L_B + I_B \leq \frac{\xi}{\mu_B - b_B}, 0 \leq S_H + I_H + R_H \leq N_H \right\}$$

*possui um único ponto de equilíbrio livre da doença  $x_{e1}^0$  7.28 e um único ponto de equilíbrio endêmico  $x_{e1}^*$  (7.45).*

### 7.3 Estabilidade Local do ponto de equilíbrio livre da doença

Primeiramente, note que a população de humanos  $N_H$  é constante, assim,  $N_H' = 0$ , portanto, podemos escrever  $\bar{L}_H'$  como combinação linear das demais subpopulações, pois

$$\bar{L}_H' = -(\bar{S}_H' + \bar{I}_H' + \bar{R}_H')$$

Portanto, o sistema (7.1) de ser reescrito:

$$\left\{ \begin{array}{l} S_B' = \xi + b_B(\bar{S}_B + \bar{L}_B + \bar{I}_B) - \beta_B \bar{S}_B \frac{\bar{I}_B}{(\bar{S}_B + \bar{L}_B + \bar{I}_B)} - \mu_B \bar{S}_B \\ L_B' = \beta_B \bar{S}_B \frac{\bar{I}_B}{(\bar{S}_B + \bar{L}_B + \bar{I}_B)} - (\alpha_B + \mu_B) \bar{L}_B \\ I_B' = \alpha_B \bar{L}_B - \mu_B \bar{I}_B \\ S_H' = b_H(N_H - \bar{S}_H) - \beta_H \bar{S}_H \frac{\bar{I}_B}{(\bar{S}_B + \bar{L}_B + \bar{I}_B)} + \gamma_H \bar{R}_H \\ I_H' = \alpha_H(N_H - \bar{S}_H - \bar{I}_H - \bar{R}_H) - (\delta_H + b_H) \bar{I}_H \\ R_H' = \delta_H \bar{I}_H - (\gamma_H + b_H) \bar{R}_H \end{array} \right. , \quad (7.46)$$

**Teorema 7.3** *Se  $\mathcal{R}_0 < 1$  o ponto de equilíbrio*

$$x_{e1}^0 = (\bar{S}_B^0, \bar{L}_B^0, \bar{I}_B^0, \bar{S}_H^0, \bar{L}_H^0, \bar{I}_H^0, \bar{R}_H^0) = \left( \frac{\xi + b_B N_B^e}{\mu_B}, 0, 0, N_H, 0, 0, 0 \right)$$

*dado em (7.28) do sistema definido em (7.46) é localmente assintoticamente estável.*

**Demonstração:**

Primeiramente, a matriz jacobiana do sistema dado em (7.1) é dada por

$$Df(x) = Df(\bar{S}_B, \bar{L}_B, \bar{I}_B, \bar{S}_H, \bar{L}_H, \bar{I}_H, \bar{R}_H) = \begin{bmatrix} J_{11} & J_{12} \\ J_{21} & J_{22} \end{bmatrix}$$

sendo  $J_{11}$ ,  $J_{12}$ ,  $J_{21}$ ,  $J_{22}$  as matrizes definidas em (7.47), (7.48), (7.49), (7.50), respectivamente.

$$J_{11} = \begin{bmatrix} b_B - \frac{N_B \beta_B \bar{I}_B - \beta_B \bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B^2} - \mu_B & b_B - \frac{-\beta_B \bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B^2} & b_B - \frac{N_B \beta_B \bar{S}_B - \beta_B \bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B^2} \\ \frac{N_B \beta_B \bar{I}_B - \beta_B \bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B^2} & \frac{-\beta_B \bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B^2} - (\alpha_B + \mu_B) & \frac{N_B \beta_B \bar{S}_B - \beta_B \bar{I}_B \bar{S}_B}{N_B^2} \\ 0 & \alpha_B & -\mu_B \end{bmatrix} \quad (7.47)$$

$$J_{12} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (7.48)$$

$$J_{21} = \begin{bmatrix} -\frac{\beta_H \bar{S}_H \bar{I}_B}{N_B^2} & -\frac{-\beta_H \bar{S}_H \bar{I}_B}{N_B^2} & -\frac{N_B \beta_H \bar{S}_H - \beta_H \bar{S}_H \bar{I}_B}{N_B^2} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (7.49)$$

$$J_{22} = \begin{bmatrix} -b_H - \frac{\beta_H \bar{I}_B}{N_B} & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H) & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H) \end{bmatrix} \quad (7.50)$$

Aplicando, na matriz jacobiana  $Df(\bar{S}_B, \bar{L}_B, \bar{I}_B, \bar{S}_H, \bar{I}_H, \bar{R}_H)$  (7.3), o ponto de equilíbrio

da doença (7.28), dado por:

$$x_{e1}^0 = (\bar{S}_B^0, \bar{L}_B^0, \bar{I}_B^0, \bar{S}_H^0, \bar{I}_H^0, \bar{R}_H^0) = \left( \frac{\xi + b_B N_B^0}{\mu_B}, 0, 0, N_H, 0, 0 \right) \quad (7.51)$$

tem-se ainda, por (7.2), temos que  $N_B^0 = \frac{\xi}{\mu_B - b_B}$ .

$$Df(x_{e1}^0) = \begin{bmatrix} b_B - \mu_B & b_B & b_B - \frac{N_B^0 \beta_B \bar{S}_B^0}{(N_B^0)^2} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -(\alpha_B + \mu_B) & \frac{N_B^0 \beta_B \bar{S}_B^0}{(N_B^0)^2} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha_B & -\mu_B & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{N_B^0 \beta_H \bar{S}_H^0}{(N_B^0)^2} & -b_H & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & 0 & -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H) & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H) \end{bmatrix} \quad (7.52)$$

Assim, o polinômio característico é dado por  $p_3(\lambda) = \det(Df(x_{e1}^0) - \lambda Id)$

$$p_3(\lambda) = \begin{vmatrix} b_B - \mu_B - \lambda & b_B & b_B - \frac{\beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -(\alpha_B + \mu_B + \lambda) & \frac{\beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \alpha_B & -\mu_B - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\beta_H \bar{S}_H^0}{N_B^0} & -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & 0 & -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix}$$

$$p_3(\lambda) = (b_B - \mu_B - \lambda) \cdot \begin{vmatrix} -(\alpha_B + \mu_B + \lambda) & \frac{\beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0} & 0 & 0 & 0 \\ \alpha_B & -\mu_B - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\beta_H \bar{S}_H^0}{N_B^0} & -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & 0 & -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & 0 & 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix}$$

logo,

$$p_3(\lambda) = (b_B - \mu_B - \lambda) \cdot (-\alpha_B - \mu_B - \lambda) \cdot \begin{vmatrix} -\mu_B - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\beta_H \bar{S}_H^0}{N_B^0} & -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix} - (b_B - \mu_B - \lambda) \cdot \alpha_B \cdot \begin{vmatrix} \frac{\beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0} & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\beta_H \bar{S}_H^0}{N_B^0} & -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ 0 & -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix}$$



$$\begin{aligned}
p_3(\lambda) &= (b_B - \mu_B - \lambda) \cdot (-\alpha_B - \mu_B - \lambda) \cdot (-\mu_B - \lambda) \\
&\quad \cdot \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix} \\
&\quad - (b_B - \mu_B - \lambda) \cdot \alpha_B \cdot \frac{\beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0} \\
&\quad \cdot \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix}
\end{aligned}$$

ou seja,

$$\begin{aligned}
p_3(\lambda) &= [(b_B - \mu_B - \lambda) \cdot (-\alpha_B - \mu_B - \lambda) \cdot (-\mu_B - \lambda) \\
&\quad - (b_B - \mu_B - \lambda) \cdot \alpha_B \cdot \frac{\beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0}] \\
&\quad \cdot \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix} \\
&= \underbrace{[b_B - \mu_B - \lambda]}_{s(\lambda)} \cdot \underbrace{[(-\alpha_B - \mu_B - \lambda) \cdot (-\mu_B - \lambda) - \alpha_B \cdot \frac{\beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0}]}_{q_3(\lambda)} \\
&\quad \cdot \underbrace{\begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix}}_{r_3(\lambda)}
\end{aligned}$$

Assim, pode-se escrever o polinômio característico  $p_3(\lambda)$  como o produto dos polinô-

mios  $s(\lambda)$  (7.53),  $q_3(\lambda)$  e (7.54) e  $r_3(\lambda)$  (7.55).

$$s(\lambda) = b_B - \mu_B - \lambda \quad (7.53)$$

$$q_3(\lambda) = (-\alpha_B - \mu_B - \lambda) \cdot (-\mu_B - \lambda) - \frac{\alpha_B \beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0} \quad (7.54)$$

$$r_3(\lambda) = \begin{vmatrix} -b_H - \lambda & 0 & \gamma_H \\ -\alpha_H & -(\delta_H + b_H + \alpha_H + \lambda) & -\alpha_H \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + b_H + \lambda) \end{vmatrix} \quad (7.55)$$

O polinômio  $s(\lambda)$  (7.53) tem como raiz  $\lambda = b_B - \mu_B$  e, por condição inicial, temos que  $b_B - \mu_B < 0$ , portanto, o polinômio  $s(\lambda)$  (7.53) possui raiz com parte real negativa.

Note que o polinômio  $r_3(\lambda)$  coincide com o polinômio  $r_1$  dado em (5.82), e portanto, tal polinômio possui todas as raízes com parte real negativa, como foi mostrado no Teorema 5.4.

