



UNICAMP

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE CAMPINAS**

**Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação**

Fernanda Paula Rocha

**Aplicação do Filtro de Kalman Estendido para  
estimação de populações em modelos  
epidemiológicos**

Campinas

2019

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE CAMPINAS  
Faculdade de Engenharia Elétrica e de  
Computação

Fernanda Paula Rocha

**Aplicação do Filtro de Kalman Estendido para  
estimação de populações em modelos epidemiológicos**

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação da Universidade Estadual de Campinas como parte dos requisitos exigidos para a obtenção do título de Mestra em Engenharia Elétrica, na área de automação.

Orientador: Mateus Giesbrecht

Coorientador: João Frederico da Costa Azevedo Meyer

Este exemplar corresponde à versão final da Dissertação defendida pela aluna Fernanda Paula Rocha e orientada pelo Prof. Dr. Mateus Giesbrecht.

Campinas

2019

Ficha catalográfica  
Universidade Estadual de Campinas  
Biblioteca da Área de Engenharia e Arquitetura  
Luciana Pietrosanto Milla - CRB 8/8129

R582a Rocha, Fernanda Paula, 1988-  
Aplicação do Filtro de Kalman Estendido para estimação de populações em modelos epidemiológicos / Fernanda Paula Rocha. – Campinas, SP : [s.n.], 2019.

Orientador: Mateus Giesbrecht.

Coorientador: João Frederico da Costa Azevedo Meyer.

Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual de Campinas, Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação.

1. Modelos epidemiológicos SIR. 2. Dinâmica populacional. 3. Filtro de Kalman Estendido. 4. Mosquito - Controle. 5. Febre amarela. I. Giesbrecht, Mateus, 1984-. II. Meyer, João Frederico da Costa Azevedo, 1947-. III. Universidade Estadual de Campinas. Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação. IV. Título.

Informações para Biblioteca Digital

**Título em outro idioma:** Application of an Extended Kalman Filter for population estimation in an epidemiological model

**Palavras-chave em inglês:**

SIR epidemiological model

Dynamic population

Extended Kalman Filters

Mosquito - Control

Yellow fever

**Área de concentração:** Automação

**Titulação:** Mestra em Engenharia Elétrica

**Banca examinadora:**

Mateus Giesbrecht [Orientador]

Rodney Carlos Bassanezi

Gilmar Barreto

**Data de defesa:** 15-07-2019

**Programa de Pós-Graduação:** Engenharia Elétrica

**Identificação e informações acadêmicas do(a) aluno(a)**

- ORCID do autor: <https://orcid.org/0000-0003-3913-0147>

- Currículo Lattes do autor: <http://lattes.cnpq.br/1109424085323484>

## COMISSÃO JULGADORA - DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

**Candidato:** Fernanda Paula Rocha RA: 179097

**Data da Defesa:** 15 de julho de 2019

**Título da Tese:** "Aplicação do Filtro de Kalman Estendido para estimação de populações em modelos epidemiológicos".

Prof. Dr. Mateus Giesbrecht (Presidente, FEEC/ UNICAMP)

Prof. Dr. Rodney Carlos Bassanezi (IMECC/UNICAMP)

Prof. Dr. Gilmar Barreto (FEEC/UNICAMP)

**A ata de defesa, com as respectivas assinaturas dos membros da Comissão Julgadora, encontra-se no SIGA (Sistema de Fluxo de Dissertação/Tese) e na Secretaria de Pós- Graduação da Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação.**

*Dedico este trabalho à minha mãe, mulher guerreira e de fibra que se esforçou para me proporcionar a melhor educação.*

# Agradecimentos

Agradeço imensamente a minha mãe, por toda paciência, apoio integral e ajuda envolvida para elaboração deste trabalho. Aos meus queridos orientadores, que sempre abordaram as nossas reuniões de trabalho da melhor maneira possível, sem nunca ter permitido que o desalento se instalasse, mesmo quando as coisas não corriam bem.

Aos meus amigos Silvia, Vini, Nilmara, Lisbeth, Priscila, Tiese, Ana Claudia, David, Ricardo e Celso, que passaram por esse momento tão difícil da minha vida sendo companheiros e belos ouvintes. Agradeço as longas conversas, os telefonemas e preocupação, assim como o incentivo ao desenvolvimento deste trabalho. Agradecimentos especiais a minha namorada Laila, pelo apoio incondicional durante essa jornada.

Agradeço o apoio parcial da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), este não sendo bolsa.

Agradeço pela concessão da bolsa de estudos pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) - Processo nº 132599/2017-1.

Agradeço a Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), ao programa de pós-graduação da Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação e ao Departamento de Componentes Semicondutores, Instrumentos e Fotônica (DSIF).

*"Acredito que, no correr do próximo século, a ideia de que é dever da mulher ter filhos mudará, e abrirá caminho para o respeito e admiração a todas as mulheres, que carregam seus fardos sem reclamar e sem um monte de palavras pomposas!"*

*Anne Frank*

# Resumo

Pretende-se neste trabalho, estimar a população dos mosquitos transmissores da febre amarela no Brasil através de observadores de estado aplicados a um modelo epidemiológico estendido SIR. Nesse modelo são utilizados dados estatísticos informados por órgãos oficiais do governo e taxas de natalidade, mortalidade, infecção e recuperação e, a partir desses dados, consegue-se estimar a população de mosquitos. A dinâmica das classes de populações (humanos e mosquitos) é interligada, sendo representada por um modelo contínuo não linear, em que cada população é representada por uma equação diferencial ordinária, compondo assim um sistema cuja apresentação é realizada em espaço de estado, tendo como estados as classes de populações e como parâmetros as taxas de natalidade, mortalidade, infecção e recuperação. O modelo contínuo foi discretizado e em seguida, foi aplicado um observador de estado para sistemas não lineares, sendo ele o Filtro de Kalman Estendido, para estimar a quantidade de indivíduos em cada classe da população dos mosquitos. O comportamento dinâmico estimado para as classes de população de mosquitos foi conforme o esperado, comprovando que os observadores de estado podem ser usados para estimar esse tipo de variável. A estimativa permite que se criem políticas públicas efetivas de controle.

**Palavras-chave:** Modelos epidemiológicos SIR, Dinâmica populacional de mosquitos, Estimações de estado, Febre amarela, Filtro de Kalman Estendido.

# Abstract

In this master's thesis we estimate the number of the population of mosquitoes of yellow fever in Brazil, based on state observers applied in the extended SIR epidemiological model. In this proposed model we use statistical data of birth, mortality, infection, and recovery rates, which are provided by official government agencies, in order to estimate the mosquitoes population. The dynamics of the classes of populations (humans and mosquitoes) are interconnected, represented by a non-linear continuous model what each population is described by an ordinary differential equation, composing a state-space system with states given by the subclasses of populations and the parameters given by the aforementioned rates. We discretize the continuous model and apply a state observer, called Extended Kalman Filter, for the non-linear system in order to estimate the number of individuals of each population of mosquitoes. The estimated dynamical behaviour corroborates that the state observers may be used to estimate these types of variables. The estimation allows for the planning of effective public control policies.

**Keywords:** SIR epidemiological model, Dynamic population of mosquitoes, Estimation of states, Yellow fever, Kalman Filter Extended.

# Lista de ilustrações

Figura 1 – Dados da população de suscetíveis obtidos do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística do período de 1980 a 2017. . . . .	14
Figura 2 – Dados da população de infectados e recuperados obtidos do Ministério da Saúde do período de 1980 a 2017. . . . .	15
Figura 3 – Diagrama compartimental do modelo <i>SIS</i> . . . . .	16
Figura 4 – Diagrama compartimental do modelo <i>SEIR</i> . . . . .	16
Figura 5 – Diagrama compartimental do modelo <i>SIR</i> . . . . .	41
Figura 6 – Diagrama compartimental do modelo que indica as interações entre as populações de humanos e mosquitos. Fonte: autoria própria. . . . .	45
Figura 7 – Solução numérica da população de suscetíveis ao longo de 350 meses. . . . .	57
Figura 8 – Solução numérica da população de infectados e recuperados ao longo de 350 meses. . . . .	58
Figura 9 – Solução numérica da população de mosquitos portadores e não portadores da doença ao longo de 350 meses. . . . .	58
Figura 10 – Solução numérica da população de suscetíveis ao longo de 350 meses. . . . .	59
Figura 11 – Solução numérica da população de infectados e recuperados ao longo de 350 meses. . . . .	59
Figura 12 – Solução numérica da população de mosquitos portadores e não portadores do vírus ao longo de 350 meses. . . . .	60
Figura 13 – Estimativas das populações de humanos suscetíveis a doença no período de 1980 a 2017. . . . .	62
Figura 14 – Estimativas das populações de humanos que foram infectados pelo vírus no período de 1980 a 2017. . . . .	62
Figura 15 – Estimativas das populações de humanos que se recuperaram da doença no período de 1980 a 2017. . . . .	63
Figura 16 – Estimativas das populações de mosquitos não portadores do vírus no período de 1980 a 2017. . . . .	63
Figura 17 – Estimativas das populações de mosquitos portadores do vírus no período de 1980 a 2017. . . . .	64

# Sumário

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	<b>13</b>
1.1	Febre amarela no Brasil	14
1.2	Modelos epidemiológicos	15
1.3	Estudo de sistemas dinâmicos em engenharia	17
1.4	Organização da dissertação	18
<b>2</b>	<b>Sistemas dinâmicos discretos</b>	<b>19</b>
2.1	Modelos matemáticos para descrição de sistemas dinâmicos	19
2.2	Conceitos básicos de espaço de estados	20
2.3	Sistemas dinâmicos discretos	22
2.4	Modelos matemáticos	24
2.5	Conclusão	25
<b>3</b>	<b>Observadores de estados</b>	<b>26</b>
3.1	Estimação por projeção ortogonal	26
3.2	Filtro de Kalman	29
3.3	Filtro de Kalman Estendido	34
3.3.1	Linearização	35
3.3.2	Linearização de sistemas em espaço de estados	35
3.4	Estimadores de estado para sistemas não lineares	36
3.5	Conclusão	37
<b>4</b>	<b>Modelos Epidemiológicos</b>	<b>39</b>
4.1	Algumas doenças infecciosas e sua modelagem	39
4.2	Modelo SIR	40
4.3	Conclusão	43
<b>5</b>	<b>Metodologia</b>	<b>44</b>
5.1	Descrição do Modelo Matemático	45
5.2	Análise de estabilidade dos pontos estacionários do modelo contínuo	47
5.2.1	Equilíbrio trivial	50
5.2.2	Equilíbrio livre do mosquito	50
5.2.3	Equilíbrio do mosquito	51
5.2.4	Equilíbrio livre da doença	52
5.3	Modelo contínuo no espaço de estado	53
5.4	Discretização do modelo contínuo	54
5.5	Pontos estacionários do modelo discreto	54
5.6	Modelo discreto no espaço de estados	56
5.7	Conclusão	56

<b>6</b>	<b>Resultados</b>	<b>57</b>
6.1	Realização do ajuste de parâmetros	57
6.2	Estimando as populações de mosquitos	60
6.2.1	Resultado da simulação	61
6.3	Conclusão	64
<b>7</b>	<b>Conclusão</b>	<b>66</b>
	<b>REFERÊNCIAS</b>	<b>68</b>

# Capítulo 1

## Introdução

A Epidemiologia consiste no estudo dos fatores relacionados à saúde de uma determinada população, visando prevenir e controlar problemas de saúde. Desta forma, esta ciência tem sido fundamental ao longo dos anos, uma vez que permite a compreensão do comportamento de uma doença em relação a uma população específica.

Para estudar analítica e numericamente determinada população exposta a uma doença, é necessário compreender previamente o impacto desta última sobre os indivíduos acometidos. Partindo de informações empíricas, observações biológicas, acerca da ação de risco, é então possível decidir em quantos e quais compartimentos é ideal subdividir a população a fim de obter uma caracterização rica o suficiente para que o modelo possa fornecer bons resultados, que indiquem o comportamento futuro da doença, e simples o suficiente para que o problema seja matematicamente tratável, criando simulações úteis para a saúde pública (YANG, 2001).

Este trabalho versa sobre a análise do comportamento da febre amarela entre os períodos de 1980 a 2017, com o monitoramento realizado pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) e pelo Ministério da Saúde (MS), conforme pode ser visto nas Figuras 1 e 2, respectivamente. Através de conhecimentos biológicos básicos da dinâmica da doença, desenvolve-se um modelo matemático que representa a sua dinâmica na população. Após sua elaboração, foram aplicados os observadores de estados, realizando as estimações das populações de mosquitos portadores e não portadores do vírus em questão.

Pensou-se em retratar este cenário usando modelagem matemática, considerando quais as ferramentas mais adequadas. Neste caso, optou-se por realizar as estimações das populações de mosquitos portadores e não portadores do vírus de um modelo matemático que explique a evolução da febre amarela no país, com a finalidade de analisar o comportamento da doença ao longo de um período determinado.

## 1.1 Febre amarela no Brasil

Atualmente, o Brasil enfrenta um dos maiores surtos de febre amarela, após um período em que a doença parecia estar controlada. Apesar dos esforços do governo para vacinar as populações que estão em áreas consideradas de risco, o vírus aumentou sua área de circulação. Novas áreas foram surgindo a medida que novos casos foram detectados em locais que ainda não

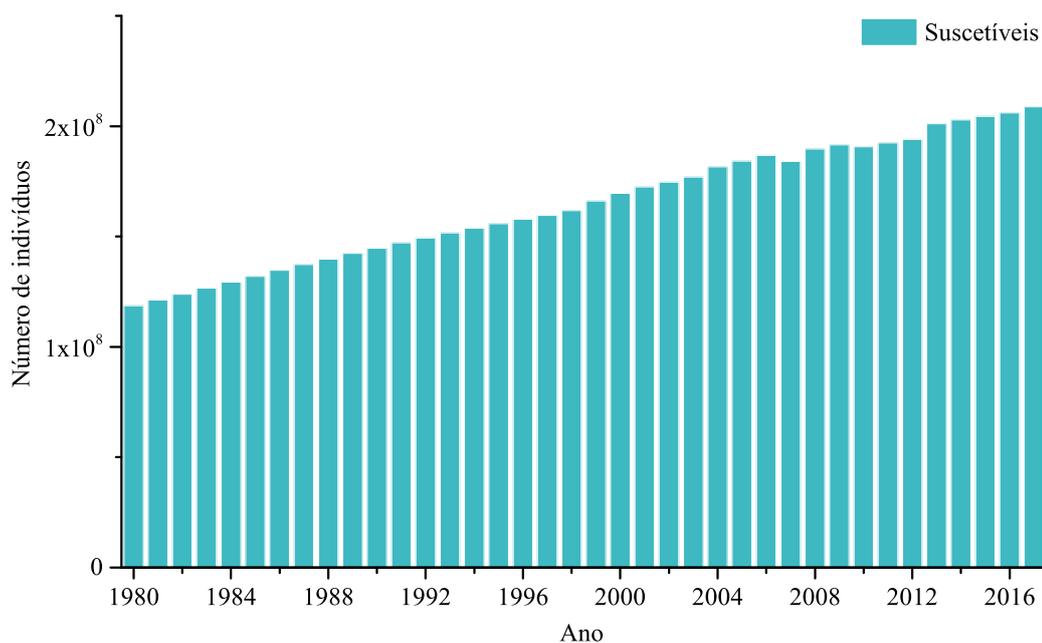


Figura 1 – Dados da população de suscetíveis obtidos do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística do período de 1980 a 2017.

tinham sido afetados pela epidemia (BRASIL, 2017). O vírus expandiu sua área de circulação no Brasil, mais especificamente em alguns estados no sul e sudeste do país, atingindo números alarmantes de casos no período de 2017, contribuindo para o aumento da epidemia, o que pode ser verificado na Figura 2.

Em um estudo realizado por pesquisadores do Instituto Oswaldo Cruz (IOC/Fiocruz) e publicado por (ABREU et al., 2019), foi realizada a análise do genoma de vírus coletados entre os períodos de 2015 e 2018, constatando que os mosquitos silvestres *Haemagogus janthinomys* e *Haemagogus leucocelaenus* são os principais vetores que ocasionaram o recente surto de febre amarela que atingiu principalmente a região da mata atlântica, que não possuía registros da doença desde a década de 40. Em (FARIA et al., 2018), reforça-se a ideia que o vírus foi introduzido em Minas Gerais, com início na região Norte do Brasil, se espalhando rapidamente após os primeiros casos, percorrendo em média 4,5 km por dia.

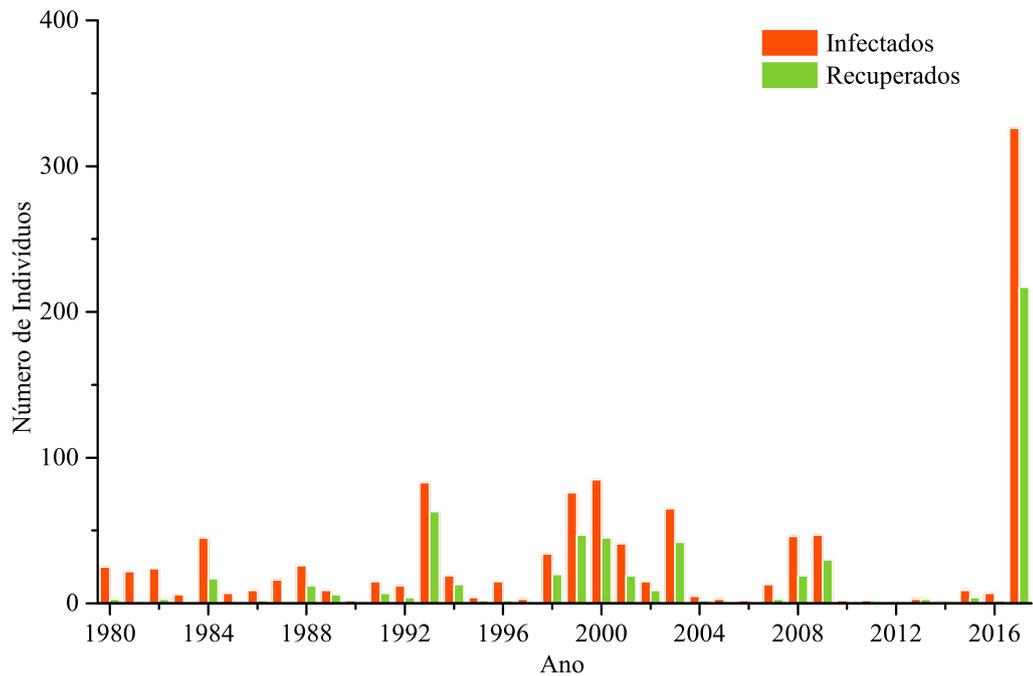


Figura 2 – Dados da população de infectados e recuperados obtidos do Ministério da Saúde do período de 1980 a 2017.

Dados coletados indicam que atualmente estamos no ciclo silvestre. Nesta fase a doença é adquirida por primatas que, portadores do vírus, permitem que mais mosquitos se tornem portadores. Uma suposição para o rápido avanço do vírus, considerando a locomoção natural de macacos e mosquitos na região, é também o tráfico de animais ou veículos transportando insetos infectados, acelerando a dispersão do vírus. Nesta situação, os macacos servem como alertas, por serem vítimas da doença podem indicar um possível foco da doença e ajudar em seu controle. A falta deles leva a um desequilíbrio ambiental, já que os mosquitos transmissores que habitam o alto das árvores onde preferem picar macacos, com sua ausência, optam por voar mais baixo e procurar outra fonte de alimentação. E é a partir da picada em outros animais ou pessoas que o ciclo se renova e mais mosquitos podem contrair o vírus e continuar a aumentar o seu número significativamente.

## 1.2 Modelos epidemiológicos

O estudo da dinâmica de uma doença através de modelos matemáticos tem grande importância ao se observar sua proliferação e com isso ter uma melhor compreensão dos seus mecanismos de transmissão e assim conseguir planejar estratégias de controle mais efetivas, auxiliando na análise do comportamento de epidemias em humanos e animais (CLANCY,

1999). Nesta jornada de compreensão do comportamento de doenças, existem alguns modelos matemáticos epidemiológicos na literatura que contribuem para o seu entendimento, como o modelo *SIS*, que divide a população em suscetíveis e infectados, considerando que os indivíduos que se recuperam da doença não obtêm imunidade. Esta análise pode ser melhor visualizada na Figura 3, com o parâmetro  $\beta$  denotando a taxa dos indivíduos suscetíveis que contraem a doença e tornam-se infectados e  $\sigma$  referindo-se ao indivíduo que se recupera da enfermidade e rapidamente torna-se suscetível. Do contrário, o modelo *SIR*, que serve de base na elaboração do modelo epidemiológico da febre amarela neste trabalho, considera que após a infecção o indivíduo adquire imunidade ao menos temporária. Mais informações deste quadro são apresentadas no Capítulo 4. Este modelo também tem como característica as doenças que causam num indivíduo a capacidade de infectar outras pessoas imediatamente após a sua infecção.

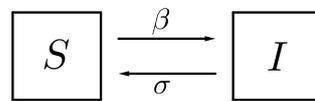


Figura 3 – Diagrama compartimental do modelo *SIS*.

Algumas doenças têm o que se chama de fase latente ou exposta, que é quando o agente causador da doença permanece inativo durante algum tempo, durante o qual é dito que o indivíduo está infectado mas não infeccioso, sendo o modelo *SEIR* o mais recomendado em casos com estas características. Por exemplo, a catapora e até mesmo as doenças transmitidas por vetores, como a febre hemorrágica da dengue, têm uma longa duração de incubação em que o indivíduo ainda não pode transmitir o agente patogênico a outras pessoas. A Figura 4 mostra como os indivíduos se deslocam através de cada compartimento no modelo. Deste modo, a taxa de infecção  $\beta$  representa a probabilidade de transmissão da doença entre um indivíduo suscetível e um indivíduo infeccioso. A taxa de incubação  $\gamma$  representa os indivíduos latentes se tornando infecciosos e a taxa de recuperação  $\delta$ .

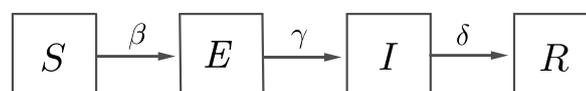


Figura 4 – Diagrama compartimental do modelo *SEIR*.

Estes e muito outros modelos que auxiliam na modelagem epidemiológica com base nas suas principais características envolvidas podem ser encontrados em (MARTCHEVA, 2015) que realiza uma introdução para os métodos e ferramentas que são hoje amplamente usados na literatura de epidemiologia matemática. O livro começa tratando de conceitos básicos na modelagem epidemiológica e ao final tornando o assunto mais complexo e abrangente. Outra referência importante e amplamente usada no estudo de modelagem é (EDELSTEIN-KESHET,

2015), que se concentra na área de biologia matemática, com um tratamento introdutório de modelos de equações diferenciais parciais nos capítulos finais. Por mais que se trate de modelagem biológica em sua maioria, a modelagem matemática de doenças tem fundamentos na modelagem de sistemas ecológicos, principalmente em situações em que se deseja estudar a dinâmica da interação entre duas ou mais espécies que se relacionam entre si, como por exemplo o vírus e o ser humano. Outra referência de igual importância é de (MURRAY, 2007), neste apenas alguns dos conceitos básicos de modelagem são discutidos, como na ecologia e, em menor grau, na epidemiologia. Em (EARN et al., 2008), são apresentadas as principais ferramentas matemáticas que serão úteis na análise de modelos e alguns estudos de caso como exemplos. Em (CAPASSO, 1993) pode ser encontrada diversas abordagens que fornecem um sistema para organizar e analisar muitos modelos epidemiológicos. Um estudo sobre a estimação da população de mosquitos da febre amarela é realizado em (ROCHA; GIESBRECHT; MEYER, 2019). Por fim, em (CHOWELL et al., 2009) é apresentada como uma opção ao leitor o estudo da modelagem epidemiológica estocástica.

Deve-se ressaltar, entretanto, que as descrições matemáticas nos modelos epidemiológicos, bem como nos modelos biológicos em geral, não explicitam totalmente as características reais da doença, mas procuram aproximar características importantes na sua realização. Modelos matemáticos como um todo são desenvolvidos para ajudar a explicar um sistema, estudar os efeitos de seus vários componentes e fazer previsões sobre o seu comportamento e, claro, relacionar esses resultados com a biologia real ou epidêmica.

### 1.3 Estudo de sistemas dinâmicos em engenharia

Nessa parte do capítulo, se faz necessária uma breve explanação sobre a contribuição da engenharia no estudo de sistemas dinâmicos, com estes sendo descritos através de modelos em espaço de estado. Algumas opções para realizar um estudo introdutório são (GEROMEL; PALHARES, 2004) e (AGUIRRE, 2015). Como os estados normalmente não são mensuráveis, foi desenvolvida uma série de algoritmos para realizar a observação de estado tanto para o caso linear, um exemplo é o Filtro de Kalman (FK), desenvolvido por (KALMAN, 1960), quanto no caso não linear, como o Filtro de Kalman Estendido (FKE) (SMITH; SCHMIDT; MCGEE, 1962), o Filtro de Kalman Unscented (FKU) proposto por (JULIER; UHLMANN, 1997) e o Filtro de Partículas (FP) apresentado por (GORDON; SALMOND; SMITH, 1993). Outros trabalhos foram desenvolvidos pelo grupo de pesquisa do Laboratório de Controle e Sistemas Inteligentes - LCSi, do qual esta pesquisadora faz parte, para a modelagem de sistemas dinâmicos em espaço de estado desde o início dos anos 2000, como (GIESBRECHT, 2013), (BARRETO, 2002) e também para a observação de estados, como (BERCI, 2008).

Os modelos epidemiológicos em geral podem ser vistos como modelos em espaço de estado e o uso de estimadores de estado neste tipo de modelo é de grande importância, com este

podem obter informações sobre variáveis do modelo que não são diretamente mensuráveis. A construção de instrumentos com variáveis que possuem essa característica é objeto de estudo há muitos anos, com o objetivo principal de medir grandezas que não são mensuráveis diretamente.

Nesta pesquisa é desenvolvida a relação entre duas áreas de grande importância, com o objetivo principal sendo a análise e o controle da febre amarela. A biomatemática é responsável pelo estudo da doença e na construção do seu modelo e, na área de controle e automação, é desenvolvida a parte das estimativas da população dos mosquitos transmissores da doença e dos não transmissores através do Filtro de Kalman Estendido (FKE). Essas estimativas são realizadas considerando dados que foram obtidos por órgãos oficiais do governo e tendo como variáveis desconhecidas as populações que são estimadas ao longo do período.

## 1.4 Organização da dissertação

Este trabalho está estruturado de forma que todos os conhecimentos abordados para sua conclusão sejam explicitados ao longo do mesmo. No Capítulo 2 tem-se uma breve explicação sobre sistemas dinâmicos discretos e conceitos básicos de espaço de estados, que serão necessários para melhor entendimento nos capítulos que se seguem. Em especial, no Capítulo 3, é elucidado o observador de estado que será usado para realizar as estimativas das populações de mosquitos entre os períodos de 1980 a 2017, sendo este o Filtro de Kalman Estendido (FKE). No Capítulo 4 são explanados alguns modelos epidemiológicos e em particular o modelo que serve de base para a construção do modelo epidemiológico da febre amarela. No capítulo seguinte, são apresentadas as características da doença que foram consideradas para o desenvolvimento do modelo e sua estrutura.

O Capítulo 6 compreende todos os resultados e simulações realizadas, incluindo o modelo do Capítulo 5 em espaço de estados. Após este capítulo são realizados comentários e apresentadas as conclusões do trabalho.

# Capítulo 2

## Sistemas dinâmicos discretos

O principal objetivo deste capítulo é deixar o leitor suficientemente à vontade com a modelagem matemática e, com isso entender o que foi proposto para a construção inicial deste trabalho. Para que isso ocorra, na Seção 2.1 será introduzida a ideia de modelo matemático em aspectos gerais, bem como a introdução de conceitos básicos de espaço de estados com respeito a sistemas dinâmicos e sua representação em tempo contínuo na Seção 2.2. Por fim, na Seção 2.3 é realizada a descrição de sistemas dinâmicos discretos e sua representação em espaço de estados pois, ao longo do trabalho, a modelagem realizada será relacionada com esse tipo de situação. Seu escopo será ainda mais ilustrado por capítulos subsequentes.

### 2.1 Modelos matemáticos para descrição de sistemas dinâmicos

Segundo (OGATA; YANG, 2002), define-se o modelo matemático de sistemas dinâmicos como sendo o conjunto de equações que representam a dinâmica de um sistema. O modelo matemático é o primeiro passo para a realização de sistemas dinâmicos e, para criar um modelo matemático para um sistema dinâmico, precisamos decidir qual é a variável que irá evoluir com o tempo e qual é a regra que especifica como esse sistema físico evolui com o tempo.

É preciso entender que um modelo matemático é, na melhor das hipóteses, um conjunto de fórmulas e/ou equações independentes, baseado em uma descrição quantitativa aproximada dos fenômenos reais e criado na esperança de que o comportamento previsto seja consistente com o comportamento real em que se baseia. Sua precisão está sujeita às suposições e exigências feitas pelo pesquisador. Neste caso, usa-se um modelo compartimental *SIR*, o qual será apresentado com mais detalhes no Capítulo 4, com interpretações próximas às características gerais da febre amarela, a fim de obter uma melhor modelagem do problema.

Uma boa ferramenta de modelagem de sistema dinâmicos multivariáveis, ou seja, com mais de uma entrada e/ou mais de uma saída, é a abordagem em espaço de estados. Esse

método é utilizado neste trabalho conforme exposto detalhadamente na Seção 6.2.

Para (LEDDER, 2013), o sucesso da modelagem surge da interação de duas ações: teoria e observação. Teoria sem observação nada mais é que uma fábula, e observação sem teoria nada mais é do que uma coleção de fatos desarticulados, sendo o progresso na ciência possível apenas combinando-os. A teoria é usada para explicar e unificar observações e prever resultados de experimentos futuros e as observações são usadas para motivar e verificar a teoria. A conexão entre as duas ações rege o comportamento da modelagem matemática. Ressaltando que o uso da palavra "observação" neste texto caracteriza tanto as observações do mundo natural quanto a observações dirigidas por experimentos.

Na realização da modelagem, alguns esforços devem ser necessários, como determinar valores de parâmetros e/ou interpretar resultados em contexto, mas todo ou a maior parte do esforço em problemas de aplicação é na obtenção de soluções matemáticas. Podemos usá-las para questões restritas que exijam respostas numéricas, mas também para questões gerais sobre comportamento geral (por exemplo, para quais faixas de valores de parâmetros uma população será extinta?).

Com o intuito de prever ou estimar o crescimento de uma dada população, é necessário um modelo dinâmico, tais modelos também podem ser úteis caso se pretenda estimar a densidade de mosquitos *aedes aegypti* em uma comunidade afetada pela dengue, como realizado em (MASSAD et al., 2017). Esses modelos também podem ser usados para avaliar outras dinâmicas biológicas, por exemplo, o controle na gestão das pescas em que se pretende manter a pesca a um nível sustentável e maximizar a captura média durante longos períodos de tempo, como realizado em (SOUZA, 2018). No entanto, este trabalho se preocupa com a modelagem de doenças infecciosas e sua disseminação em populações, mas em princípio a modelagem matemática pode ser aplicada a qualquer sistema, biológico ou não.