Assim, resta mostrar que  $q_3(\lambda)$  (7.54) também possui todas as raízes com parte real negativa, lembrando que  $\bar{S}_B^0 = \frac{\xi + b_B N_B^0}{\mu_B}$  (7.19).

$$\begin{aligned} q_3(\lambda) &= (-\alpha_B - \mu_B - \lambda) \cdot (-\mu_B - \lambda) - \frac{\alpha_B \beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0} \\ &= \alpha_B \mu_B + \alpha_B \lambda + \mu_B^2 + \mu_B \lambda + \mu_B \lambda + \lambda^2 - \frac{\alpha_B \beta_B \bar{S}_B^0}{N_B^0} \\ &= \lambda^2 + (\alpha_B + 2\mu_B)\lambda + (\alpha_B + \mu_B)\mu_B - \frac{\alpha_B \beta_B}{N_B^0} \cdot \frac{\xi + b_B N_B^0}{\mu_B} \\ &= \lambda^2 + (\alpha_B + 2\mu_B)\lambda + (\alpha_B + \mu_B)\mu_B - \frac{\alpha_B \beta_B (\xi + b_B N_B^0)}{N_B^0 \mu_B}. \end{aligned} \quad (7.56)$$

Portanto, tem-se que  $q_3(\lambda)$  é um polinômio de segundo grau, tendo-se:

$$a = 1 \quad (7.57)$$

$$b = \alpha_B + 2\mu_B \quad (7.58)$$

$$c = (\alpha_B + \mu_B)\mu_B - \frac{\alpha_B \beta_B (\xi + b_B N_B^0)}{N_B^0 \mu_B}. \quad (7.59)$$

Para mostrar que todas as raízes possuem parte real negativa, inicialmente mostra-se que todos os coeficientes  $a$  (7.57),  $b$  (7.58) e  $c$  (7.59) são positivos. Para isso, resta mostrar as condições necessárias para que  $c > 0$ .

De fato,

$$\begin{aligned}
(\alpha_B + \mu_B)\mu_B - \frac{\alpha_B\beta_B(\xi + b_B N_B^0)}{N_B^0 \mu_B} &> 0 \\
(\alpha_B + \mu_B)\mu_B^2 N_B^0 - \alpha_B\beta_B(\xi + b_B N_B^0) &> 0 \\
(\alpha_B + \mu_B)\mu_B^2 N_B^0 \left[ 1 - \alpha_B\beta_B(\xi + b_B N_B^0) \cdot \frac{1}{(\alpha_B + \mu_B)\mu_B^2 N_B^0} \right] &> 0. \tag{7.60}
\end{aligned}$$

Segue de (7.60) que para  $c > 0$  basta que

$$\begin{aligned}
1 - \alpha_B\beta_B(\xi + b_B N_B^0) \cdot \frac{1}{(\alpha_B + \mu_B)\mu_B^2 N_B^0} &> 0 \\
1 &> \frac{\alpha_B\beta_B(\xi + b_B N_B^0)}{(\alpha_B + \mu_B)\mu_B^2 N_B^0}. \tag{7.61}
\end{aligned}$$

Assim, pode-se definir a taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$  como

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha_B\beta_B(\xi + b_B N_B^0)}{(\alpha_B + \mu_B)\mu_B^2 N_B^0}. \tag{7.62}$$

Com isso, temos que  $c > 0$ , sendo  $c$  como definido em (7.59). Dessa forma,  $q_3(\lambda)$  é um polinômio de segundo grau com coeficientes  $a$  (7.57),  $b$  (7.58) e  $c$  (7.59) positivos. Portanto,  $q_3(\lambda)$  possui todas as raízes com parte real negativa, quando  $\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha_B\beta_B(\xi + b_B N_B^0)}{(\alpha_B + \mu_B)\mu_B^2 N_B^0} < 1$  (7.62).

Assim, quando  $\mathcal{R}_0 < 1$ ,  $p_3(\lambda)$  possui todas as raízes com parte real negativa, e pelo Teorema 4.24 o ponto de equilíbrio livre da doença  $x_{e1}^0$ , dado em (7.28) é localmente assintoticamente estável. ■

## 8 SIMULAÇÃO NUMÉRICA

Nesta seção encontram-se as simulações numéricas, sendo que na Subseção 8.1 tem-se a simulação numérica do modelo para a Tuberculose Bovina presente na Seção 5 considerando ambas as populações, de humanos e de bovinos, constantes e utilizando os dados presentes em Abakar et al. (2017). Na Subseção 8.2 tem-se a simulação deste mesmo modelo, com populações constantes, porém considerando os dados do Rio Grande do Sul, entre 2011 e 2017. Por fim na Subseção 8.3 tem-se a simulação numérica do modelo proposto na Seção 7, considerando a população de bovinos não constante e utilizando os dados presentes em Abakar et al. (2017).

Todas as simulações foram realizadas no programa  $R^{\text{®}}$  (R CORE TEAM, 2018) com o uso do pacote DeSolve.

### 8.1 Tuberculose Bovina, com populações constantes

As simulações foram realizadas considerando o modelo para Tuberculose Bovina para populações de bovinos e humanos constantes, definido na Seção 5 e considerando os dados presentes no trabalho de Abakar et al. (2017), sendo que as subpopulações iniciais foram divididas pelas populações totais, tendo em vista que o modelo em estudo considera a proporção das subpopulações, tais dados estão presentes na Tabela 3.

Tabela 3 – Populações de bovinos e humanos em Marrocos.

Subpopulações	Iniciais	Populações totais	Proporcionais
$S_B(0)$	2.601.860	3.172.999	0,8200003
$L_B(0)$	79.610		0,02508983
$I_B(0)$	491.529		0,1549099
$S_H(0)$	33.006.946	33.008.150	0,9999635
$L_H(0)$	784		0,0000237
$I_H(0)$	420		0,0000127
$R_H(0)$	0		0

Fonte: adaptado dos valores disponíveis em Abakar et al. (2017).

Os parâmetros utilizados nas simulações também foram retirados de Abakar et al. (2017), tais parâmetros estão presentes na Tabela 4, em todas as simulações o tempo máximo considerado foi de 200 anos.

Tabela 4 – Parâmetros do modelo compartimental para a Tuberculose Bovina.

Parâmetros	Representação	Valores
Natalidade bovina	$b_B$	0,177
Transmissão entre bovinos	$\beta_B$	0,249
Período de incubação bovina	$\alpha_B$	1,083
Natalidade humana	$b_H$	0,0229
Transmissão de bovinos para humanos	$\beta_H$	0,00015
Período de incubação humana	$\alpha_H$	1,083
Sucesso no tratamento	$\delta_H$	2
Perda de imunidade temporária	$\gamma_H$	0,5

Fonte: adaptado dos valores disponíveis em Abakar et al. (2017).

As taxas de infecção entre bovinos  $\beta_B$  e de bovinos para humanos  $\beta_H$  foram alteradas para que a taxa de reprodução básica,  $\mathcal{R}_0$  definida em (5.89), fosse menor ou maior que um, os valores considerados em cada uma das simulações estão na Tabela 5.

Tabela 5 – Simulações numéricas realizadas

Figuras	$\beta_B$	$\beta_H$	$\mathcal{R}_0$
Figura 12	0,001	0,00015	0,004856
Figura 13	0,1	0,00015	0,4856067
Figura 14	0,3	0,00015	1,45682
Figura 15	0,95	0,00015	4,613263
Figura 16	0,001	0,1	0,004856
Figura 17	0,1	0,1	0,4856067
Figura 18	0,3	0,1	1,45682
Figura 19	0,95	0,1	4,613263

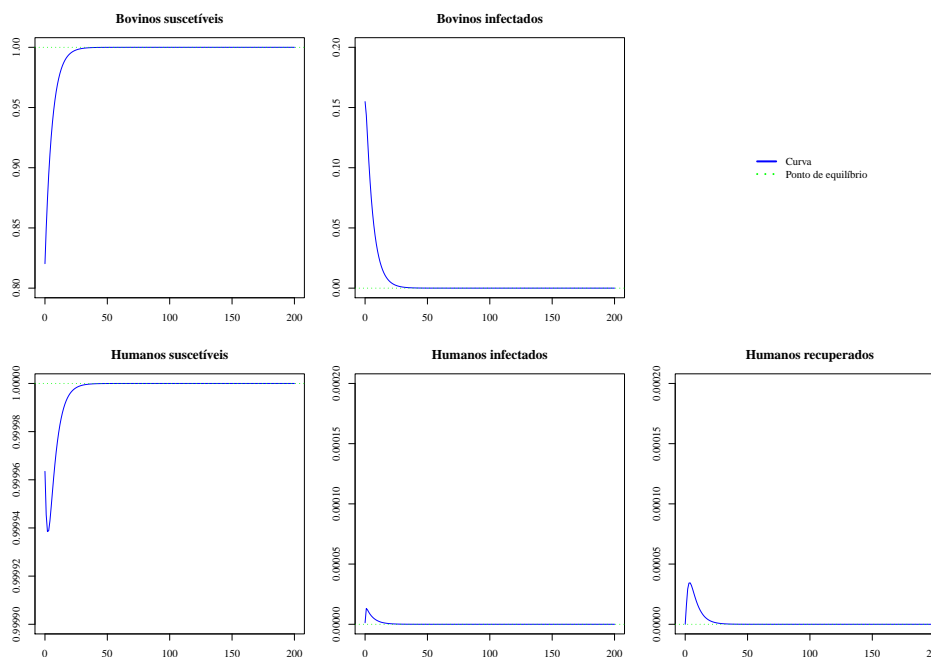
Fonte: elaborado pela autora.

Em cada um dos gráficos desta subseção, além da solução apresentada em azul, foi plotado um tracejado na coordenada do ponto de equilíbrio, quando  $\mathcal{R}_0 < 1$ , o tracejado apresenta-se em verde, indicando o ponto de equilíbrio livre da doença, e quando  $\mathcal{R}_0 > 1$ , o tracejado se encontra em vermelho, indicando o ponto de equilíbrio endêmico.

Como, principalmente na população de humanos, a subpopulação de suscetíveis é muito próxima a um e as subpopulações de infectados e recuperados muito próximas de zero, os gráficos foram plotados com uma escala mais apropriada para melhor visualização.

Primeiramente, considera-se valores baixos para a taxa de infecção entre bovinos  $\beta_B$ , como na Figura 12, onde  $\beta_B$  é igual a 0,001 e  $\mathcal{R}_0$  é igual a 0,004856067.

Figura 12 – Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos,  $\beta_B = 0,001$  e  $\mathcal{R}_0 = 0,004856067$ .



Fonte: elaborado pela autora.

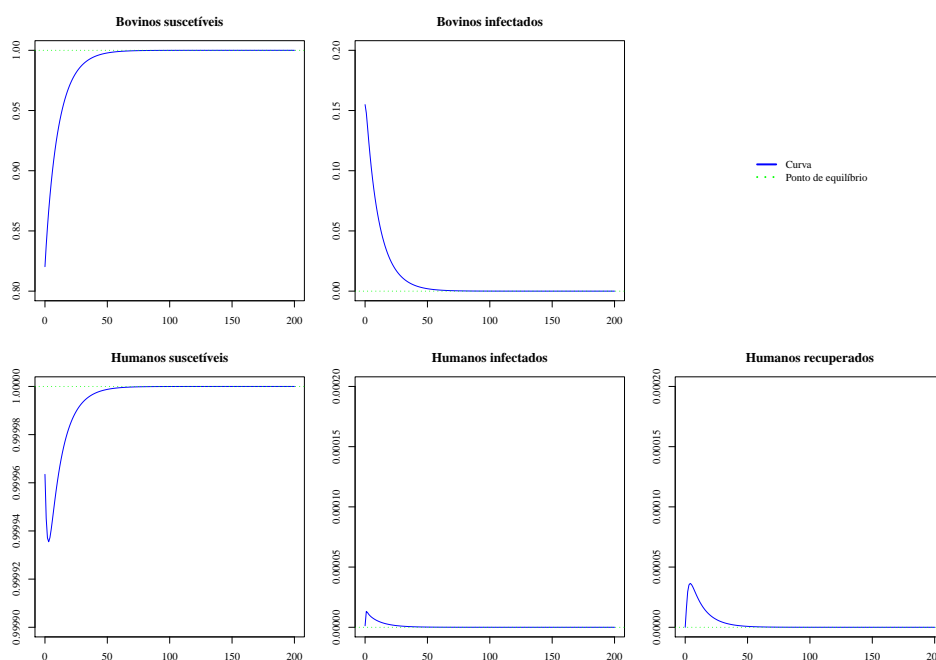
Note que a subpopulação de bovinos suscetíveis cresce e antes de 50 anos a população de bovinos é “muito próxima” da população total de suscetíveis, enquanto isso a subpopulação de infectados decresce para “muito próximo” de zero.

Na subpopulação de humanos suscetíveis há um intervalo em que a mesma decresce, e em seguida há um crescimento, fazendo com que a população humana seja “muito próxima” da população suscetível total antes de 50 anos, tal oscilação ocorre pelo fato de humanos serem infectados, passarem por um processo de tratamento e recuperação, tornando-se novamente suscetíveis.

Na Figura 13, a taxa de transmissão entre bovinos  $\beta_B$  foi de 0,1, e a taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$  é igual a 0,4856067.

Pode-se notar que, da mesma forma que ocorreu na Figura 12, as subpopulações de suscetíveis crescem e de infectados e recuperados decrescem, porém de forma menos acentuada que a presente na Figura 12, pois a taxa de infecção é maior e isso aumenta também a taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$ , porém ainda tem-se  $\mathcal{R}_0$  é menor que um, e dessa forma as soluções de cada uma das subpopulações convergem para o ponto de equilíbrio livre da doença.

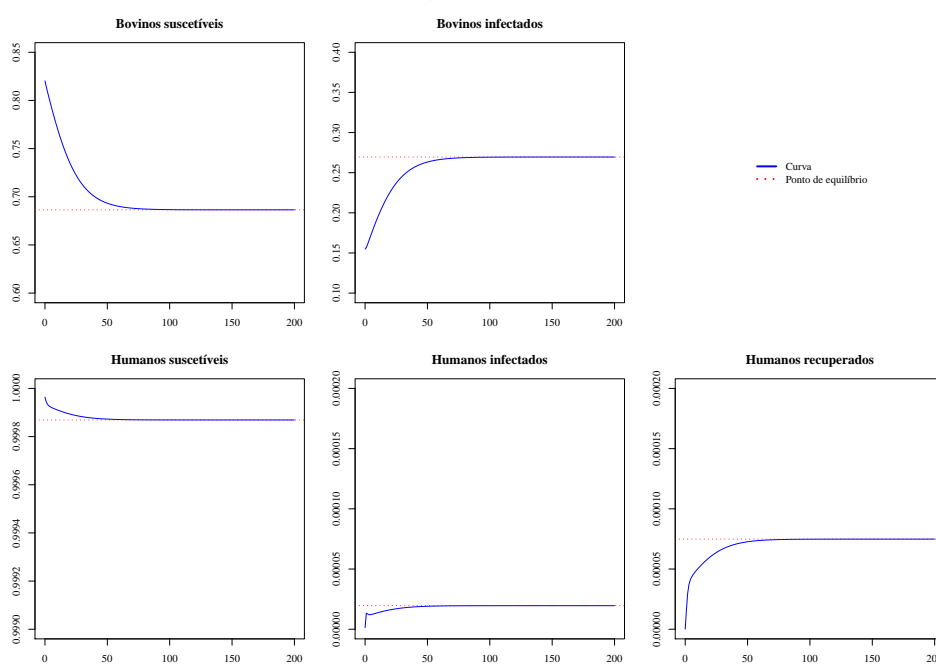
Figura 13 – Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos,  $\beta_B = 0,1$  e  $\mathcal{R}_0 = 0,4856067$ .



Fonte: elaborado pela autora.

Agora considere  $\beta_B$  igual a 0,3, com isso tem-se que  $\mathcal{R}_0$  é igual a 1,45682, a simulação está na Figura 14.

Figura 14 – Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos,  $\beta_B = 0,3$  e  $\mathcal{R}_0 = 1,45682$ .



Fonte: elaborado pela autora.

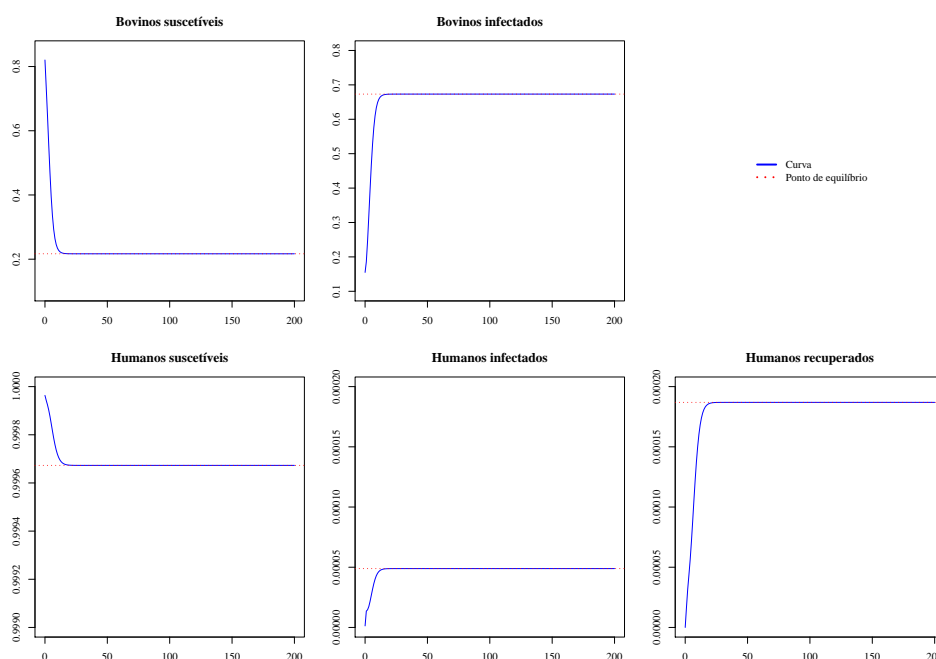
Note que neste caso, como tem-se que  $\mathcal{R}_0$  é igual a  $1,45682 > 1$ , o sistema deve conver-

gir para o ponto de equilíbrio endêmico que foi calculado em (5.76), pode-se notar que dentro de 50 anos, as populações convergem para o ponto endêmico, como era esperado. Ou seja, as populações de suscetíveis decaem até se estabilizarem no ponto de equilíbrio endêmico, enquanto que as populações de infectados e de recuperados, no caso da população de humanos, apresentam um crescimento e se estabilizam.

Ao considerar uma taxa de infecção ainda maior,  $\beta_B$  igual a 0,95, tem-se que  $\mathcal{R}_0$  é igual a 4,613263, logo cada bovino infectado inserido em uma população completamente suscetível infecta em média mais de quatro bovinos, a simulação está na Figura 15.

Como pode-se observar, as subpopulações de suscetíveis decaem acentuadamente até o ponto de equilíbrio endêmico, bem como as de infectados e recuperados aumentam de forma bem acentuada.

Figura 15 – Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos,  $\beta_B = 0,95$  e  $\mathcal{R}_0 = 4,613263$ .



Fonte: elaborado pela autora.

Agora considere os mesmos valores da taxa de transmissão bovina,  $\beta_B$  já apresentados, porém alterando a taxa de transmissão de bovinos para humanos,  $\beta_H$ .

Note que a taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$  encontrada em (5.89), é dada por:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha_B \beta_B}{b_B (b_B + \alpha_B)}.$$

Logo, alterar  $\beta_H$  não altera em nada o valor de  $\mathcal{R}_0$  e também não altera a convergência



para os pontos de equilíbrio livre da doença e endêmico.