## 2.2 Conceitos básicos de espaço de estados

De acordo com (OGATA; YANG, 2002), a tendência nos sistemas de engenharia é se tornarem mais complexos do que já são, devido principalmente ao fato de que tarefas mais complexas e precisas são cada vez necessárias. Sistemas complexos podem ter múltiplas entradas e múltiplas saídas que podem ser variantes ao longo do tempo. Devido à necessidade de atender requisitos cada vez mais rigorosos no comportamento dos sistemas de controle, ao aumento da complexidade dos sistemas e ao acesso a computadores digitais, a moderna teoria de controle, que é uma abordagem para análise e projeto de sistemas de controle complexos, foi desenvolvida a partir de meados do século passado. Esta nova abordagem é baseada no conceito de estado. O conceito de estado por si só não é novo, já que existe há algum tempo no campo da dinâmica clássica e em outros campos.

Para analisar tal sistema, é essencial reduzir a complexidade nas expressões matemáticas e, quando necessário (e possível) recorrer a computadores para realizar os cálculos complexos daí inerentes. A abordagem de espaço de estados para análise de sistemas pode ser mais adequada sob este ponto de vista.

O espaço de estados de um sistema dinâmico é o conjunto de todos os estados possíveis do sistema. Cada coordenada é uma variável de estado e os valores de todas as variáveis de estado descrevem completamente o estado do sistema. Em outras palavras, cada ponto no espaço de estados corresponde a um estado diferente do sistema.

É indispensável que se definam alguns conceitos básicos de espaço de estados, como estado, variáveis de estado, vetor de estados e espaços de estados (OGATA; YANG, 2002), visto que os mesmos serão utilizados para auxiliar na resolução do problema em questão nesta pesquisa.

O estado de um sistema dinâmico é o menor conjunto de variáveis, que são chamadas variáveis de estado, tal que o conhecimento do modelo do sistema, destas variáveis em  $t = t_0$  juntamente com a entrada para  $t \geq t_0$ , estabeleça completamente o comportamento do sistema para qualquer instante  $t \geq t_0$ . Consequentemente, o estado de um sistema dinâmico causal no instante  $t$  é determinado pelo estado no instante  $t_0$  e a entrada para  $t \geq t_0$ .

As variáveis de estado são o menor conjunto de variáveis que determina o estado do sistema dinâmico. Se pelo menos  $n$  variáveis  $x_1, x_2, \dots, x_n$  descrevem completamente o comportamento de um sistema dinâmico (de modo que, uma vez dados a entrada para  $t \geq t_0$  e o estado inicial em  $t = t_0$ , o estado futuro do sistema é determinado completamente), então essas  $n$  variáveis são um conjunto de variáveis de estado.

Se  $n$  variáveis de estado são necessárias para descrever completamente o comportamento de um dado sistema, então estas  $n$  variáveis de estado podem ser consideradas como as  $n$  componentes de um vetor  $x(t)$ , tal vetor é chamado de vetor de estados.

O espaço  $n$ -dimensional cujos os eixos e coordenadas são os eixos  $x_1, x_2, \dots, x_n$  é chamado de um espaço de estados.

A representação do modelo contínuo no espaço de estados é da forma:

$$\dot{x}(t) = A_c x(t) + B_c u(t), \quad (2.1)$$

$$y(t) = C_c x(t) \quad (2.2)$$

com  $t \in \mathbb{R}_+$ .

Sendo  $A_c \in \mathbb{R}^{n \times n}$  a matriz de transição de estado,  $B_c \in \mathbb{R}^{n \times m}$  a matriz de entrada,  $\dot{x}(t)$  é a derivada da variável de estado no tempo,  $y(t) \in \mathbb{R}^{p \times 1}$  é o vetor de saída,  $x(t) \in \mathbb{R}^{n \times 1}$  é o vetor de estado,  $u(t) \in \mathbb{R}^{m \times 1}$  o vetor de entrada, e a matriz de saída  $C_c \in \mathbb{R}^{p \times n}$ .

A representação do espaço de estados é um modelo matemático de um sistema físico

ou biológico com as variáveis de entrada, saída e estado compostas por equações diferenciais de primeira ordem. A representação do espaço de estados oferece uma maneira adequada e compacta de modelar e analisar sistemas com múltiplas entradas e saídas.

## 2.3 Sistemas dinâmicos discretos

Na tentativa de descrever matematicamente uma situação, deve-se optar entre modelos discretos ou contínuos, que lidam com o evento estudado em valores absolutos ou com a densidade de eventos respectivamente. Modelos contínuos recorrem a equações diferenciais enquanto modelos discretos fazem uso de equações de diferenças.

Equações diferenciais são às vezes mais passíveis de solução analítica do que as equações de diferenças. Por exemplo, a equação diferencial logística de fato tem uma solução explícita (ou seja, uma fórmula que fornece o valor da população em todos os momentos). Talvez por isso, antes da chegada dos computadores digitais, as equações diferenciais eram a principal escolha na construção de um modelo matemático (ALLMAN; RHODES, 2004).

Ainda para (ALLMAN; RHODES, 2004), as equações de diferenças são mais apropriadas em situações nas quais existem passos de tempo discretos naturais, um exemplo seria modelar populações de insetos, que tendem a ter históricos de vida bastante rígidos, com estágios de desenvolvimento bem definidos e expectativa de vida. Também pode ocorrer que as informações sejam fornecidas apenas discretamente, dificultando o uso de soluções contínuas, tornando as equações de diferenças bem mais adequadas na modelagem. Agora que os computadores estão prontamente disponíveis, as equações de diferenças podem também serem estudadas através de experimentos numéricos.

Assim, sistemas dinâmicos representam a evolução de algumas quantidades ao longo do tempo, essa evolução pode ocorrer continuamente ou em etapas discretas. Aqui, nós introduzimos sistemas dinâmicos em que o estado do sistema evolui em etapas de tempo discreto, isto é, o modelo de tempo contínuo será modificado para um modelo de tempo discreto, como enunciado anteriormente. Deste modo, o sistema tem seu estado modificado durante os instantes de tempo  $\{t_0, t_1, t_2, \dots\}$ . No intervalo de tempo entre dois desses momentos, é suposto que o estado e a entrada permaneçam constantes (hipótese do segurador de ordem zero) e o intervalo de tempo entre diferentes pares de instantes sucessivos  $t_n$  e  $t_{n+1}$  não tem que ser o mesmo.

Explora-se o uso desse sistema na modelagem de fenômenos biológicos como a dinâmica populacional e a epidemiologia, mostrando o efeito no comportamento dos modelos decorrente da variação das constantes associadas a cada equação. A ideia é que existem ações relativamente curtas e sincronizadas (por exemplo, estações de reprodução) que permitem ignorar o comportamento dentro do período de tempo para o propósito do modelo. Uma visão alternativa de modelos discretos é que eles são discretizações de modelos de tempo contínuo. Ou seja, nós

não podemos realmente observar os organismos continuamente, então apenas monitoramos as quantidades de interesse em intervalos discretos. Um exemplo seria a localização de indivíduos (que se movem continuamente, mas só observamos em intervalos discretos). Esta é a noção básica da análise de séries temporais, que são abordagens estatísticas para descrever, prever e controlar o comportamento de um sistema que dependente do tempo.

Na verdade, como a maioria dos modelos mais elaborados de equações diferenciais não são explicitamente solucionáveis, aqueles que os utilizam frequentemente recorrem atualmente ao uso de computadores digitais para efetuar simulações, o que é realizado ao longo deste trabalho. Como os computadores digitais funcionam discretamente, os modelos devem primeiro ser traduzidos em uma forma discreta, isso pode significar usar uma abordagem como um método de Euler para aproximar as equações diferenciais, por exemplo, simulando a equação diferencial por meio de uma equação a diferenças. No final, ambas as equações a diferenças e diferenciais são ferramentas valiosas para investigar sistemas biológicos.

Uma vez elaborado o modelo matemático, é necessário aplicar o observador de estado, a fim de realizar as estimações que são estudo deste trabalho. Neste caso é realizada a discretização do sistema que está em tempo contínuo para um sistema em tempo discreto. Portanto, resolve-se a equação diferencial de forma aproximada, pelo método numérico que, neste caso, é realizada pela aproximação explícita de Euler

$$\dot{x} \approx \frac{x(k+1) - x(k)}{h},$$

sendo que  $h$  é o intervalo de integração. Supõe-se que este intervalo seja suficientemente pequeno de forma que a equação de diferenças aproxime a equação diferencial.

Deste modo, o modelo de sistema dinâmico discreto pode ser representado matematicamente no espaço de estados pelas relações abaixo:

$$x(k+1) = A_d x(k) + B_d u(k), \quad (2.3)$$

$$y(k) = C_d x(k) \quad (2.4)$$

e com  $k \in \mathbb{Z}_+$ .

Sendo  $A_d \in \mathbb{R}^{n \times n}$  a matriz de transição de estado,  $B_d \in \mathbb{R}^{n \times m}$  a matriz de entrada,  $\dot{x}(k+1)$  é o vetor de estado no instante de tempo  $k+1$ ,  $y(k) \in \mathbb{R}^{p \times 1}$  é o vetor de saída,  $x(k) \in \mathbb{R}^{n \times 1}$  é o vetor de estado no instante  $k$ ,  $u(k) \in \mathbb{R}^{m \times 1}$  o vetor de entrada, e a matriz de saída  $C_d \in \mathbb{R}^{p \times n}$ .

Nesta dissertação é desenvolvido um modelo epidemiológico em tempo contínuo, como normalmente é apresentado na literatura (EDELSTEIN-KESHET, 2015), (HETHCOTE, 2000), (MARTCHEVA, 2015), (MURRAY, 2007), (SEGEL; EDELSTEIN-KESHET, 2009), dentre outras. Mas os dados apresentados por uma doença são geralmente expressos em tempo discreto e, conseqüentemente, o sistema apresentado no Capítulo 5 (em tempo contínuo) é

transformado em um sistema discreto na Subseção 5.4, para realizar a aplicação de um observador de estado no sistema, o que será explicado no próximo capítulo. Ao logo da dissertação esses passos serão explicitado em mais detalhes.

## 2.4 Modelos matemáticos

Modelos matemáticos são uma parte essencial para simulação e determinação de sistemas. Seu objetivo é representar de forma simplificada a realidade, para reproduzir as características relevantes do sistema que está sendo analisado, em que fenômenos do mundo real são traduzidos em um mundo conceitual. Este processo é iniciado observando os fenômenos, aplicando-lhes um modelo matemático e predizendo seu comportamento por meio de simulação.

Dentre muitas técnicas utilizadas na obtenção de modelos matemáticos, uma delas é a de modelagem caixa branca. Neste modelo, o sistema é descrito usando equações decorrentes da física e sistemas que são modelados inteiramente com base em princípios físicos (equações) e nas características físicas dos materiais envolvidos (parâmetros) são chamados de modelos caixa branca. Isso significa que o modelador possui todos os detalhes sobre como o sistema funciona.

Por outro lado, pode-se obter um modelo matemático através de identificação de sistemas, nisto se estudam métodos alternativos para que isso ocorra. Neste caso, o modelo do sistema é encontrado através de um conjunto de medições, cada uma registrando a resposta do sistema (saída) para diferentes estímulos e perturbações (entradas). Estes sistemas que são modelados inteiramente com base em dados experimentais, isto é, com as medições de entrada e saída, são chamados de modelos de caixa preta. Isto significa que o modelador pode observar a saída do modelo para um determinado estímulo na entrada, mas não possui informações sobre o sistema internamente. Segundo (AGUIRRE, 2015), em muitos casos será preferível usar técnicas de identificação de sistemas. Sendo que, para identificar o modelo, é necessário um grande conjunto de dados e a definição do modelo mais apropriado requer um julgamento do modelador de acordo com os objetivos definidos.

Entre esses dois tipos de modelo, está o modelo caixa cinza, para este tipo sabe-se qual a estrutura do sistema que está sendo analisado, mas não se dispõem dos parâmetros (GIESBRECHT, 2007).

Apesar do modelo matemático utilizado nesta dissertação possuir uma estrutura que foi obtida com base em características físicas e biológicas da doença em questão, os parâmetros utilizados neste trabalho foram obtidos através de dados oficiais e de estimativas que fazem com que o sistema tenha o comportamento esperado. Ainda assim, o modelo não desfruta de todas as informações, pois parte das variáveis de estado do problema, que são as populações de agentes transmissores, não são mensuráveis, sendo a estimativa dessas populações o principal objetivo do trabalho. Portanto, o método de modelagem que é usado está entre o caixa cinza e o caixa

branca, uma vez que a estrutura do modelo e parte dos parâmetros são conhecidos.

## 2.5 Conclusão

Neste capítulo foram apresentados conceitos para a realização de modelos matemáticos de sistemas dinâmicos, introduzindo as definições de espaço de estados e o porquê de sua vasta aplicação, se tornando um bom instrumento na modelagem de sistemas dinâmicos multivariáveis. O sistema resultante pode ser representado em espaço de estados em tempo contínuo e/ou em tempo discreto, este último se faz necessário nesta dissertação devido às características dos dados obtidos. Por fim, uma pequena discussão foi realizada na Seção 2.4, referenciando algumas formas de se obter um modelo matemático. Um observador de estado específico é apresentado no capítulo seguinte, a fim de conceituar a parte teórica antes de sua aplicação no modelo elaborado.

# Capítulo 3

## Observadores de estados

Na teoria de controle, um observador de estado é um algoritmo que fornece uma estimativa do estado interno de um dado sistema real, a partir de medições da entrada e saída desse sistema. O problema da observação de estados para sistemas não lineares é de grande importância na área de controle, sendo muitas as contribuições apresentadas nas literaturas que abordam este tema. Algumas dessas abordagens são apresentadas no decorrer deste capítulo, possuindo grande importância na obtenção de parâmetros do modelo proposto na Seção 5.1. Portanto, o capítulo fornece uma visão geral do Filtro de Kalman (FK) a partir da predição de estados um passo a frente pelo método da projeção ortogonal ótima, tendo como introdução a Seção 3.1 e, à medida que o conteúdo do capítulo avança, o leitor é contemplado com uma das extensões do filtro aplicado a sistemas não lineares, sendo este o Filtro de Kalman Estendido (FKE) na Seção 3.3. Na seção seguinte há uma pequena introdução de alguns estimadores de estado para sistemas não lineares. Apesar de ser possível definir o Filtro de Kalman para sistemas contínuos (KALMAN; BUCY, 1961), neste capítulo somente será mostrado o caso discreto (KALMAN, 1960).

### 3.1 Estimação por projeção ortogonal

Antes de estudar o Filtro de Kalman (FK), é necessário pontuar algumas ferramentas de estimação de estados. Cada método de estimação de estado por projeção ortogonal tem suas peculiaridades, porém todas são lineares. Ressaltando que o método utilizado nesta dissertação para estimação de estados é designado para modelos não lineares, que precisará ser linearizado, algo a ser detalhado na Seção 6.2. Mas neste ponto inicial é necessário um maior detalhamento em relação aos casos lineares, para melhor entendimento do leitor em relação as futuras estimações realizadas no Capítulo 6, para os casos não lineares.

Retornando, o problema de estimação por projeção ortogonal tem sua base teórica de um espaço vetorial de variáveis aleatórias. Este espaço é determinado como espaço de Hilbert  $\mathcal{H}$ . Tomando duas variáveis aleatórias deste espaço, estas sendo  $x \in \mathcal{H}$  e  $y \in \mathcal{H}$ , o produto interno

entre elas é igual à esperança condicional entre as mesmas, como pode ser visto abaixo

$$(x, y)_{\mathcal{H}} = \mathbb{E}[xy]. \quad (3.1)$$

Neste ponto, (GIESBRECHT, 2013) ressalta que, por  $x$  e  $y$  serem elementos de um espaço vetorial em que é definido um produto interno, pode-se chamar os mesmos de vetores do espaço de Hilbert  $\mathcal{H}$ , mesmo estas sendo variáveis aleatórias, e não vetores de variáveis aleatórias. Estes casos são diferentes, sendo que um vetor de um espaço de variável aleatória é uma variável aleatória e um conjunto de variáveis aleatórias é formada por vetores de variáveis aleatórias. Para o caso aqui, trata-se de vetores de um espaço vetorial de variáveis aleatórias.

Outra propriedade importante a ressaltar que justifica o nome desta seção é a ortogonalidade, ocorrendo quando o produto interno entre dois vetores for igual a zero. Ainda se tem, por definição, que o espaço de Hilbert  $\mathcal{H}$  é finito e, sendo  $\mathcal{H}$  um espaço vetorial com produto interno, a norma do vetor  $x \in \mathcal{H}$ , denotada por  $\|x\|$ , é definida como:

$$\|x\|_{\mathcal{H}} = \sqrt{\mathbb{E}[xx]}. \quad (3.2)$$

Aqui,  $\mathbb{E}$  é o operador de esperança matemática. Por definição, neste espaço são contidos vetores de norma finita, ou seja, para que  $x \in \mathcal{H}$ ,  $x$  deve satisfazer:

$$\|x\|_{\mathcal{H}} = \sqrt{\mathbb{E}[xx]} < \infty. \quad (3.3)$$

No caso de vetores de variáveis aleatórias, para que todos os  $n$  elementos do vetor  $x \in \mathbb{R}^n$  sejam ortogonais a todos os  $p$  elementos do vetor  $y$ , tem-se que

$$(x_i, y_j)_{\mathcal{H}} = \mathbb{E}[x_i y_j] = 0, \quad (3.4)$$

com  $i = 1, \dots, n$  e  $j = 1, \dots, p$ , isto é, a matriz  $\mathbb{E}[x_i y_j]$  se torna o zero do espaço  $\mathbb{R}^{n \times p}$ .

Seja  $\mathcal{Y} \subset \mathcal{H}$ , sendo  $\mathcal{Y}$  um subespaço próprio de  $\mathcal{H}$  constituído de vetores  $y_j$ , existe um vetor  $x$  no espaço  $\mathcal{H}$ , que não está contido no subespaço  $\mathcal{Y}$ . A projeção ortogonal de  $x$  em  $\mathcal{Y}$  é representada pela variável aleatória  $\hat{x}$ , tal que o erro  $\|x - \hat{x}\|$  satisfaz

$$\|x - \hat{x}\|_{\mathcal{H}} = \min_{y \in \mathcal{Y}} \|x - y\|. \quad (3.5)$$

Com  $x$  sendo vetor de variáveis aleatórias com cada  $x_i$  possuindo  $n$  elementos, e cada elemento terá projeção em  $\mathcal{Y}$  que é um subespaço formado pelas  $p$  variáveis do vetor  $y_j$ , o subespaço  $\mathcal{Y}$  é formado pelas variáveis do vetor  $y$ . Desta forma, a projeção de um vetor de variáveis aleatórias  $x$  no espaço formado por um vetor de variáveis aleatórias  $y$  é dada pela seguinte expressão:

$$\hat{x} = Ay, \quad (3.6)$$

com a matriz  $A \in \mathbb{R}^{n \times p}$  possuindo os termos  $a_{ij}$  que representam o componente de cada  $x_i$  na direção de  $y_j$ .

Como os vetores de variáveis aleatórias envolvidos no problema podem ter médias não nulas, introduz-se uma constante  $b$ , de forma que  $x$  não é mais formado por elementos que são combinações lineares das variáveis aleatórias  $y_j$ , mas sim variedades lineares destas variáveis aleatórias, ou seja:

$$\hat{x} = Ay + b. \quad (3.7)$$

Como visto anteriormente, pelas propriedades inerentes do espaço vetorial, tem-se que para  $\tilde{x}$  ser ortogonal a qualquer vetor  $y \in \mathcal{Y}$ , deve valer a seguinte expressão deve ocorrer:

$$\mathbb{E}[\tilde{x}y] = 0, \quad (3.8)$$

para qualquer  $y \in \mathcal{Y}$ . Como já designamos o valor de  $\tilde{x} = x - \hat{x}$ , substituindo na equação (3.8), tem-se:

$$\mathbb{E}[(x - \hat{x})y^T], \quad (3.9)$$

e substituindo o valor de  $\hat{x}$  dado em (3.7) na equação (3.9), tem-se

$$\mathbb{E}[(x - Ay - b)y^T] = 0 \Rightarrow \quad (3.10)$$

$$\mathbb{E}[xy^T] - A\mathbb{E}[yy^T] - b\mu_y^T = 0, \text{ pois } \mathbb{E}[y^T] = \mu_y^T. \quad (3.11)$$

Daí,

$$\Sigma_{xy} + \mu_x\mu_y^T - A\Sigma_{yy} - A\mu_y\mu_y^T - b\mu_y^T = 0 \quad (3.12)$$

em que

$$\Sigma_{xy} = \mathbb{E}[(x - \mu_x)(y - \mu_y)], \quad (3.13)$$

$$\Sigma_{yy} = \mathbb{E}[(y - \mu_y)(y - \mu_y)^T], \quad (3.14)$$

$$\mu_y = \mathbb{E}[(y - \mu_y)^2] \mathbf{e} \quad (3.15)$$

$$\mu_x = \mathbb{E}[(x - \mu_x)^2], \quad (3.16)$$

com

$$(\Sigma_{xy} - A\Sigma_{yy}) + (\mu_x - A\mu_y - b)\mu_y^T = 0, \quad (3.17)$$

então:

$$\Sigma_{xy} - A\Sigma_{yy} = 0 \Rightarrow A = \Sigma_{xy}\Sigma_{yy}^{-1} \quad (3.18)$$

e

$$(\mu_x - A\mu_y - b)\mu_y^T = 0 \Rightarrow b = \mu_x - A\mu_y. \quad (3.19)$$

Pode-se notar também que, se os vetores de média  $\mu_x$  e  $\mu_y$  forem nulos, o vetor  $b$  também será nulo, provando que este termo está envolvido no problema apenas para que se levem em conta as médias dos processos  $x$  e  $y$ .

Portanto, o estimador  $\hat{x}$  que representa a projeção ortogonal de  $x$  em  $\mathcal{Y}$  é:

$$\hat{x} = Ay + b = Ay + \mu_x - A\mu_y \quad (3.20)$$

$$= \mu_x + A(y - \mu_y) = \quad (3.21)$$

$$= \mu_x + \Sigma_{xy}\Sigma_{yy}^{-1}(y - \mu_y). \quad (3.22)$$

Analisando a equação (3.22) com o estimador de mínima variância encontrado em (KATAYAMA, 2006) e (GIESBRECHT, 2013), chega-se à conclusão de que o estimador por projeção ortogonal é igual ao estimador linear de mínima variância.

## 3.2 Filtro de Kalman

Em 1960, Rudolf Kalman publicou seu famoso artigo (KALMAN, 1960) descrevendo uma solução recursiva para o problema de filtragem linear de dados discretos. Desde então, devido em grande parte aos avanços na computação digital, o Filtro de Kalman tem sido objeto de extensa pesquisa e aplicação.

De acordo com (AGUIRRE, 2015), o Filtro de Kalman é um estimador recursivo ótimo para estados de um sistema linear descrito por um modelo em espaço de estados. O filtro estima o estado de um sistema dinâmico linear a partir de uma série de medições ruidosas. Este utiliza-se de um conjunto de equações para estimar estados de um processo, mesmo quando este processo apresenta incertezas, sejam elas a não medição de algum ou todos os estados do processo, ou medições ruidosas, isto só é possível graças a sua natureza estocástica.

Para (MAYBECK, 1979), o Filtro de Kalman é um algoritmo recursivo de processamento de dados, em que a palavra recursivo significa que, ao contrário de alguns conceitos de processamento de dados, o filtro não exige que todos os dados anteriores sejam mantidos no armazenamento e reprocessados toda vez que uma nova medição é executada.

Uma introdução muito didática à ideia geral do Filtro de Kalman baseada na teoria de Bayes pode ser encontrada em (MAYBECK, 1979), enquanto uma discussão introdutória mais completa pode ser encontrada em (SORENSEN, 1970).

Nesta seção, o algoritmo será abordado seguindo a metodologia adotada por (GIESBRECHT, 2013), sendo apresentado em tempo discreto, considerando que tanto o modelo que é representado por um conjuntos de equações lineares quanto as medições estão disponíveis em

forma de tempo discreto:

$$x(k+1) = A_d(k)x(k) + B_d(k)u(k), \quad u(k) \sim N(0, Q(k)) \text{ e} \quad (3.23)$$

$$y(k) = C_d(k)x(k) + e(k), \quad e(k) \sim N(0, R(k)) \quad (3.24)$$

onde  $u(k)$  é um vetor de processos estocásticos de ruído de transição de estado possuindo média nula, sendo o vetor de estado  $x(k) \in \mathbb{R}^n$ , o vetor de saída  $y(k) \in \mathbb{R}^m$ , as matrizes de transição de estado  $A_d(k)$  e  $C_d(k)$  e a matriz de entrada de controle  $B_d(k)$  são conhecidas, têm dimensões apropriadas e são funções determinísticas do tempo, e a matriz de covariância do processo é denotada por  $Q(k)$ . Estas matrizes podem variar ou não com o tempo.

Um das primeiras coisas a saber sobre o Filtro de Kalman, é que este funciona com a distribuição normal ou gaussiana. Pensando em um gráfico contínuo, os dados podem ser distribuídos de diferentes maneiras, podendo ser dispersos para a esquerda, direita ou desordenados. Mas há casos em que os dados tendem a ficarem em torno de um valor central, sem tendência a esquerda ou direita e a distribuição resultante é chamada de distribuição normal. Há uma vasta literatura sobre o tema e, neste trabalho, foi utilizado especialmente o texto de (WASSERMAN, 2013) para melhor entendimento do assunto a ser aplicado.

A distribuição gaussiana no Filtro de Kalman representa o valor previsto, e será aqui denotado por estado previsto, com ruído/erro na previsão, sendo o estado previsto centrado em torno da média com a dimensão de sua variância denotando a incerteza no estado. Basicamente, a distribuição gaussiana informa o quanto se está certo de um determinado estado para este ser verdade e, quanto maior a variância da variável aleatória gaussiana, maior será a incerteza sobre este estado.

O FK é um processo iterativo, sendo dividido em duas etapas: predição e atualização. Na etapa de predição, é utilizada a estimativa do estado no passo anterior para obter uma estimativa do estado no tempo atual, esta predição é chamada de estimativa *a priori*, pois não inclui a informação vinda da observação do estado atual. Na fase de atualização, a predição *a priori* é combinada com a inovação vinda da observação atual para refinar a estimativa do estado. A estimativa refinada é chamada de estimativa *a posteriori*. A seguir é mostrado o algoritmo do FK, através da predição ótima de estados um passo a frente pelo método da projeção ortogonal.

Na predição de um passo a frente deseja-se encontrar uma recursão para a estimativa do estado no instante  $k+1$  dados os valores da série até o instante  $k$ . Deste modo, tomando as equações (3.23) e (3.24) formando um modelo para o qual, para iniciar o processo de estimação, deve considerar algumas propriedades. Como a média do estado inicial e a variância do estado inicial sendo conhecidos, isto é,  $x(1) \sim N(\hat{x}(1), P(1))$ , as matrizes do sistema escolhido também são, os ruídos de entrada são brancos com matrizes de covariância conhecidas e os ruídos são decorrelacionados com os estados e entre si.

Assim, a dedução do algoritmo de estimação é realizado como se segue, entrando no conceito de ortogonalidade entre inovação e projeção da saída no instante  $k$  no espaço gerado

pelas saídas até o instante  $k - 1$ .

Antes de avançar para o tema desta seção, precisa-se estabelecer o conceito que se denomina **inovação**. Supondo que se tenha um conjunto de vetores  $y_1, \dots, y_N$  com dimensão  $p$ , e que também existe outro conjunto de vetores  $\tilde{y}_1, \dots, \tilde{y}_N$  com a mesma dimensão e linearmente independentes entre si. Com isso as  $\sigma$ -álgebras desses dois conjuntos de vetores vão ser iguais aos vetores do segundo conjunto, e os vetores deste segundo conjunto são chamadas de inovações. Um exemplo com mais detalhes é exposto em (GIESBRECHT, 2013), para melhor compreensão do leitor. Nas mesmas referências encontra-se uma explicação com maior riqueza de detalhes do que foi dito aqui e da breve discussão realizada nesta seção.

Após esta breve introdução do conceito de inovação, temos que o estimador de mínima variância  $\hat{x}(k+1|k)$  para o estado  $x(k+1)$ , dadas as observações da saída  $y(k)$  de um determinado modelo até o instante  $k$ , será determinado a seguir.

Define-se  $v(k)$  como a inovação trazida ao espaço  $\mathcal{Y}_{k-1}$  por uma leitura  $y(k)$ , ou seja,

$$v(k) = y(k) - \mathbb{E}[y(k)|\mathcal{Y}_{k-1}]. \quad (3.25)$$

A estimativa do estado  $x(k+1)$ , dadas as observações até o instante  $k$ , se torna

$$\hat{x}(k+1|k) = \mathbb{E}[\hat{x}(k+1)|\mathcal{Y}_k] \quad (3.26)$$

$$= \mathbb{E}[A(k)x(k) + B(k)u(k)|\mathcal{Y}_k] \quad (3.27)$$

$$= A(k)\mathbb{E}[x(k)|\mathcal{Y}_k] \quad (3.28)$$

$$= A(k)\hat{x}(k|k), \quad (3.29)$$

uma vez que a entrada  $u(k)$  é suposta descorrelacionada. Ao calcular a estimativa do estado no instante  $k$ , tem-se

$$\hat{x}(k|k) = \mathbb{E}[x(k)|\mathcal{Y}_k] = \mathbb{E}[x(k)|\mathcal{Y}_{k-1} \oplus v(k)] \quad (3.30)$$

$$= \mathbb{E}[x(k)|\mathcal{Y}_{k-1}] + \mathbb{E}[x(k)|v(k)]. \quad (3.31)$$

Como as inovações  $v(k)$  foram definidas inicialmente pela equação (3.25) e, tomando a mesma equação e substituindo o valor de  $y(k)$  pela equação (3.24), pode-se escrever

$$v(k) = y(k) - \mathbb{E}[y(k)|\mathcal{Y}_{k-1}] \quad (3.32)$$

$$= C(k)x(k) + e(k) - \mathbb{E}[C(k)x(k) + e(k)|\mathcal{Y}_{k-1}] \quad (3.33)$$

$$= C(k)x(k) + e(k) - C(k)\mathbb{E}[x(k)|\mathcal{Y}_{k-1}] \quad (3.34)$$

$$= C(k)(x(k) - \hat{x}(k|k-1)) + e(k) \quad (3.35)$$

$$= C(k)\tilde{x}(k) + e(k). \quad (3.36)$$

O termo na direção de  $v(k)$  pode ser estimado de forma linear, ou seja, como sendo uma constante que multiplica  $v(k)$  e, retornando à equação (3.31) e tomando o segundo termo, tem-se:

$$\mathbb{E}[x(k)|v(k)] = K(k)v(k). \quad (3.37)$$

Em (3.37) substituindo o segundo termo da equação anterior por (3.31) e, dada a esperança do estado no instante  $k$  e dadas todas as observações até o instante  $k - 1$ , tem-se que a estimativa do estado será  $\hat{x}(k|k - 1)$ . Realizando esta substituição, tem-se que

$$\hat{x}(k|k) = \hat{x}(k|k - 1) + K(k)v(k). \quad (3.38)$$

Se  $K(k)$  for definida de forma que a estimativa do estado seja ortogonal ao erro, esta constante implicará na solução de menor variância para o problema de se estimar o estado. Isto é, para realizar a estimação ótima, o erro da estimação deve ser ortogonal ao espaço gerado pela inovação. A constante que garante esta propriedade é conhecida como ganho de Kalman, sendo calculada da seguinte forma:

$$x(k) - \mathbb{E}[x(k)|v(k)] \perp v(k), \quad (3.39)$$

$$x(k) - K(k)v(k) \perp v(k), \quad (3.40)$$

onde  $\mathbb{E}[x(k)|v(k)]$  foi substituída pelo valor encontrado da equação anterior.