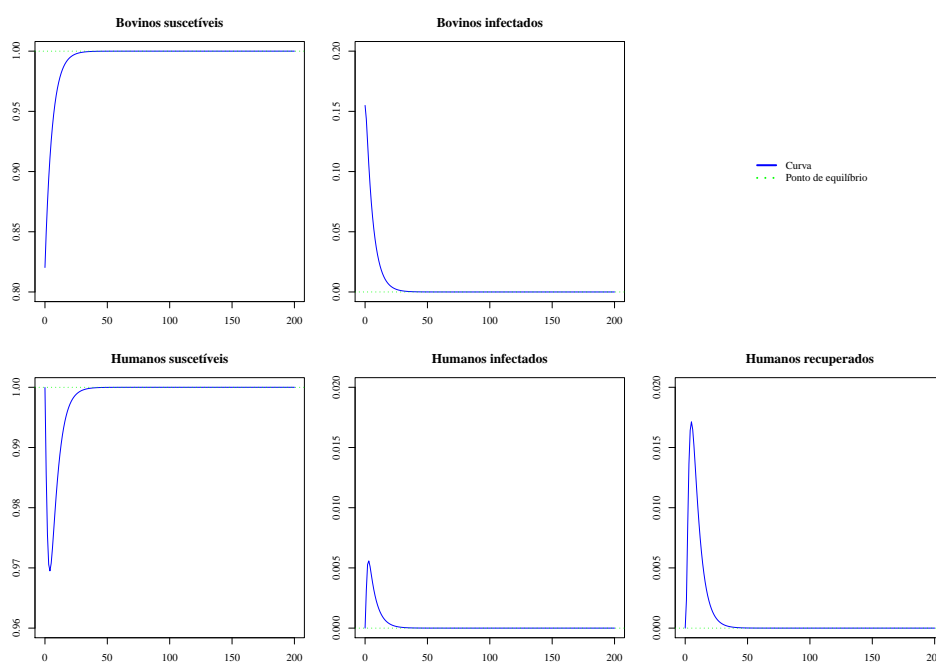
Nas figuras já apresentadas,  $\beta_H$  é igual a 0,00015, pois trata-se do parâmetro dado por Abakar et al. (2017). Nas figuras a seguir será considerado  $\beta_H$  igual a 0,1, ou seja, a transmissão de bovinos para humanos será bem maior do que a anterior.

Na Figura 16, tem-se  $\beta_B$  igual a 0,001,  $\beta_H$  é igual a 0,1 e  $\mathcal{R}_0$  é igual a 0,004856067.

Nota-se que há uma oscilação maior nas subpopulações humanas, sendo que o número de infectados e recuperados é maior do que na Figura 12, sendo que o valor para  $\mathcal{R}_0$  em ambos é o mesmo, alterando apenas a taxa de transmissão de bovinos para humanos  $\beta_H$ .

Porém, como era de se esperar, há a convergência de todas as populações para o ponto de equilíbrio livre da doença.

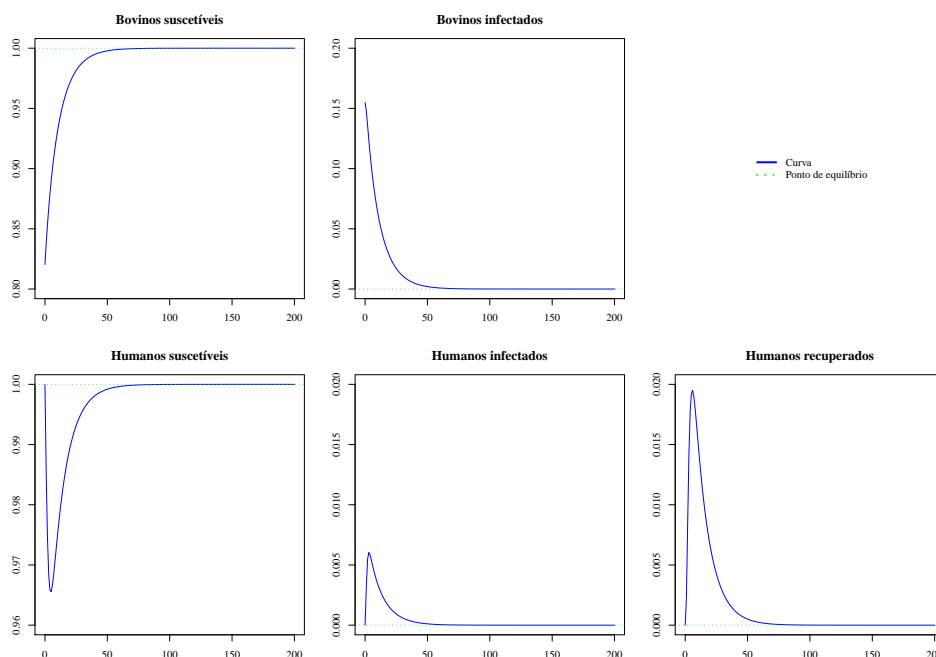
Figura 16 – Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos,  $\beta_B = 0,001$ ,  $\beta_H = 0,1$  e  $\mathcal{R}_0 = 0,004856067$ .



Fonte: elaborado pela autora.

Na Figura 17, os parâmetros tomados são  $\beta_B$  igual a 0,1  $\beta_H$  igual a 0,1 e a taxa de reprodução básica  $\mathcal{R}_0$  igual a 0,4856067. Novamente, as populações convergem para o ponto de equilíbrio livre da doença.

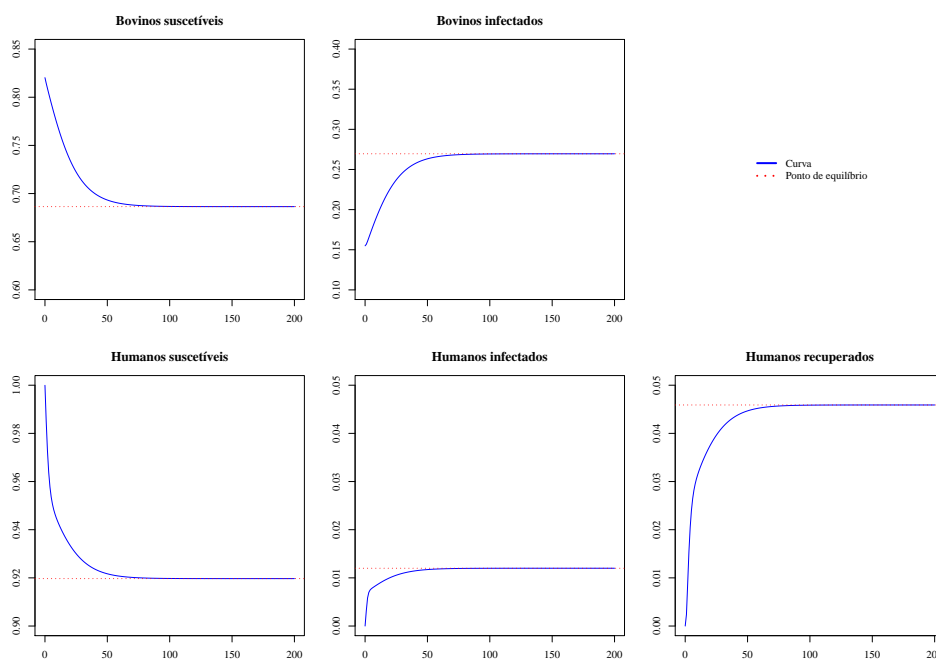
Figura 17 – Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos,  
 $\beta_B = 0,1$ ,  $\beta_H = 0,1$  e  $\mathcal{R}_0 = 0,4856067$ .



Fonte: elaborado pela autora.

Na Figura 18 considerou-se  $\beta_B$  igual a 0,3,  $\beta_H$  igual a 0,1 e  $\mathcal{R}_0$  igual a 1,45682. Note que, como  $\mathcal{R}_0 > 1$ , as subpopulações convergem para o ponto de equilíbrio endêmico.

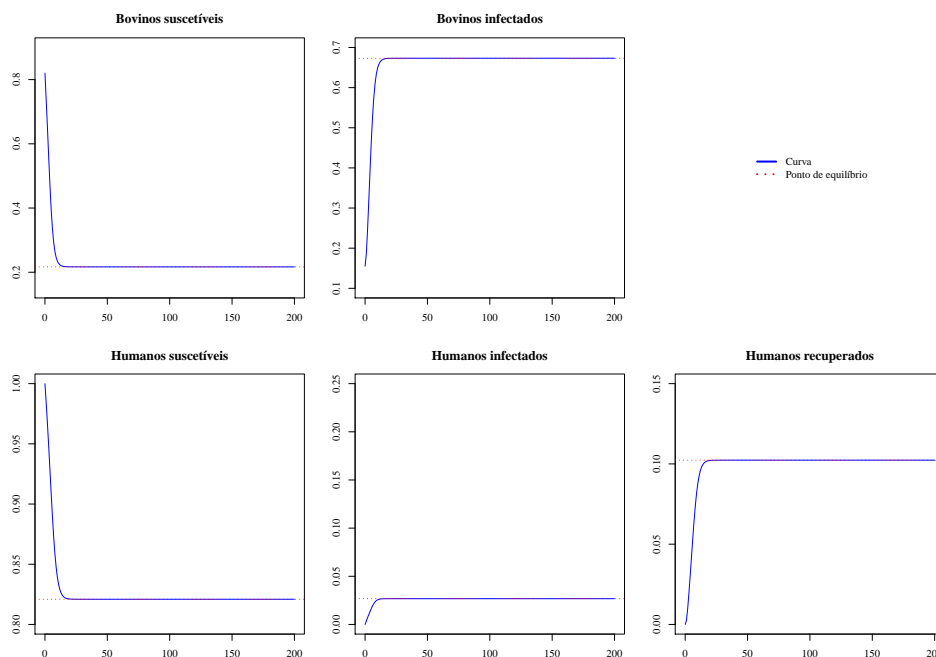
Figura 18 – Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos,  
 $\beta_B = 0,3$ ,  $\beta_H = 0,1$  e  $\mathcal{R}_0 = 1,45682$ .



Fonte: elaborado pela autora.

Na Figura 19 considerou-se  $\beta_B$  igual a 0,95,  $\beta_H$  igual a 0,1 e  $\mathcal{R}_0$  igual a 4,613263.

Figura 19 – Dinâmica da doença Tuberculose Bovina nas populações de bovinos e humanos,  $\beta_B = 0,95$ ,  $\beta_H = 0,1$  e  $\mathcal{R}_0 = 4,613263$ .



Fonte: elaborado pela autora.

Como pode-se observar, as subpopulações de suscetíveis decaem acentuadamente até o ponto de equilíbrio endêmico, bem como as de infectados e recuperados aumentam de forma bem acentuada.

Nota-se que tanto para o ponto de equilíbrio livre da doença quanto para o endêmico, as simulações corroboram com os resultados teóricos obtidos na Seção 5.

## 8.2 Tuberculose Bovina no Rio Grande do Sul

O ministério da agricultura do Rio Grande do Sul\*\* disponibilizou uma planilha da estimativa de bovinos contaminados pela Tuberculose Bovina em 2011, em tais dados, existem 64913 bovinos infectados  $\bar{I}_B$ , dos 13.714.013 que formam o rebanho total  $\bar{N}_B$  do estado neste mesmo ano.