Pela ortogonalidade do espaço de Hilbert, o produto interno entre dois vetores ortogonais é nulo. Então, aplicando o produto interno, tem-se a seguinte relação:

$$\mathbb{E}[(x(k) - K(k)v(k))v(k)^T] = 0, \quad (3.41)$$

$$\mathbb{E}[x(k)v(k)^T] - K(k)\mathbb{E}[v(k)v(k)^T] = 0, \quad (3.42)$$

o que implica

$$K(k) = \mathbb{E}[x(k)v(k)^T]\mathbb{E}[v(k)v(k)^T]^{-1} \text{ e} \quad (3.43)$$

$$K(k) = M(k)F(k)^{-1}, \quad (3.44)$$

com  $M(k) = \mathbb{E}[x(k)v(k)^T]$  e  $F(k) = \mathbb{E}[v(k)v(k)^T]$ . No entanto, ao substituir  $v(k)$  e  $x(k)$  em  $M(k)$ , tem-se

$$M(k) = \mathbb{E}[x(k)(C(k)\tilde{x}(k) + e(k))^T] \quad (3.45)$$

$$= \mathbb{E}[(\tilde{x}(k) + \hat{x}(k|k - 1))(C(k)\tilde{x}(k) + e(k))^T] \quad (3.46)$$

$$= \mathbb{E}[\tilde{x}(k)\tilde{x}(k)^T]C(k)^T + \mathbb{E}[\hat{x}(k|k - 1)\tilde{x}(k)^T]C(k)^T \quad (3.47)$$

$$= \mathbb{E}[\tilde{x}(k)\tilde{x}(k)^T]C(k)^T \quad (3.48)$$

$$= P(k)C(k)^T. \quad (3.49)$$

E, obtendo o  $F(k)$  substituindo pela equação (3.36), tem-se

$$F(k) = \mathbb{E}[v(k)v(k)^T] \quad (3.50)$$

$$= \mathbb{E}[(C(k)\tilde{x}(k) + e(k))(C(k)\tilde{x}(k) + e(k))^T] \quad (3.51)$$

$$= C(k)\mathbb{E}[\tilde{x}(k)\tilde{x}(k)^T]C(k)^T + \mathbb{E}[v(k)v(k)^T] \quad (3.52)$$

$$= C(k)P(k)C(k)^T + R(k). \quad (3.53)$$

Tomando a equação (3.29) e substituindo nela a estimativa no instante  $k$ , pela equação (3.38), tem-se

$$\hat{x}(k+1|k) = A(k)\hat{x}(k|k) \quad (3.54)$$

$$= A(k)(\hat{x}(k|k-1) + K(k)v(k)). \quad (3.55)$$

Como  $K(k) = M(k)F(k)^{-1}$ , então

$$\hat{x}(k+1|k) = A(k)(\hat{x}(k|k-1) + M(k)F(k)^{-1}v(k)) \quad (3.56)$$

$$= A(k)(\hat{x}(k|k-1) + P(k)C(k)^T F(k)^{-1}v(k)) \quad (3.57)$$

$$= A(k)\hat{x}(k|k-1) + A(k)P(k)C(k)^T F(k)^{-1}v(k) \quad (3.58)$$

$$= A(k)\hat{x}(k|k-1) + K(k)v(k) \quad (3.59)$$

em que

$$K(k) = A(k)P(k)C(k)^T F(k)^{-1} \quad (3.60)$$

$$= A(k)P(k)C(k)^T (C(k)P(k)C(k)^T + R(k))^{-1} \quad (3.61)$$

$$= A(k)M(k)F(k)^{-1}. \quad (3.62)$$

Desta equação, nota-se que o ganho de Kalman é função das matrizes conhecidas do sistema e da matriz de covariância do erro de estimação de estado.

A equação recursiva da covariância do erro  $\tilde{x}(k+1)$ , definida por  $P(k+1|k)$  do instante  $k+1$ , dado  $k$ , é dada por:

$$P(k+1|k) = \mathbb{E}[\tilde{x}(k+1)\tilde{x}(k+1)^T] \quad (3.63)$$

$$= \mathbb{E}[(x(k+1) - \hat{x}(k+1|k))\tilde{x}(k+1)^T] \quad (3.64)$$

$$= \mathbb{E}[x(k+1)\tilde{x}(k+1)^T] \quad (3.65)$$

$$= \mathbb{E}[x(k+1)(x(k+1) - \hat{x}(k+1|k))^T] \quad (3.66)$$

$$= \mathbb{E}[(y(k))(A(k)x(k) + B(k)u(k) - A(k)\hat{x}(k|k-1) - K(k)v(k))^T] \quad (3.67)$$

$$= A(k)P(k|k-1)L(k)^T + B(k)Q(k)B(k)^T, \quad (3.68)$$

com  $L(k) = A(k) - K(k)C(k)$  e  $y(k) = A(k)x(k) + B(k)u(k)$ .

Agora, para obter a equação recursiva de  $P(k|k)$ , deve-se ter,

$$P(k|k) = \mathbb{E}[\tilde{x}(k)\tilde{x}(k)^T] = \mathbb{E}[(x(k) - \hat{x}(k|k))\tilde{x}(k)^T] \quad (3.69)$$

$$= \mathbb{E}[x(k)\tilde{x}(k)^T] - \mathbb{E}[\hat{x}(k)\tilde{x}(k)^T]. \quad (3.70)$$

Como  $x(k) = \tilde{x}(k) + \hat{x}(k)$  e  $\hat{x}(k|k)$  é ortogonal a  $\tilde{x}(k)$ , tem-se

$$P(k|k) = \mathbb{E}[x(k)\tilde{x}(k)^T] \quad (3.71)$$

$$= \mathbb{E}[x(k)(x(k) - \hat{x}(k|k))^T] \quad (3.72)$$

$$= \mathbb{E}[x(k)x(k)^T] - \mathbb{E}[x(k)\hat{x}(k|k)^T] \text{ e} \quad (3.73)$$

tem-se que  $\hat{x}(k|k) = \hat{x}(k|k-1) + K(k)v(k)$  e  $v(k) = C(k)\tilde{x}(k) + e(k)$ . Substituindo na equação anterior, obtém-se

$$P(k|k) = \mathbb{E}[x(k)x(k)^T] - \mathbb{E}[x(k)(\hat{x}(k|k-1) + K(k)v(k))^T] \quad (3.74)$$

$$= \mathbb{E}[x(k)x(k)^T] - \mathbb{E}[x(k)(\hat{x}(k|k-1) + K(k)(C(k)\tilde{x}(k) + e(k)))^T] \quad (3.75)$$

$$= \mathbb{E}[x(k)x(k)^T] - \mathbb{E}[x(k)(x(k) + \hat{x}(k|k))^T A(k)^T F(k)^{-1} M(k)^T] \quad (3.76)$$

$$= P(k) - P(k|k)A(k)^T F(k)^{-1} M(k)^T. \quad (3.77)$$

Desta forma, tendo deduzidas todas as equações, segue o algoritmo:

### Filtro de Kalman

#### Etapa de predição

$$v(k) = C(k)\tilde{x}(k) + e(k), \quad (3.78)$$

$$F(k) = C(k)P(k)C(k)^T + R(k), \quad (3.79)$$

$$M(k) = P(k)C(k)^T, \quad (3.80)$$

$$\hat{x}(k|k) = \hat{x}(k) + M(k)F(k)^{-1}v(k) \text{ e} \quad (3.81)$$

$$P(k|k) = P(k) - P(k|k)A(k)^T F(k)^{-1} M(k)^T. \quad (3.82)$$

#### Etapa de Correção/Atualização

$$\hat{x}(k+1|k) = A(k)\tilde{x}(k|k-1) + A(k)M(k)F(k)^{-1}v(k), \quad (3.83)$$

$$L(k) = A(k) - A(k)M(k)F(k)^{-1}C(k) \text{ e} \quad (3.84)$$

$$P(k+1) = A(k)P(k|k-1)L(k)^T + B(k)Q(k)B(k)^T. \quad (3.85)$$

Na atualização, para obter a inovação, realizada pela equação (3.78) deve-se aplicar a diferença entre a saída medida  $y(k)$  e o produto da matriz de transição  $C(k)$  com o erro de predição de estado. Após isso, são calculadas a matriz de covariância da inovação  $F(k)$  e a matriz  $M(k)$ , obtida da matriz de covariância do erro de estimação e a matriz de transição do sistema. Com essas matrizes é determinado o ganho de Kalman, denotado por  $K(k)$  em nossas demonstrações e se encontra de maneira implícita na equação (3.83) e (3.84). Logo depois, nas equações (3.83) e (3.85), inicia-se o processo de atualização do estado e da covariância.

## 3.3 Filtro de Kalman Estendido

O Filtro de Kalman Estendido (FKE) foi apresentado pela primeira vez em (SMITH; SCHMIDT; MCGEE, 1962), para estimação de trajetórias do veículo lunar Apollo 11. Neste caso, os cálculos precisavam ser algo que os computadores a bordo da cápsula do veículo poderiam resolver com seu limitado poder computacional da década de 1960.

O procedimento criado por Schmidt consiste em linearizar analiticamente o sistema em torno do estado atual e aplicar as equações do Filtro de Kalman apresentadas anteriormente.

Este é um dos métodos recomendados para realizar as estimativas do sistema dinâmico não linear que descreve a febre amarela nesta dissertação.

### 3.3.1 Linearização

Ao linearizar uma função, expande-se a função não linear em série de Taylor em torno do ponto estacionário de operação, desprezando todos os termos após a primeira derivada parcial. Seja inicialmente a aproximação linear de uma variável. Expandindo-se a função  $f(x)$  em série de Taylor em torno de um ponto, tem-se:

$$f(x) = f(x_0) + \left. \frac{df}{dx} \right|_{x=x_0} (x - x_0) + \frac{1}{2!} \left. \frac{d^2 f}{dx^2} \right|_{x=x_0} (x - x_0)^2 + \dots \quad (3.86)$$

$$f(x) = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{(x - x_0)^k}{k!} \left. \frac{d^k f}{dx^k} \right|_{x=x_0} \quad (3.87)$$

Considerando que  $x - x_0$  é um termo pequeno, isto é,  $x_0$  está próximo de  $x$ , descartam-se os termos da série de potências maiores que 1. Com isso, tem-se um aproximação linear da função de primeira ordem

$$f(x) = f(x_0) + \left. \frac{df}{dx} \right|_{x=x_0} (x - x_0). \quad (3.88)$$

### 3.3.2 Linearização de sistemas em espaço de estados

A forma geral de um sistema dinâmico não linear determinístico é

$$x(k+1) = f(x(k), u(k)), \quad u(k) \sim N(0, Q(k)) \quad (3.89)$$

$$y(k) = h(x(k)) + e(k), \quad e(k) \sim N(0, R(k)) \quad (3.90)$$

em que o vetor de estados  $x \in \mathbb{R}^n$ , o vetor de controle  $u \in \mathbb{R}^m$ , a saída  $y \in \mathbb{R}^p$  e as funções não lineares  $f(\cdot)$  e  $h(\cdot)$  são a dinâmica de estados e a dinâmica de saída.

A função  $f(\cdot)$  pode ser usada para calcular o estado previsto a partir da estimativa anterior e, da mesma forma, a função  $h(\cdot)$  pode ser usada para calcular a medida prevista a partir do estado previsto. No entanto,  $f(\cdot)$  e  $h(\cdot)$  não podem ser aplicadas diretamente à covariância, isso porque o sistema relacionado a este trabalho é não linear e não consegue-se propagar a média e a covariância, respectivamente como foi realizado nas equações (3.81) e (3.82) do Filtro de Kalman. Além disso, quando se trata de sistemas lineares, as distribuições *a priori* e *a posteriori* são gaussianas. Por outro lado, as transformações não lineares de sistemas não lineares podem deformar a distribuição das variáveis aleatórias envolvidas no processo, podendo levar a violações da hipótese de gaussianidade.

O Filtro de Kalman Estendido, é o próprio Filtro de Kalman implementado utilizando as matrizes jacobianas de  $f(\cdot)$  e  $h(\cdot)$ , ou seja, usando as linearizações (primeiros termos das expansões da série de Taylor) de tais funções em torno do estado atual.

Aqui vale ressaltar que as funções  $f(\cdot)$  e  $h(\cdot)$  são funções vetoriais e suas matrizes jacobianas são respectivamente

$$\dot{F}(k) = \left. \frac{\partial f}{\partial x} \right|_{\hat{x}_{k-1|k-1}, u_k} \quad \text{e} \quad \dot{H}(k) = \left. \frac{\partial h}{\partial x} \right|_{\hat{x}_{k|k-1}}. \quad (3.91)$$

Algo a ser mencionado é que em sistemas não lineares a matriz jacobiana  $\dot{F}(k)$  não é constante, mas se  $\dot{F}(k)$  e  $\dot{H}(k)$  forem avaliadas em valores específicos do vetor de estado  $x = x_0$ , as respectivas matrizes jacobianas passam a ser constantes. Desta maneira, o Filtro de Kalman Estendido pode ser escrito para estimar as populações de mosquitos portadores e não portadores no sistema *SIR* não linear descrito no Capítulo 5 como,

### Filtro de Kalman Estendido

#### Etapa de predição

$$\hat{x}(k|k) = f(\hat{x}(k|k), u_k) \quad \text{e} \quad (3.92)$$

$$P(k|k) = \dot{F}(k)P(k|k)\dot{F}(k)^T + Q(k). \quad (3.93)$$

#### Etapa de Correção/Atualização

$$K(k) = P(k|k)\dot{H}(k)^T(\dot{H}(k)P(k|k)H(k)^T + R(k))^{-1}, \quad (3.94)$$

$$\hat{x}(k+1|k) = \hat{x}(k|k-1) + K(k+1)(y(k) - h(\hat{x}(k|k))) \quad \text{e} \quad (3.95)$$

$$P(k+1) = P(k+1|k) - K(k+1)H(k)P(k+1|k). \quad (3.96)$$

Nota-se que, as funções não lineares  $f(\cdot)$  e  $h(\cdot)$  são utilizadas na equação de propagação do vetor de estado (3.92) e na equação (3.95) que determina a saída esperada. Nas demais equações as matrizes jacobianas de  $f(\cdot)$  e  $h(\cdot)$  foram utilizadas para determinar as matrizes de covariância e o ganho de Kalman.

## 3.4 Estimadores de estado para sistemas não lineares

O Filtro de Kalman *Unscented* (FKU) é uma técnica mais atual para filtragem estocástica não linear, diferente do Filtro de Kalman Estendido. Proposto por (JULIER; UHLMANN, 1997) e aprimorado por (WAN; MERWE, 2000), tem como ideia principal propagar a estimativa diretamente na função não linear e depois calcular a média e covariância da nova variável aleatória.

No FKE, a distribuição de estado é propagada analiticamente através da linearização de primeira ordem do sistema não linear. No FKU, é utilizada uma abordagem de amostragem determinística (WAN; MERWE, 2000), a qual é baseada em uma técnica chamada Transformada *Unscented* (UT), utilizada para aproximar a média e a covariância de uma variável aleatória que é submetida uma transformação não linear. Isto é realizado escolhendo determinados pontos

em torno do valor médio da variável aleatória original, chamados pontos sigma, e propagando-os através da função não linear para então estimar a média e a covariância da nova variável transformada. A ideia dos autores de (JULIER; UHLMANN, 1997) é que é mais fácil aproximar uma densidade de probabilidade (PDF, Probability Density Function) do que uma função não linear.

O FKU lida melhor com a não linearidade de um sistema mas, para as estimações realizadas neste trabalho, o FKE foi o suficiente ao obter resultados satisfatórios, mostrando coerência ao se comparar o aumento da população de infectado em relação a população do mosquito portador do vírus, que também aumentou durante alguns períodos, bem como boas estimativas de todas as populações analisadas neste trabalho, algo a ser abordado no Capítulo 6. E de maneira oposta do que é realizado no FKE, o FKU utiliza a UT (Transformada *Unscented*), de modo que este procedimento busca aproximar um função de densidade não Gaussiana por uma função aproximadamente gaussiana (pelos dois primeiros momentos), de modo que os dois primeiros momentos da função aproximada sejam os mais próximos aos dois primeiros momentos da função não Gaussiana.