O período de incubação é de 3 a 8 semanas (DUARTE, 2008), usando-se como período médio 5,5 semanas, assim ao longo de um ano, composto por 52 semanas, tem-se cerca de 10 períodos de latência, tais dados foram utilizados para estimar a subpopulação inicial de

\*\* A expressão Rio Grande do Sul será representado pela sigla RS neste documento.

latentes, tendo em vista que os 64913 casos que constam como infectados podem ser divididos dentro desses 10 períodos de latência presentes em cada ano, assim a subpopulação estimada de latentes  $\bar{L}_B$  é de 6491.

Por fim, a subpopulação de bovinos suscetíveis  $\bar{S}_B$ , é dada pela subtração das subpopulações de infectados e latentes da população total, ou seja, 13.642.609.

Segundo a Fundação de Economia e Estatística, a população de humanos total  $N_H$  do RS em 2011 era de 11.069.861 (FEE, 2011), agora, com relação a população de humanos, como a Tuberculose Bovina possui diagnóstico e tratamento idêntico a da Tuberculose, os dados de ambas não são separados, pois para diferenciar necessita-se de exames caros e demorados, que não estão disponíveis em qualquer laboratório, o número total de casos de Tuberculose no estado foi de 46,2 a cada 100 mil habitantes, como a população total do estado neste mesmo ano era de 11.069.861, estima-se que existiram 5114 infectados por qualquer tipo de tuberculose, porém, segundo Mueller et al. (2013) tem-se que o número de casos de Tuberculose Bovina é de aproximadamente 15% do número de infectados por qualquer Tuberculose, logo a subpopulação de humanos infectados  $\bar{I}_H$  foi considerada igual a 767.

Usando a mesma relação do período de latência usado para a população de bovinos, segue que a subpopulação de latentes ( $\bar{L}_H$ ) é de 77, a subpopulação de recuperados no instante inicial é considerada nula. Dessa forma, segue que a subpopulação de humanos suscetíveis ( $\bar{S}_H$ ), que é dada pela subtração das subpopulações de humanos infectados e latentes da população total é de 11.068.784.

Dessa forma, as populações a serem utilizadas na simulação numérica estão descritas na Tabela 6.

Tabela 6 – Populações de bovinos e humanos no Rio Grande do Sul em 2011.

Subpopulações	Iniciais	Populações	Proporcionais
$S_B(0)$	13.642.609		0,99479337
$L_B(0)$	6.491	13.714.013	0,00047333
$I_B(0)$	64.913		0,0047333
$S_H(0)$	11.068.784		0,9995831
$L_H(0)$	77	11.069.861	0,00003791022
$I_H(0)$	767		0,0003790091
$R_H(0)$	0		0

Fonte: elaborado pela autora.

Segundo o relatório da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), em

2016 houve 2.788.204 nascimentos de bovinos no RS. Como neste mesmo ano a população total de bovinos foi de 13.556.140, a taxa de natalidade é dada por aproximadamente 0,205678 (EMBRAPA, 2018).

Ainda segundo a estimativa disponível pelo Ministério da Agricultura do RS, em 2011, 473,33 animais reagiram positivamente ao teste tuberculínico, a cada 100 mil animais testados. Dessa forma, a prevalência da Tuberculose Bovina, ou seja a taxa de transmissão ente bovinos é dada por  $\beta_B$  é igual a 0,0047333, por fim, o período de incubação, como dito anteriormente é de em média 5,5 semanas, logo,  $\alpha_B$  é igual a 0,1057 ao ano.

Agora veremos os parâmetros relacionados a população de humanos, segundo a base de dados do SUS (Sistema Único de Saúde), a taxa de natalidade bruta em 2012 foi de 12,9/mil habitantes, ou seja,  $b_H$  é igual a 0,0129 (DATASUS. Departamento de Informática do SUS, 2012).

Em 2011, o coeficiente de incidência da Tuberculose foi de 46,2/100 mil hab, portanto, a taxa de transmissão de bovinos para humanos será de  $\beta_H$  é igual a 0,000462. O percentual de cura neste mesmo ano foi de 60,9%, dessa forma a taxa de sucesso no tratamento de humanos será de 0,609%, tendo em vista que o tratamento dura 6 meses, temos que  $\gamma_H$  é igual a 0,5, sendo esses dados disponíveis no Relatório sobre Tuberculose, sendo assim não se diferencia a contaminação por *Mycobacterium bovis* (RIO GRANDE DO SUL. Divisão de Defesa Sanitária Animal, 2016). Tais dados estão expostos na Tabela 7.

Tabela 7 – Parâmetros relacionados a Tuberculose Bovina para as populações de bovinos e humanos no estado do Rio Grande do Sul.

Parâmetros	Representação	Valores
Natalidade bovina	$b_B$	0,205678
Transmissão entre bovinos	$\beta_B$	0,0047333
Período de incubação bovina	$\alpha_B$	0,1057
Natalidade humana	$b_H$	0,0129
Transmissão de bovinos para humanos	$\beta_H$	0,000462
Período de incubação humana	$\alpha_H$	0,1057
Sucesso no tratamento	$\delta_H$	0,609
Perda de imunidade temporária	$\gamma_H$	0,5

Fonte: elaborado pela autora.

Com tais dados, foi realizado no programa  $R^{\text{®}}$  (R CORE TEAM, 2018) uma simulação numérica da prevalência da Tuberculose Bovina no rebanho do RS, entre os anos de 2010 a 2020, e para confrontar com dados atuais foram utilizados os dados da Tuberculose Bovina em

bovinos presentes no relatório da Defesa Sanitária Animal nos anos de 2015 e 2016 Rio Grande do Sul. Divisão de Vigilância Epidemiológica (2016). E dados da Tuberculose em humanos, entre os anos 2012 e 2016 que estão presentes no relatório técnico Brasil. Ministério da Saúde (2016), os dados do ano de 2017, presente em PECT/RS. Secretaria de Estado da Saúde do RS (2018). Tais dados estão nas Tabelas 8, 9 e 10.

Tabela 8 – Dados da Tuberculose Bovina na população de bovinos do Rio Grande do Sul nos anos de 2011, 2015 e 2016.

	2011	2015	2016
$N_B(t)$	13.714.013	13.224.041	13.556.140
Testados		238.873	230.934
Infetados	0,0047333	1.721	1.564
$\bar{I}_B(t)$	64.913	95.275	91.809
$\bar{L}_B(t)$	6.491	9.527	9.181
$\bar{S}_B(t)$	13.642.609	13.119.239	13.455.150
$I_B(t)$	0,0047333	0,007204665	0,006772498
$L_B(t)$	0,00047333	0,000720467	0,00067725
$S_B(t)$	0,99479337	0,99207486	0,992550252

Fonte: Rio Grande do Sul. Divisão de Defesa Sanitária Animal (2016).

Tabela 9 – Dados da Tuberculose Bovina na população de humanos do Rio Grande do Sul entre nos anos de 2012, 2013 e 2014.

	2012	2013	2014
$N_H(t)$	11.118.261	11.164.043	11.207.274
Infec.	0,000451	0,000437	0,0004413
$\bar{I}_H(t)$	752	732	742
$\bar{L}_H(t)$	75	73	74
$\bar{S}_H(t)$	11.117.205	11.163.015	11.206.232
$\bar{R}_H(t)$	229	223	226
$I_H(t)$	0,0000676	0,0000655	0,00006619
$L_H(t)$	0,00000676	0,00000655	0,00000662
$S_H(t)$	0,99990498	0,99990793	0,99990703
$R_H(t)$	0,0000206	0,00001996	0,00002016

Fonte: Rio Grande do Sul. Divisão de Vigilância Epidemiológica (2016).

Tabela 10 – Dados da Tuberculose Bovina na população de humanos do Rio Grande do Sul entre os anos de 2015, 2016 e 2017.

	2015	2016	2017
$N_H(t)$	11.247.972	11.286.500	11.322.895
Infec.	0,0004433	0,0004236	5.031
$\bar{I}_H(t)$	748	717	755
$\bar{L}_H(t)$	75	72	75
$\bar{S}_H(t)$	11.246.922	11.285.493	11.322.590
$\bar{R}_H(t)$	228	218	230
$I_H(t)$	0,00006649	0,00006354	0,00006666
$L_H(t)$	0,00000665	0,00000635	0,00000666
$S_H(t)$	0,9999066	0,99991076	0,99997304
$R_H(t)$	0,00002025	0,00001935	0,00002029

Fonte: Rio Grande do Sul. Divisão de Vigilância Epidemiológica (2016).

Conforme os valores dos parâmetros presentes na Tabela 7, e de acordo com a taxa de reprodução básica definida em (5.89), segue que:

$$\begin{aligned} \mathcal{R}_0 &= \frac{\alpha_B \beta_B}{b_B(\alpha_B + b_B)} \\ &= 0,007812018 \end{aligned} \quad (8.1)$$