O FKU usa uma técnica de amostragem determinística para escolher um conjunto de amostras pontos (chamados pontos sigma) em torno da média. Estes pontos sigma são propagados através das funções não lineares, a partir dos quais a média e a variância da estimativa são então recuperadas. O resultado é um filtro que capta com mais precisão a verdadeira média e a variância. Além disso, esta técnica remove a exigência de calcular explicitamente os jacobianos, que, para funções complexas, pode ser uma tarefa difícil por si só. Como o custo computacional é proporcional ao número de pontos sigma utilizados, há um forte incentivo para minimizar o número de pontos proposto. Em (JULIER; UHLMANN, 2002), por exemplo, foi provado que, para um estado  $n$ -dimensional, são necessários  $n + 1$  pontos para representar a média e a variância completamente, mas estes pontos têm o problema que o raio que limita a esfera dos pontos é  $2^{\frac{n}{2}}$ . Portanto, até com dimensões relativamente baixas, existem problemas potenciais com a estabilidade numérica. Em um artigo posterior (JULIER, 2003), uma estratégia de seleção de pontos sigma que usa  $n + 2$  pontos foi apresentada, mas está livre do problema mencionado acima, segundo (CHENG; LIU, 2011). Desta forma, o mesmo nos deu uma nova seleção de pontos sigma, requerendo apenas  $n + 1$  pontos, e como estratégia adotada em (JULIER, 2003), o raio que limita os pontos é proporcional a  $\sqrt{n}$ .

### 3.5 Conclusão

O capítulo fornece um entendimento inicial de como ocorrem as estimações por projeção ortogonal e, logo em seguida apresentando o Filtro de Kalman para sistemas lineares discretos. O estudo do Filtro de Kalman envolve a dedução das suas equações, tentando estabelecer um maior entendimento sobre a teoria que o envolve. Logo em seguida foi detalhado o Filtro de

Kalman Estendido e uma seção subsequente citando alguns estimadores de estado para sistemas não lineares, ressaltando que, para esta dissertação, o FKE obteve resultados satisfatórios. No entanto, para aplicação do filtro precisa-se de um modelo e, neste caso, faz-se necessário um breve estudo no capítulo seguinte que introduz conceitos básicos sobre a modelagem epidemiológica, bem como algumas referências.

## Capítulo 4

# Modelos Epidemiológicos

O capítulo atual tem como objetivo descrever o modelo matemático determinístico ou compartimental utilizado neste trabalho, bem como suas características a serem analisadas e citar algumas observações sobre o contexto histórico das doenças infecciosas e sua modelagem.

### 4.1 Algumas doenças infecciosas e sua modelagem

Atualmente, as principais causas de mortes no mundo são doenças como derrame e doença cardíaca coronária (W. H. ORGANIZATION, 2018). Entre as doenças infecciosas, aquelas que dominam o mundo como causa de morte incluem as infecções respiratórias (como pneumonia) e HIV, esta última sendo modelada por (HULIN; WAI-YUAN, 2000) com a proposta de abordar a epidemia através do espaço de estados, sendo possível realizar estimações e projeções sobre o número de casos da doença e o número de pessoas infectadas em diferentes estágios, utilizando a recursão de Kalman. Os autores de (TAN; YE, 2000) também trabalham com a modelagem da epidemia em espaço de estados, onde foi desenvolvido um método bayesiano para realizar de forma simultânea as estimações da distribuição da infecção pelo HIV e da sua incubação do vírus, o número de pessoas que são suscetíveis a ficarem doentes ou de pessoas infectadas e de casos de AIDS.

Segundo (MARTCHEVA, 2015), a modelagem matemática de doenças infecciosas deu passos significativos com a trabalho de William Hamer, no início do século XX, que estava procurando uma explicação sobre a reincidência do sarampo. Mas foi Sir Ronald Ross, que foi considerado o pai da epidemiologia matemática moderna, realizando um trabalho pioneiro sobre a malária, em que descobriu que ela é transmitida entre humanos e mosquitos (W. H. ORGANIZATION, 2007), e estava preocupado com a prevenção da doença. Por seu trabalho estudando a malária, acabou recebendo o prêmio Nobel de Fisiologia ou Medicina no ano de 1902. Apesar de suas contribuições, ele não conseguiu convencer a população que a malária poderia ser erradicada reduzindo o número de mosquitos.

A epidemiologia matemática foi elevada a um novo nível pelo modelo de doenças

infecciosas publicado por (KERMACK; MCKENDRICK, 1927) ganhando importância nos anos 80 com o advento da epidemia do HIV. Desde então um grande número de modelos foram criados, analisados e empregados para estudar a disseminação de doenças infecciosas.

Hoje a epidemiologia matemática tem presença constante nas pesquisas e na modelagem matemática, realizando contribuições significativas para a matemática e a saúde pública. Em (HETHCOTE, 2000) é apresentada uma grande quantidade de modelos matemáticos aplicados a doenças infecciosas baseado em suas características.

Para estudar matematicamente determinada população exposta a uma doença é necessário compreender previamente suas características, seu impacto sobre os indivíduos e o meio ambiente em que se encontra. Algumas situações que devem ser mencionadas são quando uma parte da população é imune à doença ou toda suscetível; pode ocorrer também dos infectados morrerem ou uma fração sobreviver e adquirir imunidade permanentemente ou temporariamente, retornando à suscetibilidade.

Ao realizar a modelagem, o foco se concentra na população em que ocorre a infecção e, em determinadas situações (como em epidemias de curta duração), considera-se que o total da população é constante. Assim, podem ser ignoradas as complicações que possivelmente seriam geradas levando em conta os nascimentos ou imigrações. Embora modelos mais complicados possam explicar esses fatores também, a suposição é geralmente bastante razoável. Um exemplo é a propagação da brucelose em um rebanho de gado, cujo o período de interesse é curto, durante esse tempo é pouco provável que a população ganhe novos membros. Também pode-se supor que todos os membros da população interagem uns com os outros no mesmo grau, isso significa que todos os indivíduos não infectados enfrentam o mesmo risco de exposição à doença por aqueles já infectados (ALLMAN; RHODES, 2004). Isso também é razoável, levando em conta que a população analisada é um rebanho de gado e espera-se que todos os membros interajam igualmente. Mas no problema atual analisado nesta dissertação, não foi considerada esta situação, uma vez que a modelagem leva em conta as dinâmicas populacionais de humanos e de mosquitos no período de estudo. O problema considera a natalidade humana e de mosquito durante o período analisado.

## 4.2 Modelo SIR

A introdução ao estudo de modelos de epidemia é geralmente feita através de um dos primeiros modelos epidemiológicos proposto por Kermack e McKendrick em 1927, um modelo conhecido como modelo epidemiológico *SIR* (KERMACK; MCKENDRICK, 1927).

Quando uma doença se espalha em uma população, denotada geralmente por  $N$  nas literaturas, ela se divide em classes, onde o cenário mais simples em que se pode observar essa divisão, é categorizando essas classes em suscetíveis ( $S$ ), infectados ( $I$ ) e recuperados ( $R$ ). A

primeira delas é dos indivíduos saudáveis, isto é, são suscetíveis a contrair a doença, sendo o tamanho dessa classe geralmente denotado por  $S$ . A classe da população que contraiu a doença é chamada de infectados ou infecciosos, isso porque se o patógeno se estabelecer em um indivíduo exposto, esse indivíduo será infectado. Indivíduos infectados que podem transmitir a doença são chamados de infecciosos. Indivíduos infectados podem não ser infecciosos durante todo o período de infecção. O tamanho da classe de indivíduos infecciosos/infectados é denotada por  $I$ . A classe de indivíduos que se recuperaram e não podem contrair a doença novamente são chamados de indivíduos removidos/recuperados. A classe de indivíduos recuperados é geralmente denotada por  $R$ . Esta interpretação é representada na Figura 5, com o parâmetro  $\beta$  indicando a taxa dos indivíduos suscetíveis que contraem a doença e tornam-se infectados, isto é, saindo da classe  $S$  e tendo como destino a classe dos infectados  $I$  e o parâmetro  $\delta$  representando a taxa dos indivíduos que conseguiram se recuperar da doença e adquiriram imunidade, ao menos temporária. Neste diagrama e no sistema de equações 4.2 a dinâmica vital (nascimento e morte) foi ignorada, isto é possível se o período de infecção for curto. Deste modo, o diagrama representando a dinâmica de uma determinada infecção tem a seguinte forma.

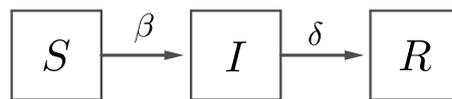


Figura 5 – Diagrama compartimental do modelo  $SIR$ .

O número de indivíduos em cada uma dessas classes muda com o tempo, ou seja,  $S$ ,  $I$  e  $R$  são funções do tempo  $t$ . O tamanho total da população  $N(t)$  é a soma dos tamanhos dessas três classes em ordem:

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t). \quad (4.1)$$

Para formular um modelo, temos que fazer suposições para simplificar a realidade e a primeira suposição para o modelo Kermack-McKendrick é que os indivíduos infectados também são infecciosos e a segunda suposição do modelo é que o tamanho total da população permanece constante ou seja  $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ .

Para deduzir as equações diferenciais, é considerado como as classes mudam com o tempo. Quando um indivíduo suscetível entra em contato com um indivíduo infeccioso, esse indivíduo suscetível é infectado com uma certa probabilidade e se move da classe suscetível para a classe dos infectados. A população suscetível diminui em uma unidade de tempo, pois há uma diminuição no número de suscetíveis que se contaminaram e mudaram para a classe dos infectados, que no mesmo período aumentou seu número. Aqueles indivíduos que se recuperam, compõem a terceira classe do modelo denominado por  $R$ .

Logo abaixo é apresentado o modelo *SIR* clássico de Kermack-McKendrick (1927) e, naturalmente, o interesse é apenas em soluções não negativas para  $S$ ,  $I$  e  $R$ .

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta I(t)S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta I(t)S(t) - \delta I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \delta I(t) \end{cases} \quad (4.2)$$

Esse é um modelo básico mas, mesmo assim, pode-se fazer alguns comentários gerais com respeito à sua empregabilidade no estudo de epidemias e apresentar algumas pesquisas específicas utilizando este modelo.

Como no trabalho de (MACUFA; BASSANEZI, 2011), em que se encontra a aplicação do modelo *SIR* com a finalidade de analisar o comportamento da malária na Amazônia durante o período de 1990 a 2006, as simulações foram realizadas através de dados dos casos confirmados da doença na população durante este período, fornecidos pelo Ministério da Saúde.

Em (CHEN, 2015), foi realizada uma pesquisa que estabelece um modelo matemático sobre o vírus ebola com dados de análise para prever a sua propagação. Acreditando-se que o vírus se espalhou pela primeira vez através do contato com sangue de animais infectados, secreções ou órgãos e depois se difundiu de pessoa para pessoa, sendo a mortalidade em mais de 50% em média<sup>1</sup>. Não existe vacina licenciada contra o ebola, portanto, participar ativamente no controle dessas doenças epidêmicas é muito importante. No trabalho (BERGE et al., 2017), também foi realizado um estudo sobre o ebola, em que o modelo completo tem um equilíbrio (endêmico) que é localmente assintoticamente estável, enquanto globalmente assintoticamente estável na ausência da liberação do vírus ebola no ambiente.

No artigo de (SIDE; NOORANI, 2013), estuda-se um sistema de equações diferenciais que modela a dinâmica populacional da transmissão vetorial da dengue, sendo realizados cálculos teóricos e empíricos, mostrando que a aplicação do modelo *SIR* mostrou semelhanças entre os países estudados.

Outra aplicação interessante do modelo *SIR* foi realizada em (ALLEN; JONES; MARTIN, 1991), com o modelo de tempo discreto com vacinação e seus efeitos incluídos, para uma epidemia de sarampo em um campus universitário. Os resultados das simulações indicam que uma taxa de imunidade maior que 98% pode ser necessária para prevenir uma epidemia nessa população universitária.

Embora o modelo *SIR* sirva como modelo básico de doenças infecciosas, não é apropriado para muitas outras. Segundo (MURRAY, 2007), quase todas as doenças têm

<sup>1</sup> Dados da WHO indicam, para a situação no Norte da República Democrática do Congo, uma mortalidade ao redor de 67%, cf. [www.promedmail.org/post/6630575](http://www.promedmail.org/post/6630575) consultada em 21.08.2019

características únicas que devem ser incorporadas em um modelo, mas deve-se tomar cuidado, pois criar um bom modelo está ligado a decidir quais características serão importantes para capturar a dinâmica certa e o que pode ser omitido para evitar que o modelo se torne muito complicado para analisar. Os detalhes sobre o modelo utilizado neste trabalho para a modelagem da dinâmica da febre amarela são apresentados no próximo capítulo.

### 4.3 Conclusão

Neste capítulo, foi apresentado um pouco do contexto histórico sobre os modelos epidemiológicos e sua importância na busca de respostas sobre o comportamento de uma determinada doença. Também foram apresentadas referências que beneficiam o leitor sobre maiores informações sobre o assunto. Especialmente foi tratado do modelo *SIR*, com a justificativa de que este é utilizado neste trabalho, com algumas modificações a serem detalhadas no capítulo seguinte.

# Capítulo 5

## Metodologia

Este capítulo tem como objetivo apresentar as etapas de desenvolvimento do modelo matemático utilizado para realizar as estimações das populações da população humana e de mosquitos e que foi fundamentado com conhecimento epidemiológicos, além do matemático. O sistema dinâmico foi estudado fornecendo as condições necessárias para os fins propostos neste trabalho, conforme detalhado na Seção 5.1. Descreve parcialmente a dinâmica da febre amarela, já que todo modelo procura aproximar a modelagem da situação real. Após a criação do modelo, foi necessária a obtenção e verificação dos seus pontos de equilíbrio, com o propósito de verificar sua estabilidade em algumas situações pertinentes.

A modelagem do sistema estudado é representada por modelo multivariável contínuo não linear, mas transferiu-se para modelo discretizado devido à representação de estados ser caracterizada por vetores de estado em função do tempo discreto, de maneira que técnicas iterativas de estimação de estados e parâmetros possam ser utilizadas.

Modelos contínuos recorrem a equações diferenciais, isso porque definidas as variáveis pertinentes ao problema original, procura-se relacioná-las através de equações que envolvam as variações das quantidades representadas. Quando essas variações são instantâneas, o fenômeno se desenvolve continuamente. Enquanto modelos discretos, isto é, funções de uma rede de pontos, em que têm-se as médias das variações, então as equações que descrevem o fenômeno são denominadas equações de diferenças (BASSANEZI; JUNIOR, 1988). De acordo com (SOUZA, 2010), a versão contínua e a versão discreta de um mesmo problema necessariamente não apresentam, em geral, os mesmos resultados mas, se os intervalos de tempo entre os eventos forem pequenos o suficiente, a versão discreta pode ser uma boa aproximação para o problema contínuo e vice-versa.

Após a discretização, os pontos de equilíbrio do sistema discreto foram novamente determinados, sendo realizada a análise dos seus autovalores através do círculo de raio unitário, centrado na origem no plano complexo, também ocorrendo as análises levando em conta algumas situações.

Em seguida transferiu-se o sistema para espaço de estados e, antes de realizar as estimações dos parâmetros com o Filtro de Kalman Estendido, lineariza-se o modelo, pois o sistema é não linear. O processo é semelhante ao que foi realizado em (RAYYAM; ZAZI; HAJJI, 2015) e (SAID; BENBOUZID; BENCHAIIB, 2000).

## 5.1 Descrição do Modelo Matemático

O modelo escolhido para descrever a dinâmica de transmissão da febre amarela em uma população e por fim realizar as estimações das populações de mosquitos, é o modelo clássico do tipo *SIR* tendo como referências (EDELSTEIN-KESHET, 2015), (SEGEL; EDELSTEIN-KESHET, 2009) e (MURRAY, 2007). Considerando a dificuldade na medição dessa população, ferramentas que realizem sua estimativa como a proposta nesta dissertação, são fundamentais para entender a dinâmica dos vetores. Com isso, consegue-se planejar atividades de controle eficazes.