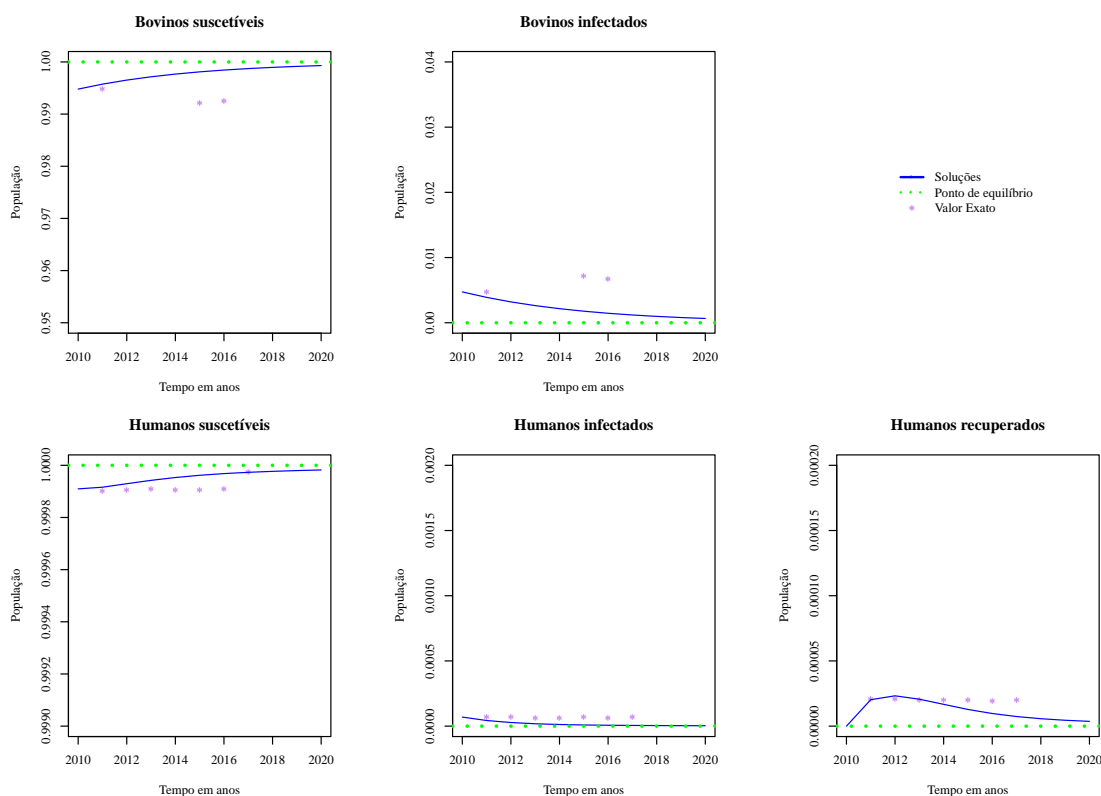
ou seja, como é bem próximo a zero, segue que o sistema converge para o ponto de equilíbrio livre da doença, ou seja, tende-se a extinção da doença.

Na Figura 20, tem-se a simulação realizada com o uso do programa  $R^{\text{®}}$  (R CORE TEAM, 2018), onde tem-se representados os dados reais em \*, as curvas dos gráficos estão em azul e o ponto de equilíbrio livre da doença está representado pelo pontilhado em verde.

Nota-se que a simulação se aproxima dos dados reais, isso é bem evidente quanto aos dados da população de humanos, que são mais completos, e disponibilizados todos os anos, com relação à população bovina, só existem dados de três anos, e ainda assim o erro entre o modelo simulado e os dados reais não chega a 1%.

Como as populações variam, ainda que de forma bem amena, o modelo não é totalmente fiel aos dados, tendo em vista que considera-se as populações constantes.

Figura 20 – Tuberculose Bovina: dinâmica das populações de bovinos e humanos no RS, entre os anos de 2010-2020.



Fonte: elaborado pela autora.

Nas Tabelas 11 e 12, tem-se os erros relativos entre o valor exato das curvas descritas para as subpopulações de bovinos e humanos, respectivamente, e dos dados disponíveis para o estado do Rio Grande do Sul. Nota-se que dentre as subpopulações de bovinos, o erro relativo máximo foi de  $6,0225548 \times 10^{-3}$  e nas subpopulações de humanos, o erro relativo máximo foi de  $6,147149 \times 10^{-5}$ .

Tabela 11 – Erros relativos entre a simulação para a Tuberculose Bovina nas subpopulações de bovinos do Rio Grande do Sul entre os anos de 2011 e 2017 e dados reais.

Ano	$ S_B(t) - S_{B_i} $	$ I_B(t) - I_{B_i} $
2011	$9,5044211 \times 10^{-4}$	$8,409414 \times 10^{-4}$
2012	-	-
2013	-	-
2014	-	-
2015	$6,0225548 \times 10^{-3}$	$5,4336803 \times 10^{-3}$
2016	$5,8939967 \times 10^{-3}$	$5,3196255 \times 10^{-3}$
2017	-	-
Erro Máximo	$6,02255488 \times 10^{-3}$	$5,43368 \times 10^{-3}$

Fonte: elaborado pela autora.



Tabela 12 – Erros relativos entre a simulação para a Tuberculose Bovina nas subpopulações de humanos, do Rio Grande do Sul entre os anos de 2011 e 2017 e dados reais.

Ano	$ S_H(t) - S_{H_i} $	$ I_H(t) - I_{H_i} $	$ R_H(t) - R_{H_i} $
2011	$1,339868 \times 10^{-5}$	$2,619546 \times 10^{-5}$	$8,389126 \times 10^{-7}$
2012	$2,445152 \times 10^{-5}$	$4,013049 \times 10^{-5}$	$2,641161 \times 10^{-6}$
2013	$3,447136 \times 10^{-5}$	$4,745481 \times 10^{-5}$	$6,884650 \times 10^{-7}$
2014	$4,614922 \times 10^{-5}$	$5,386564 \times 10^{-5}$	$3,442838 \times 10^{-6}$
2015	$5,516400 \times 10^{-5}$	$5,768981 \times 10^{-5}$	$7,466592 \times 10^{-6}$
2016	$5,748812 \times 10^{-5}$	$5,694508 \times 10^{-5}$	$9,667966 \times 10^{-6}$
2017	$1,106321 \times 10^{-7}$	$6,147149 \times 10^{-5}$	$1,294335 \times 10^{-5}$
Erro Máximo	$5,748812 \times 10^{-5}$	$6,147149 \times 10^{-5}$	$1,294335 \times 10^{-5}$

Fonte: elaborado pela autora.

### 8.3 Tuberculose Bovina considerando a população de bovinos não constante

Tem-se agora a simulação do modelo para Tuberculose Bovina, considerando a população de bovinos não constante, presente na Seção 7.

Para adaptar as condições impostas para esse modelo, ainda com o uso dos dados presentes em Abakar et al. (2017), foi necessário adaptar a taxa de natalidade, tendo em vista que no trabalho de Abakar et al. (2017) não se considerava a taxa de recrutamento de fontes externas  $\xi$ , para isso, considerou-se o ponto médio do intervalo de confiança presente em seus dados, dessa forma, os parâmetros a serem utilizados nessa simulação, estão presentes na Tabela 13.

Tabela 13 – Parâmetros do modelo compartimental para a Tuberculose Bovina, com a população de bovinos não constante.

Parâmetros	Representação	Valores
Natalidade bovina	$b_B$	0,1975
Transmissão entre bovinos	$\beta_B$	0,2495
Período de incubação bovina	$\alpha_B$	1,0835
Mortalidade bovina	$\mu_B$	0,222
Quantidade de bovinos recrutados	$\xi$	78000
Natalidade humana	$b_H$	0,0229
Transmissão de bovinos para humanos	$\beta_H$	0,00015
Período de incubação humana	$\alpha_H$	1,083
Sucesso no tratamento	$\delta_H$	2
Perda de imunidade temporária	$\gamma_H$	0,5

Fonte: Adaptado dos valores disponíveis em Abakar et al. (2017).

Como não divide as subpopulações pela população total, as subpopulações utilizadas na simulação estão presentes na Tabela 14.

Tabela 14 – Populações de bovinos e humanos em Marrocos.

Subpopulações	Iniciais	Populações
$\bar{S}_B(0)$	2.601.860	
$\bar{L}_B(0)$	79.610	3.172.999
$\bar{I}_B(0)$	491.529	
$S_H(0)$	33.006.946	
$\bar{L}_H(0)$	784	33.008.150
$\bar{I}_H(0)$	420	
$\bar{R}_H(0)$	0	

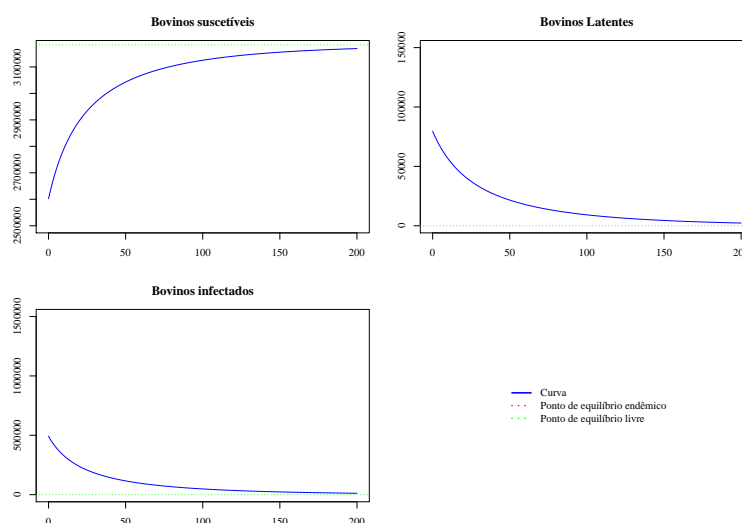
Fonte: Abakar et al. (2017).

Dessa forma, o valor de  $\mathcal{R}_0$  definido em (7.62) e de acordo com os parâmetros presentes na Tabela 13 é:

$$\begin{aligned}\mathcal{R}_0 &= \frac{\alpha_B \beta_B (\xi + b_B N_B^e)}{(\alpha_B + \mu_B) \mu_B^2 N_B^e} \\ &= 0,9327594.\end{aligned}$$

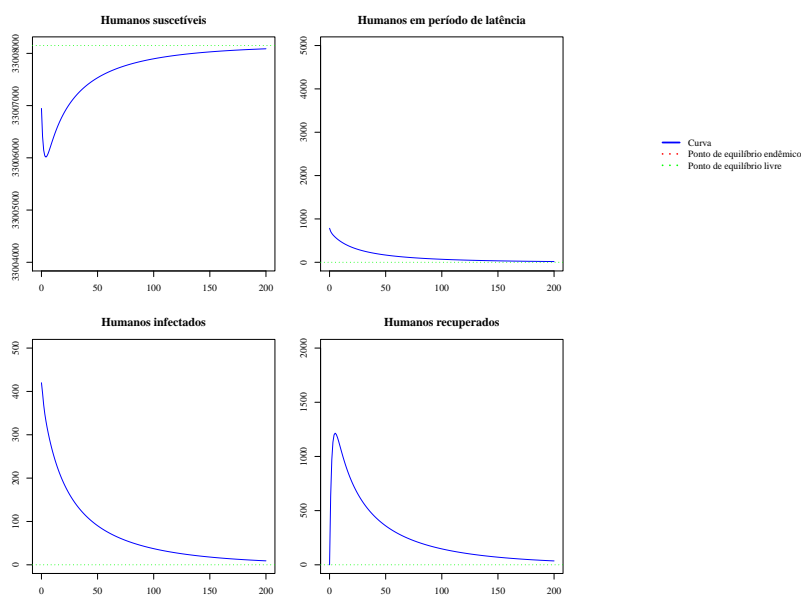
Assim, como  $\mathcal{R}_0 < 1$ , o sistema converge para o ponto de equilíbrio livre da doença. Como está presente na Figura 21, para a população de bovinos e para a população de humanos, na Figura 22.