O modelo proposto terá mais duas classes referentes à população de mosquitos interagindo com a população de humanos. O modelo escolhido que retrata a interação das duas populações é exposto no diagrama da Figura 6.

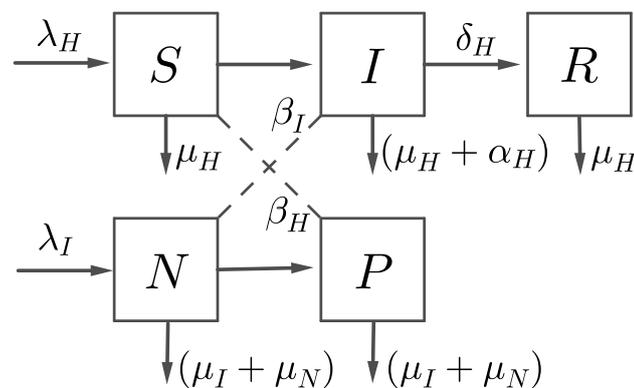


Figura 6 – Diagrama compartimental do modelo que indica as interações entre as populações de humanos e mosquitos. Fonte: autoria própria.

A população de humanos é dividida em três compartimentos: suscetíveis, *S* infectados, *I* e recuperados, *R*. O indivíduo recupera-se, adquirindo imunidade e permanecendo nesse compartimento. A população de mosquitos é dividida em dois compartimentos, indicados por *N*, como a população de mosquitos não portadores e *P*, a população de mosquitos portadores. Quando um indivíduo suscetível é picado por um mosquito portador ele passa para o compartimento dos infectados com taxa  $\beta_H$  e quando o mosquito não portador pica um indivíduo infectado, o primeiro passa para o compartimento dos portadores com a taxa  $\beta_I$ . O indivíduo que contrai a doença pode se recuperar após o tratamento com taxa  $\delta_H$  ou então morrer pela doença com taxa  $\alpha_H$ , enquanto que o mosquito portador permanece assim pelo resto da sua vida

e morre com taxa  $\mu_N$  que é a mortalidade natural, ou morre com taxa  $\mu_I$  que é a mortalidade induzida antropicamente, isto é, através da ação humana. A taxa de natalidade dos humanos é  $\lambda_H$ , com  $\mu_H$  sendo a taxa dos indivíduos que morrem naturalmente e  $\lambda_I$  a taxa de natalidade dos mosquitos. Todas as populações e os parâmetros anteriores estão esboçados na Tabela 1 para melhor visualização e compreensão do leitor.

Para as populações de humanos e de mosquitos considerou-se que não competem por uma quantidade limitada de recursos e, além disso, considera-se que os nascidos de humanos infectados e recuperados nascem suscetíveis.

Tabela 1 – Siglas utilizadas no modelo proposto.

Parâmetro	Significado dos parâmetros
$S(t)$	População de suscetíveis
$I(t)$	População de infectados
$R(t)$	População de recuperados
$N(t)$	População de mosquitos não portadores da doença
$P(t)$	População de mosquitos portadores da doença
$\lambda_H$	Taxa de natalidade da população humana
$\beta_H$	Taxa de suscetíveis que contraem a doença ao serem picados por mosquitos portadores
$\mu_H$	Taxa na qual os humanos morrem naturalmente
$\alpha_H$	Taxa com a qual indivíduos infectados morrem pela doença
$\delta_H$	Taxa da população de indivíduos infectados que se recuperam da doença
$\lambda_I$	Taxa de natalidade da população de mosquitos
$\beta_I$	Taxa dos mosquitos não portadores que contraem o vírus ao picarem indivíduos infectados
$\mu_I$	Taxa de mortalidade da população de mosquitos pela ação humana
$\mu_N$	Taxa de mortalidade natural da população de mosquitos

O comportamento das populações é expresso matematicamente pelo sistema não linear de cinco equações diferenciais ordinárias, descrito em (5.1), considerando uma dinâmica populacional malthusiana.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta_H S(t)P(t) - \mu_H S(t) + \lambda_H(S(t) + I(t) + R(t)), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta_H S(t)P(t) - \delta_H I(t) - (\mu_H + \alpha_H)I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \delta_H I(t) - \mu_H R(t), \\ \frac{dN(t)}{dt} = -\beta_I N(t)I(t) + \lambda_I N(t) - \mu_I N(t) - \mu_N N(t) \text{ e} \\ \frac{dP(t)}{dt} = \beta_I N(t)I(t) + \lambda_I P(t) - \mu_I P(t) - \mu_N P(t). \end{array} \right. \quad (5.1)$$

Sendo  $T(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ , o número total de indivíduos da população de humanos com condições iniciais  $S(0) \geq 0$ ,  $I(0) \geq 0$ ,  $R(0) \geq 0$ ,  $N(0) \geq 0$  e  $P(0) \geq 0$ . A variação no número de indivíduos da população em relação ao tempo é dada pela relação

apresentada na equação (5.2).

$$\frac{dT(t)}{dt} = \frac{dS(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} + \frac{dR(t)}{dt}, \quad (5.2)$$

com  $t \in J = [0, T_f]$  o domínio temporal em que  $T_f$  é o tempo final.

O modelo descrito acima foi desenvolvido fundamentando-se nos conhecimentos epidemiológicos básicos da doença e sua dinâmica. Além do mais, os parâmetros do modelo foram definidos e interpretados. Uma estreita relação com o modelo e aspectos gerais da doença foi levada em conta na sua elaboração.

## 5.2 Análise de estabilidade dos pontos estacionários do modelo contínuo

Dado o sistema de equações (5.1) que modela o problema aqui abordado, a primeira investida é a respeito da determinação dos pontos estacionários do sistema. O método é bastante frequente para problemas com sistemas dinâmicos e pode ser analisado, por exemplo, em (MURRAY, 2007). Uma forma mais simplificada de obter estes pontos de equilíbrio, mas não ineficiente pode ser encontrada em (SOARES, 2018).

Os pontos estacionários do sistema são aqueles em que a taxa de crescimentos das populações de suscetíveis e infectados permanece constante, isto é, quando não há crescimento ou decréscimo destas populações. Em linguagem matemática, os pontos de equilíbrio do sistema são aqueles em que as derivadas se anulam. No estado estacionário as derivadas temporais são nulas e, seguindo com a notação apresentada por (MURRAY, 2007), deseja-se determinar para que valores de  $v = [S \ I \ R \ N \ P]$ , tem-se  $\frac{dv}{dt} = 0$ .

$$\begin{cases} -\beta_H SP - \mu_H S + \lambda_H(S + I + R) = 0, \\ \beta_H SP - \delta_H I - (\mu_H + \alpha_H)I = 0, \\ \delta_H I - \mu_H R = 0, \\ -\beta_I NI + \lambda_I N - \mu_I N - \mu_N N = 0 \text{ e} \\ \beta_I NI + \lambda_I P - \mu_I P - \mu_N P = 0. \end{cases} \quad (5.3)$$

Para estudar a estabilidade local dos estados estacionários é necessário realizar manipulações algébricas no sistema (5.3), como pode ser visto a seguir.

$$\begin{aligned} \frac{dR(t)}{dt} = 0 &\Rightarrow \delta_H I(t) - \mu_H R(t) = 0 \\ &\Rightarrow \delta_H I(t) = \mu_H R(t) \\ &\Rightarrow R(t) = \frac{\delta_H I(t)}{\mu_H}; \end{aligned} \quad (5.4)$$

$$\begin{aligned}
\frac{dI(t)}{dt} = 0 &\Rightarrow \beta_H S(t)P(t) - \delta_H I(t) - (\mu_H + \alpha_H)I(t) = 0 \\
&\Rightarrow \beta_H S(t)P(t) - \underbrace{(\delta_H + \mu_H + \alpha_H)}_a I(t) = 0 \\
&\Rightarrow \beta_H S(t)P(t) - aI(t) = 0 \\
&\Rightarrow S(t) = \frac{aI(t)}{\beta_H P(t)};
\end{aligned} \tag{5.5}$$

$$\begin{aligned}
\frac{dP(t)}{dt} = 0 &\Rightarrow \beta_I N(t)I(t) + \lambda_I P(t) - \mu_I P(t) - \mu_N P(t) = 0 \\
&\Rightarrow \beta_I N(t)I(t) + \underbrace{(\lambda_I - \mu_I - \mu_N)}_b P(t) = 0 \\
&\Rightarrow \beta_I N(t)I(t) + bP(t) = 0 \\
&\Rightarrow I(t) = \frac{-bP(t)}{\beta_I N(t)} e
\end{aligned} \tag{5.6}$$

$$\begin{aligned}
\frac{dS(t)}{dt} = 0 &\Rightarrow -\beta_H S(t)P(t) - \mu_H S(t) + \lambda_H(S(t) + I(t) + R(t)) = 0 \\
&\Rightarrow S(t)(-\beta_H P(t) - \mu_H + \lambda_H) + \lambda_H I(t) + \lambda_H R(t) = 0 e
\end{aligned}$$

substituindo  $R$  e  $S$ , respectivamente pelas equações (5.4) em (5.5), tem-se

$$\begin{aligned}
&\Rightarrow \left( \frac{aI}{\beta_H P(t)} \right) (-\beta_H P(t) - \mu_H + \lambda_H) + \lambda_H I(t) + \frac{\lambda_H \delta_H I}{\mu_H} = 0 \\
&\Rightarrow -aI(t) - \frac{a\mu_H I(t)}{\beta_H P(t)} + \frac{a\lambda_H I(t)}{\beta_H P(t)} + \lambda_H I(t) + \frac{\lambda_H \delta_H I(t)}{\mu_H P(t)} = 0 \\
&\Rightarrow \left( -a + \lambda_H + \frac{\lambda_H \delta_H}{\mu_H} \right) I(t) + \left( \frac{a\lambda_H}{\beta_H} - \frac{a\mu_H}{\beta_H} \right) \frac{I(t)}{P(t)} = 0 \\
&\Rightarrow \left( \frac{a\lambda_H}{\beta_H} - \frac{a\mu_H}{\beta_H} \right) \frac{I(t)}{P(t)} = - \left( -a + \lambda_H + \frac{\lambda_H \delta_H}{\mu_H} \right) I(t) \\
&\Rightarrow \left( \frac{a\lambda_H}{\beta_H} - \frac{a\mu_H}{\beta_H} \right) = - \left( -a + \lambda_H + \frac{\lambda_H \delta_H}{\mu_H} \right) P(t) \\
&\Rightarrow \frac{a(\lambda_H - \mu_H)}{\beta_H} = - \left( \frac{-a\mu_H + \lambda_H \mu_H + \lambda_H \delta_H}{\mu_H} \right) P(t) \\
&\Rightarrow P^* = - \frac{(\delta_H + \mu_H + \alpha_H)(\lambda_H - \mu_H)\mu_H}{\beta_H(-\delta_H \mu_H - \mu_H^2 - \alpha_H \mu_H + \lambda_H \mu_H + \lambda_H \delta_H)}.
\end{aligned} \tag{5.7}$$

Então,

$$\begin{aligned}
\frac{dN(t)}{dt} = 0 &\Rightarrow -\beta_I N(t)I(t) + \lambda_I N(t) - \mu_I N(t) - \mu_N N(t) = 0 \\
&\Rightarrow -\beta_I N(t)I(t) + bN(t) = 0.
\end{aligned} \tag{5.8}$$

Substituindo  $I(t)$  por (5.6) na equação (5.8), obtem-se

$$\begin{aligned}
&\Rightarrow -\beta_I N(t) \left( -\frac{bP(t)}{\beta_I N(t)} \right) + bN(t) = 0 \\
&\Rightarrow bP(t) + bN(t) = 0 \\
&\Rightarrow bN(t) = -bP(t) \\
&\Rightarrow N(t) = -P(t).
\end{aligned} \tag{5.9}$$

Agora, substituindo  $P(t)$  por (5.7) na equação anterior, tem-se

$$\begin{aligned}
N(t) &= - \left( -\frac{(\delta_H + \mu_H + \alpha_H)(\lambda_H - \mu_H)\mu_H}{\beta_H(-\delta_H\mu_H - \mu_H^2 - \alpha_H\mu_H + \lambda_H\mu_H + \lambda_H\delta_H)} \right) \\
\Rightarrow N^* &= \frac{(\delta_H + \mu_H + \alpha_H)(\lambda_H - \mu_H)\mu_H}{\beta_H(-\delta_H\mu_H - \mu_H^2 - \alpha_H\mu_H + \lambda_H\mu_H + \lambda_H\delta_H)}
\end{aligned} \tag{5.10}$$

Tomando (5.6) como

$$I(t) = \frac{-bP(t)}{\beta_I N(t)} \tag{5.11}$$

e, pelo cálculo anterior que  $N(t) = -P(t)$ , então

$$\begin{aligned}
&\Rightarrow I(t) = \frac{bN(t)}{\beta_I N(t)} = \frac{b}{\beta_I} \\
&\Rightarrow I^* = \frac{(\lambda_I - \mu_I - \mu_N)}{\beta_I}.
\end{aligned} \tag{5.12}$$

Da equação (5.4):

$$R(t) = \frac{\delta_H I(t)}{\mu_H} \Rightarrow R^* = \frac{\delta_H(\lambda_I - \mu_I - \mu_N)}{\mu_H \beta_I}. \tag{5.13}$$

Tomando a equação (5.5), e substituindo  $I(t)$  por (5.12) e  $P(t)$  por (5.7), temos

$$S^* = -\frac{(\lambda_I - \mu_I - \mu_N)(-\delta_H\mu_H - \mu_H^2 - \alpha_H\mu_H + \lambda_H\mu_H + \lambda_H\delta_H)}{\beta_I(\lambda_H - \mu_H)\mu_H} \tag{5.14}$$

Se um ponto de equilíbrio satisfaz as condições impostas pelo critério de Routh-Hurwitz, isto é, se todos os autovalores do polinômio característico têm a parte real negativa, então o equilíbrio correspondente é local e assintoticamente estável (GEROMEL; PALHARES, 2004), (EDELSTEIN-KESHET, 2015) e (MURRAY, 2007). Neste caso, a estabilidade do sistema vai depender dos autovalores do Jacobiano nos pontos estacionários, estes serão de equilíbrio estável ou instável. Por sua vez, o Jacobiano do sistema é dado por:

$$J_C(S, I, R, N, P) = \begin{pmatrix} \frac{\partial S(t)}{\partial S} & \frac{\partial S(t)}{\partial I} & \frac{\partial S(t)}{\partial R} & \frac{\partial S(t)}{\partial N} & \frac{\partial S(t)}{\partial P} \\ \frac{\partial I(t)}{\partial S} & \frac{\partial I(t)}{\partial I} & \frac{\partial I(t)}{\partial R} & \frac{\partial I(t)}{\partial N} & \frac{\partial I(t)}{\partial P} \\ \frac{\partial R(t)}{\partial S} & \frac{\partial R(t)}{\partial I} & \frac{\partial R(t)}{\partial R} & \frac{\partial R(t)}{\partial N} & \frac{\partial R(t)}{\partial P} \\ \frac{\partial N(t)}{\partial S} & \frac{\partial N(t)}{\partial I} & \frac{\partial N(t)}{\partial R} & \frac{\partial N(t)}{\partial N} & \frac{\partial N(t)}{\partial P} \\ \frac{\partial P(t)}{\partial S} & \frac{\partial P(t)}{\partial I} & \frac{\partial P(t)}{\partial R} & \frac{\partial P(t)}{\partial N} & \frac{\partial P(t)}{\partial P} \end{pmatrix} =$$

$$= \begin{pmatrix} \lambda_H - \mu_H - \beta_H P & \lambda_H & \lambda_H & 0 & -\beta_H S \\ \beta_H P & -(\delta_H + \mu_H + \alpha_H) & 0 & 0 & \beta_H S \\ 0 & \delta_H & -\mu_H & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_I N & 0 & -\beta_I I + \lambda_I - \mu_I - \mu_N & 0 \\ 0 & \beta_I N & 0 & \beta_I I & \lambda_I - \mu_I - \mu_N \end{pmatrix}.$$

### 5.2.1 Equilíbrio trivial

A matriz jacobiana calculada no ponto trivial  $E_1 = (S, I, R, N, P) = (0, 0, 0, 0, 0)$  é dada por:

$$J_{(E_1)} = \begin{pmatrix} \lambda_H - \mu_H & \lambda_H & \lambda_H & 0 & 0 \\ 0 & -(\delta_H + \mu_H + \alpha_H) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_H & -\mu_H & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N \end{pmatrix}$$

Possuindo autovalores

$$\lambda_1 = \lambda_H - \mu_H,$$

$$\lambda_2 = -(\delta_H + \alpha_H + \mu_H),$$

$$\lambda_3 = -\mu_H$$

e

$$\lambda_4 = \lambda_5 = \lambda_I - \mu_I - \mu_N.$$

O ponto de equilíbrio  $E_1$  é instável se  $\lambda_H > \mu_H$  e

$$\lambda_I - \mu_I - \mu_N > 0 \Rightarrow \lambda_I > \mu_I + \mu_N.$$

Do contrário, é estável.