Figura 21 – Tuberculose Bovina: dinâmica da população de bovinos, considerando a população de bovinos não constante.



Fonte: elaborado pela autora.

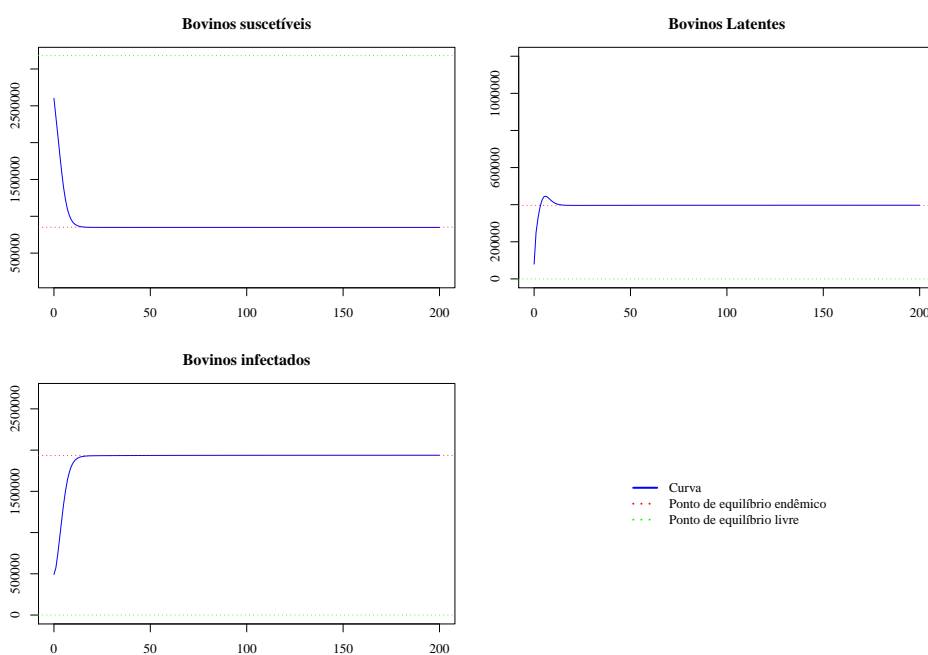
Figura 22 – Tuberculose Bovina: dinâmica da população de humanos, considerando a população de bovinos não constante.



Fonte: elaborado pela autora.

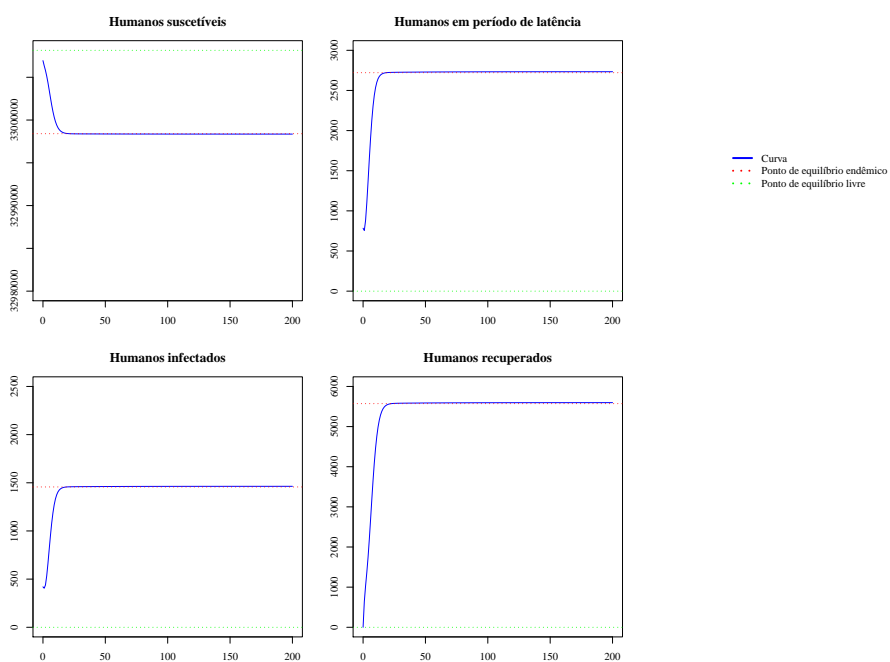
Ao considerarmos o  $\mathcal{R}_0 > 1$ , para isso basta aumentar a taxa de transmissão entre bovinos  $\beta_B$ , o sistema converge para o ponto de equilíbrio endêmico. Nas Figuras 23 e 24 considerou-se  $\beta_B = 0,9999$ . Assim,  $\mathcal{R}_0 = 3,738141 > 1$ .

Figura 23 – Tuberculose Bovina: dinâmica da população de bovinos, considerando a população de bovinos não constante.



Fonte: elaborado pela autora.

Figura 24 – Tuberculose Bovina: dinâmica da população de humanos, considerando a população de bovinos não constante.



Fonte: elaborado pela autora.

Nota-se que tanto para o ponto de equilíbrio livre da doença quanto para o endêmico, as simulações corroboram com os resultados teóricos obtidos na Seção 7.

## 9 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Neste trabalho foi apresentado um modelo de Equações Diferenciais Ordinárias para a doença Tuberculose Bovina, adaptado do modelo presente em Abakar et al. (2017), considerando populações constantes de humanos e bovinos, tendo em vista que o objetivo foi realizar a análise qualitativa do modelo, diferentemente do intuito de Abakar et al. (2017) que apresenta simulações numéricas. Assim sendo, foi realizada a análise qualitativa do modelo, tendo como base o trabalho de Aranda et al. (2012), exibindo-se os pontos de equilíbrio.

Foi apresentada a estabilidade assintótica local para ambos os pontos de equilíbrio, encontrando a taxa de reprodução básica, e mostrou-se também a estabilidade global do ponto de equilíbrio livre da doença, com a construção de uma função de Lyapunov. Foi realizado o estudo da sensibilidade da taxa de reprodução básica em relação a cada um dos parâmetros presentes no modelo, obtendo que a taxa de transmissão entre bovinos impacta diretamente na razão de reprodução básica, independente do valor dado a qualquer um dos parâmetros.

Foram realizadas simulações numéricas usando os dados presentes em Abakar et al. (2017), no programa R Core Team (2018), considerando os parâmetros constantes e variando apenas a taxa de transmissão entre bovinos e de bovinos para humanos, sendo que a variação da taxa de transmissão entre bovinos implica também na variação da taxa de reprodução básica. Pode-se notar que o modelo se estabiliza em todas as simulações realizadas, dessa forma as simulações estão de acordo com os resultados teóricos obtidos.

Tendo em vista que o modelo proposto considera populações de humanos e bovinos constantes, no Brasil, segundo os dados de 2010 a 2017, o estado que tem menor variação populacional é o Rio Grande do Sul. Dessa forma usou-se dados do RS para realizar uma simulação numérica do modelo proposto para a Tuberculose Bovina, entre os anos de 2010 e 2020, obtendo uma boa aproximação de acordo com os dados reais, pois o maior erro relativo entre os valores da simulação e os dados reais foi de  $6,022555 \times 10^{-3}$ .

Foi sugerido também um modelo para a Tuberculose Bovina considerando a população de bovinos não contante e a de humanos constante, sendo assim, fez-se a análise qualitativa para o ponto de equilíbrio livre da doença, para isto foram calculados os pontos de equilíbrio, mostrou-se a estabilidade local, encontrando a taxa de reprodução básica. Em trabalhos futuros, pretende-se realizar o estudo qualitativo do ponto de equilíbrio endêmico. Os dados foram adaptados para realizar a simulação numérica de tal modelo.

## Referências

- ABAKAR, M. F. et al. Transmission dynamics and elimination potential of zoonotic *tuberculosis* in morocco. **PLoS Negl Dis**, San Francisco, v. 11, n. 2, p. 1–17, fev. 2017. Disponível em: <<https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0005214>>. Acesso em: 08 jan. 2019.
- AGUSTO, F. B. et al. Mathematical analysis of a model for the transmission dynamics of bovine tuberculosis. **Mathematical Methods in the Applied Science**, Medford, v. 34, n. 15, p. 1873–1887, out. 2011. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mma.1486>>. Acesso em: 08 jan. 2019.
- ANDERSON, R. M.; MAY, R. M. **Infectious diseases of humans: dynamics and control**. Oxford: Oxford University Press, 1991. 768 p.
- ARANDA, D. F. et al. A mathematical model for babesiosis disease in bovine and tick populations. **Mathematical Methods in the Applied Science**, Medford, v. 35, n. 3, p. 249–256, fev. 2012. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/mma.1544>>. Acesso em: 08 jan. 2019.
- BAHIENSE, L. et al. Prevalence and risk factors for bovine tuberculosis in the state of Bahia, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3549–3560, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27260>>. Acesso em: 08 jan. 2019.
- BARBIERI, J. M. et al. Epidemiological status of bovine tuberculosis in the state of Minas Gerais, Brazil, 2013. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3531–3548, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27405>>. Acesso em: 08 jan. 2019.
- BARREIRA, L.; VALLS, C. **Equações diferenciais ordinárias: teoria qualitativa**. São Paulo: Livraria da Física, 2012. 204 p.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Programa Nacional de Controle e Erradicação da Brucelose e da Tuberculose Animal PNCEBT**. Brasília, 2006. 192 p. Disponível em: <[https://edisciplinas.usp.br/pluginfile.php/3315534/mod\\_resource/content/1/MANUAL\\_PNCEBT.pdf](https://edisciplinas.usp.br/pluginfile.php/3315534/mod_resource/content/1/MANUAL_PNCEBT.pdf)>. Acesso em: 08 jan. 2019.
- BRASIL. Ministério da Saúde. **Panorama da Tuberculose no Brasil: a mortalidade em números**. Brasília, 2016. 128 p. Disponível em: <[http://portal.arquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2016/outubro/15/panorama\\_tuberculose\\_brasil\\_mortalidade.pdf](http://portal.arquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2016/outubro/15/panorama_tuberculose_brasil_mortalidade.pdf)>. Acesso em: 08 jan. 2019.
- BRAUER, F.; NOHEL, J. **Qualitative theory of differential equations**. New York: Dower Publications, 1989. 320 p.
- CEPEA. ESALQ – USP. **PIB do agronegócio brasileiro de 1996 a 2018**. Piracicaba, 2018. Disponível em: <<https://www.cepea.esalq.usp.br/br/pib-do-agronegocio-brasileiro.aspx>>.

Acesso em: 08 jan. 2019.

CHITNIS, N.; HYMAN, J. M.; CUSHING, J. M. Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical model. **Bulletin of Mathematical Biology**, New York, v. 70, n. 5, p. 1272–1296, 2008. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs11538-008-9299-0>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

COHEN, J. E. Mathematics is biology's next microscope, only better; biology is mathematics' next physics, only better. **PLoS Biol**, San Francisco, v. 2, n. 12, p. 3639–3646, 2004. Disponível em: <<https://journals.plos.org/plosbiology/article?id=10.1371/journal.pbio.0020439>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

COIMBRA, W. R. **Extensão do princípio da invariância de La Salle para sistemas periódicos e sistemas Fuzzy**. 1998. 89 f. Tese (Doutorado em Engenharia Elétrica) — Universidade Federal de São Carlos, São Carlos. Disponível em: <<http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/18/18153/tde-04082016-143234/pt-br.php>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

COSIVI, O. et al. Zoonotic *Tuberculosis* due to *Mycobacterium bovis* in developing countries. **Emerging Infectious Diseases**, Atlanta, v. 4, n. 1, p. 59–70, jan./mar. 1998. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2627667/pdf/9452399.pdf>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

DATASUS. Departamento de Informática do SUS. **Indicadores demográficos**: taxa bruta de natalidade. Brasília, 2012. Disponível em: <<http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/idb2012/a07b.htm>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

DIAS, R. A. et al. Prevalence and risk factors for bovine tuberculosis in the state of São Paulo, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3673–3684, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27283>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

DIEKMANN, O.; HEESTERBEEK, J. A. P.; METZ, J. A. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio  $r_0$  in models for infectious diseases in heterogeneous populations. **Journal of Mathematical Biology**, Springer, v. 28, n. 4, p. 365–382, 1990. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1007/BF00178324>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

DUARTE, E. M. L. **Tuberculose bovina**: detecção e genotipagem de *Mycobacterium bovis*. 2008. 205 f. Tese (Doutorado em Engenharia Elétrica) — Universidade de Évora, Évora. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/10174/1998>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

EMBRAPA. **Informativo NESPro & Embrapa Pecuária Sul**: bovinocultura de corte no rio grande do sul. Porto Alegre, 2018. 126 p. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/documents/1355035/1529130/Informativo+Nespro+2018/5f6b178c-5e0e-41ea-a9ed-dc15d2f1325e>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

FEE. **Estimativas populacionais**. Porto Alegre, 2011. 126 p. Disponível em: <<https://www.fee.rs.gov.br/indicadores/populacao/estimativas-populacionais/serie-historica>>. Acesso

em: 08 jan. 2019.

FERREIRA NETO, J. S. et al. Analysis of 15 years of the national program for the control and eradication of animal *Brucellosis* and Tuberculosis, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3385–3402, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27292>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

GALVIS, J. O. A. et al. Epidemiologic characterization of bovine tuberculosis in the state of Espírito Santo, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3567–3578, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27262>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

GUEDES, I. B. et al. Prevalence and risk factors for bovine tuberculosis in the state of Mato Grosso do Sul, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3579–3588, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27264>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

HASSAN, A. S. et al. Dynamics of *Mycobacterium* and bovine *tuberculosis* in a human-buffalo population. **Computational and Mathematical Methods in Medicine**, Londres, v. 2014, p. 20, 2014. Disponível em: <<https://www.hindawi.com/journals/cmmm/2014/912306/>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

HOFFMAN, K.; KUNZE, R. A. **Linear algebra**. 2. ed. New Jersey: Prentice-Hall Inc, 1971. 407 p.

HUMBLET, M.-F.; BOSCHIROLI, M. L.; SAEGERMAN, C. Classification of worldwide bovine tuberculosis risk factors in cattle: a stratified approach. **Veterinary Research**, v. 40, n. 5, p. 1–24, set/out 2009. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19497258>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

IBGE. **Indicadores IBGE: estatística da Produção Pecuária**. Brasília, 2016. 126 p. Disponível em: <[ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao\\_Pecuaria/Fasciculo\\_Indicadores\\_IBGE/2016/abate-leite-couro-ovos\\_201604caderno.pdf](ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Pecuaria/Fasciculo_Indicadores_IBGE/2016/abate-leite-couro-ovos_201604caderno.pdf)>. Acesso em: 08 jan. 2019.

KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. **Proceedings of the Royal Society of London, Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character**, v. 115, n. 772, p. 700–721, 1927.

KHALIL, K. H. **Nonlinear systems**. 3. ed. New Jersey: Prentice-Hall Inc, 1996. v. 2. 750 p.

LEON, C. V. Constructions of lyapunov functions for classic sis, sir and sirs epidemic models with variable population size. **UNAM**, San Francisco, v. 37, n. 5, p. 3639–3646, 2016. Acesso em: 08 jan. 2019.

LIMA, E. F.; SILVA FILHO, J. P. d.; ARAUJO, A. F. d. S. **Dicionário de termos utilizados em Ecologia**. Parnaíba: UFPI, 2016. 182 p. ISBN 978-85-7463-743-1. Disponível em: <[https://www.ufpi.br/images/Dicion%C3%A1rio\\_de\\_Termos\\_Usados\\_em\\_Ecologia.pdf](https://www.ufpi.br/images/Dicion%C3%A1rio_de_Termos_Usados_em_Ecologia.pdf)>.



Acesso em: 08 jan. 2019.

LIMA, E. L. **Curso de análise 2**. 11. ed. Rio de Janeiro: IMPA - Projeto Euclides, 2014. v. 2. 574 p.

LIMA, P. B. et al. Epidemiological situation of bovine tuberculosis in the state of Pernambuco, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3601–3610, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27267/19927>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

MUELLER, B. et al. Tuberculose bovina: saúde animal e saúde pública. **Emerging Infectious Diseases**, Atlanta, v. 19, n. 6, p. 899–908, 2013. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4816377/>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

MURAKAMI, P. S. et al. Tuberculose bovina: saúde animal e saúde pública. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia da UNIPAR**, Umuarama, v. 12, n. 1, p. 67–74, 2009. Disponível em: <<http://revistas.unipar.br/index.php/veterinaria/article/view/2936>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

NESPOLI, J. M. B. et al. Epidemiological situation of bovine tuberculosis in the state of Mato Grosso, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3589–3600, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27266>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

PECT/RS. Secretaria de Estado da Saúde do RS. **Informe Epidemiológico: tuberculose**. Porto Alegre, 2018. 21 p. Disponível em: <<https://cevs.rs.gov.br/a-tuberculose-no-rio-grande-do-sul>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

PHEPA, P. B.; CHIROVE, F.; GOVINDER, K. S. Modelling the role of multi-transmission routes in the epidemiology of bovine tuberculosis in cattle and buffalo populations. **Mathematical Biosciences**, Elsevier, v. 277, p. 47–58, abr 2016. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0025556416300256>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

QUEIROZ, M. R. et al. Epidemiological status of bovine tuberculosis in the state of Rio Grande do Sul, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3647–3658, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27281>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Áustria, 2018. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

RIBEIRO, L. A. et al. Epidemiological status of bovine tuberculosis in the Federal District of Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3561–3566, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27261>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

RIO GRANDE DO SUL. Divisão de Defesa Sanitária Animal. **Relatório Anual de Atividades de Controle da Tuberculose e Brucelose no Rio Grande do Sul**. Porto Alegre, 2016. 31 p. Disponível em: <<http://www.agricultura.rs.gov.br/upload/arquivos/201702/20095844-pncebt-anual-2015-final.pdf>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

RIO GRANDE DO SUL. Divisão de Vigilância Epidemiológica. **Tuberculose no Rio Grande do Sul: relatório técnico 2014–2015**. Porto Alegre, 2016. 64 p. Disponível em: <<http://www.saude.rs.gov.br/upload/arquivos/201703/03114034-relatorio-tecnico-da-tuberculose-no-rio-grande-do-sul-2016.pdf>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

ROCHA, W. V. et al. Prevalence and herd-level risk factors of bovine tuberculosis in the state of Goiás, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3625–3628, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27278>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

RUSSI, L. dos S. et al. Atualização em tuberculose bovina. **Embrapa**, Campo Grande, v. 37, n. 5, p. 11, dez 2016. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/853365/1/COT121.pdf>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

SILVA, M. C. P. et al. Prevalence and herd-level risk factors for bovine tuberculosis in the state of Paraná, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3611–3624, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27277>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

SKUCE, R. A.; ALLEN, A. R.; MCDOWELL, S. W. bovine tuberculosis (TB): a review of cattle-to-cattle transmission, risk factors and susceptibility. **Bacteriology Branch Veterinary Sciences Division Agrifood and Biosciences Institute**, Belfast, p. 167, 2011. Disponível em: <<https://www.researchgate.net/publication/266017092>>. Acesso em: 08 jan. 2019.

SOUZA, G. R. de. **Critério de Hurwitz e Estabilidade de Equilíbrios**. 2005. 64 f. Dissertação (Mestrado em Matemática Aplicada) — Instituto de Ciências Exatas – UFMG, Belo Horizonte.

VENDRAME, F. B. et al. Epidemiologic characterization of bovine tuberculosis in the state of Rondônia, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 5, p. 3639–3646, 2016. Disponível em: <<http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/27280>>. Acesso em: 08 jan. 2019.