### 5.2.2 Equilíbrio livre do mosquito

A Jacobiana calculada no ponto  $E_2 = (S, I, R, N, P) = (S^*, 0, 0, 0, 0)$  é:

$$J_{(E_2)} = \begin{pmatrix} \lambda_H - \mu_H & \lambda_H & \lambda_H & 0 & -\beta_H S^* \\ 0 & -(\delta_H + \mu_H + \alpha_H) & 0 & 0 & \beta_H S^* \\ 0 & \delta_H & -\mu_H & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N \end{pmatrix}$$

Com os autovalores

$$\lambda_1 = \lambda_H - \mu_H,$$

$$\lambda_2 = -\mu_H,$$

$$\lambda_3 = \frac{(\alpha_H + \delta_H + \mu_H)(\mu_H - \lambda_H)}{\lambda_H - \mu_H}$$

e

$$\lambda_4 = \lambda_5 = \lambda_I - \mu_I - \mu_N.$$

O ponto  $E_2$  é estável se

$$\lambda_H - \mu_H < 0$$

e isso implica que

$$\lambda_H < \mu_H.$$

Para

$$\lambda_I - \mu_I - \mu_N < 0$$

temos

$$\lambda_I < \mu_I + \mu_N.$$

Em

$$\frac{(\alpha_H + \delta_H + \mu_H)(\mu_H - \lambda_H)}{\lambda_H - \mu_H} < 0 \Rightarrow \mu_H - \lambda_H < 0 \Rightarrow \mu_H < \lambda_H.$$

Caso contrário é instável.

### 5.2.3 Equilíbrio do mosquito

$E_3 = (S, I, R, N, P) = (0, 0, 0, N^*, 0)$  é:

$$J_{(E_3)} = \begin{pmatrix} \lambda_H - \mu_H & \lambda_H & \lambda_H & 0 & 0 \\ 0 & -(\delta_H + \mu_H + \alpha_H) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_H & -\mu_H & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_I N^* & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N & 0 \\ 0 & \beta_I N^* & 0 & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N \end{pmatrix}$$

Com os autovalores

$$\lambda_1 = \lambda_H - \mu_H,$$

$$\lambda_2 = \frac{\mu_H(-\delta_H \lambda_H + \alpha_H \mu_H + \delta_H \mu_H - \lambda_H \mu_H + \mu_H^2)}{\delta_H \lambda_H - \alpha_H \mu_H - \delta_H \mu_H + \lambda_H \mu_H - \mu_H^2},$$

$$\lambda_3 = \frac{(\alpha_H + \delta_H + \mu_H)(-\delta_H \lambda_H + \alpha_H \mu_H + \delta_H \mu_H - \lambda_H \mu_H + \mu_H^2)}{\delta_H \lambda_H - \alpha_H \mu_H - \delta_H \mu_H + \lambda_H \mu_H - \mu_H^2}$$

e

$$\lambda_4 = \lambda_5 = \lambda_I - \mu_I - \mu_N.$$

Para o ponto de equilíbrio  $E_3$  ser instável, tem-se que realizar a seguinte análise dos autovalores.

$$\lambda_H - \mu_H > 0 \Rightarrow \lambda_H > \mu_H.$$

Para  $\lambda_2$  tem-se que

$$(-\delta_H \lambda_H + \alpha_H \mu_H + \delta_H \mu_H - \lambda_H \mu_H + \mu_H^2) < 0,$$

do contrário tem-se:

$$\mu_H(-\delta_H \lambda_H + \alpha_H \mu_H + \delta_H \mu_H - \lambda_H \mu_H + \mu_H^2) > 0 \Rightarrow \mu_H > 0.$$

Para  $\lambda_3$ , tem-se

$$\alpha_H + \delta_H + \mu_H > 0 \Rightarrow \alpha_H > -\delta_H - \mu_H,$$

$$\delta_H > -\mu_H - \alpha_H$$

ou ainda

$$\mu_H > -\alpha_H - \delta_H.$$

Para

$$\lambda_4 = \lambda_5,$$

tem-se

$$\lambda_I - \mu_I - \mu_N > 0 \Rightarrow \lambda_I > \mu_I + \mu_N.$$

#### 5.2.4 Equilíbrio livre da doença

Para o equilíbrio livre da doença, temos  $E_4 = (S, I, R, N, P) = (S^*, 0, 0, N^*, 0)$  e o Jacobiano neste caso é dado por

$$J_{(E_4)} = \begin{pmatrix} \lambda_H - \mu_H & \lambda_H & \lambda_H & 0 & -\beta_H S^* \\ 0 & -(\delta_H + \mu_H + \alpha_H) & 0 & 0 & \beta_H S^* \\ 0 & \delta_H & -\mu_H & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_I N^* & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N & 0 \\ 0 & \beta_I N^* & 0 & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N \end{pmatrix}.$$

Os autovalores são

$$\lambda_1 = \lambda_H - \mu_H,$$

$$\lambda_2 = \mu_H,$$

$$\lambda_3 = \lambda_I - \mu - \mu_N$$

e, para calcular,

$$\lambda_4 = \lambda_5,$$

tem-se que

$$c = -\alpha_H - \delta_H + \lambda_I - \mu_H - \mu_N - \mu_I,$$

$$d = \alpha_H + \delta_H - \lambda_I + \mu_H + \mu_I + \mu_N$$

e

$$f = -\alpha_H \lambda_I - \delta_H \lambda_I - \lambda_I \mu_H + \alpha_H \mu_I + \delta_H \mu_I + \mu_H \mu_I + \alpha_H \mu_N + \delta_H \mu_N + \mu_H \mu_N - \beta_H \beta_I.$$

Então,

$$\lambda_4 = \lambda_5 = \frac{1}{2}(c + \sqrt{d^2 - 4fS^*N^*}).$$

Para que o ponto de equilíbrio seja estável, temos que

$$\lambda_1 < 0 \Rightarrow \lambda_H < \mu_H,$$

$$\lambda_3 = \lambda_I - \mu_I - \mu_N < 0 \Rightarrow \lambda_I < \mu_I + \mu_N,$$

$$\begin{aligned} \lambda_4 = \frac{1}{2}(c + \sqrt{d^2 - 4fS^*N^*}) < 0 &\Rightarrow \frac{1}{2}c = \frac{1}{2}(-\alpha_H - \delta_H + \lambda_I - \mu_H - \mu_N - \mu_I) \Rightarrow \\ &\Rightarrow -\alpha_H - \delta_H + \lambda_I - \mu_H - \mu_N - \mu_I \Rightarrow \\ &\Rightarrow \lambda_I < \alpha_H + \delta_H + \mu_H + \mu_N + \mu_I. \end{aligned}$$

O mesmo vale para  $\lambda_5 < 0$ .

### 5.3 Modelo contínuo no espaço de estado

O principal objetivo desta seção é mostrar como se descreve o sistema elaborado, que está na forma de equações diferenciais (caso contínuo), por variáveis de estados.

O nosso vetor de estado  $x(t)$  é composto por nossas variáveis que designam as populações, como pode ser visto abaixo.

$$x(t) = \left( S(t) \quad I(t) \quad R(t) \quad N(t) \quad P(t) \right)^T, \quad (5.15)$$

$$f(x(t)) = \begin{pmatrix} -\beta_H P(t) + \lambda_H - \mu_H & \lambda_H & \lambda_H & 0 & 0 \\ \beta_H P(t) & -(\delta_H + \mu_H + \alpha_H) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_H & -\mu_H & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_I N(t) & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N & 0 \\ 0 & \beta_I N(t) & 0 & 0 & \lambda_I - \mu_I - \mu_N \end{pmatrix}$$

e

$$C = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

## 5.4 Discretização do modelo contínuo

A partir daqui, é introduzido um sistema dinâmico em que o estado evolui em etapas de tempo discreto, isto é, o modelo de tempo contínuo será modificado para um modelo de tempo discreto, através da aproximação de diferenças finitas progressivas. Esta discretização do sistema apresentado na equação (5.1) é dado na equação (5.16).

$$\begin{cases} S(k+1) = (-\beta_H h P(k) - \mu_H h + \lambda_H h + 1)S(k) + \lambda_H h(I(k) + R(k)), \\ I(k+1) = (1 - \delta_H h - \mu_H h - \alpha_H h)I(k) + \beta_H h S(k)P(k), \\ R(k+1) = \delta_H h I(k) + (1 - \mu_H h)R(k), \\ N(k+1) = (-\beta_I h I(k) + \lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h + 1)N(k) e \\ P(k+1) = \beta_I h N(k)I(k) + (\lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h + 1)P(k). \end{cases} \quad (5.16)$$

O intervalo de tempo entre pontos da malha da discretização temporal é expresso através do parâmetro  $h$  na equação (5.16).

Um modelo de sistema dinâmico discreto não linear sem entradas pode ser representado matematicamente no espaço de estados pelas relações abaixo:

$$x(k+1) = f(x(k)), \quad (5.17)$$

$$y(k) = h(x(k)) \quad (5.18)$$

e com  $k \in \mathbb{Z}_+$ . Aqui  $f(x(k))$  é a função de transição de estado,  $h(x(k))$ , a função que relaciona o estado e a saída em um mesmo instante de tempo,  $y(k)$  é o vetor de saída e  $x(k)$  é o vetor de estado. Neste caso, tem-se que as matrizes do espaço de estados do sistema (5.16), têm a forma representada na Seção 5.6.

Explora-se o uso desse sistema na modelagem de fenômenos biológicos como a dinâmica populacional e a epidemiologia, mostrando o efeito no comportamento dos modelos decorrentes da variação das constantes associadas a cada equação.

## 5.5 Pontos estacionários do modelo discreto

Conhecido o sistema discretizado, é necessário calcular os seus pontos estacionários com o propósito de realizar a análise de estabilidade do novo sistema encontrado. No caso discreto, um ponto estacionário ocorre quando o estado no próximo instante de tempo é igual ao estado no instante de tempo imediatamente anterior. Aplicando a igualdade  $x(k) = x(k-1)$  à

equação (5.16) tem-se o seguinte resultado:

$$\begin{cases} (-\beta_H h P - \mu_H h + \lambda_H h + 1)S + \lambda_H h(I + R) = S, \\ (1 - \delta_H h - \mu_H h - \alpha_H h)I + \beta_H h S P = I, \\ \delta_H h I + (1 - \mu_H h)R = R, \\ (-\beta_I h I + \lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h + 1)N = N \text{ e} \\ \beta_I h N I + (\lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h + 1)P = P. \end{cases} \quad (5.19)$$

Então:

$$S^* = -\frac{(\lambda_I - \mu_I - \mu_N)(-\delta_H \mu_H - \mu_H^2 - \alpha_H \mu_H + \lambda_H \mu_H + \lambda_H \delta_H)}{\beta_I(\lambda_H - \mu_H)\mu_H}, \quad (5.20)$$

$$I^* = \frac{\lambda_I - \mu_I - \mu_N}{\beta_I}, \quad (5.21)$$

$$R^* = \frac{\delta_H(\lambda_I - \mu_I - \mu_N)}{\mu_H \beta_I}, \quad (5.22)$$

$$N^* = \frac{(\delta_H + \mu_H + \alpha_H)(\lambda_H - \mu_H)\mu_H}{\beta_H(-\delta_H \mu_H - \mu_H^2 - \alpha_H \mu_H + \lambda_H \mu_H + \lambda_H \delta_H)} \text{ e} \quad (5.23)$$

$$P^* = -\frac{(\delta_H + \mu_H + \alpha_H)(\lambda_H - \mu_H)\mu_H}{\beta_H(-\delta_H \mu_H - \mu_H^2 - \alpha_H \mu_H + \lambda_H \mu_H + \lambda_H \delta_H)}. \quad (5.24)$$

A estabilidade desses pontos pode ser estudada novamente através dos autovalores da matriz Jacobiana  $J_D$  do modelo discreto por meio do círculo de raio unitário, centrado na origem no plano complexo. Em (LATHI, 2009), mostra-se que, se todas as raízes características do sistema estiverem dentro do círculo unitário,  $|\lambda_i| < 1$  para todo  $i$  o sistema é assintoticamente estável.

$$J_D = \begin{pmatrix} \lambda_H h - \mu_H h - \beta_H h P + 1 & \lambda_H h & \lambda_H h & 0 & -\beta_H h S \\ \beta_H h P & 1 - (\delta_H h + \mu_H h + \alpha_H h) & 0 & 0 & \beta_H h S \\ 0 & \delta_H h & (1 - \mu_H h) & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_I h N & 0 & -\beta_I h I + \lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h + 1 & 0 \\ 0 & \beta_I h N & 0 & \beta_I h I & \lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h + 1 \end{pmatrix}.$$

Dois dos autovalores associados ao ponto de equilíbrio livre do mosquito  $E_1^* = (S^*, 0, 0, 0, 0)$  são iguais, neste caso temos que, se os autovalores forem menores que 1 o sistema é assintoticamente estável, assim  $|1 + \lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h| < 1$ , que resulta em  $(\lambda_I + \mu_I + \mu_N)h < 0$ . Se for  $|1 + \lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h| = 1$ , conseqüentemente  $(\lambda_I + \mu_I + \mu_N)h = 0$  e o sistema torna-se instável. De forma que, a análise de estabilidade tanto para o modelo contínuo quanto para o discreto acabam sendo as mesmas, pois temos os mesmos pontos de equilíbrio.

## 5.6 Modelo discreto no espaço de estados

Neste caso, tem-se que as matrizes do espaço de estados do sistema (5.16), têm a forma

$$x(k) = \begin{pmatrix} S(k) & I(k) & R(k) & N(k) & P(k) \end{pmatrix}^T, \quad (5.25)$$

$$f(x(k)) = \begin{pmatrix} -\beta_H h P(k) S(k) - (\mu_H - \lambda_H) h S(k) + S(k) + \lambda_H h (R(k) + I(k)) \\ \beta_H h P(k) S(k) + I(k) - (\mu_H + \alpha_H + \delta_H) h I(k) \\ \delta_H h I(k) + R(k) - \mu_H h R(k) \\ N(k) - \beta_I h I(k) N(k) + (\lambda_I - \mu_I - \mu_{(k)N}) h N(k) \\ P(k) + \beta_I h I(k) N(k) + (\lambda_I - \mu_I - \mu_N) h P(k) \end{pmatrix} e \quad (5.26)$$

$$h(x(k)) = \begin{pmatrix} S(k) \\ I(k) \\ R(k) \end{pmatrix}. \quad (5.27)$$

## 5.7 Conclusão

Neste capítulo é apresentado inicialmente um modelo matemático em tempo contínuo que considerou na sua elaboração as principais características da doença na sua elaboração. Através deste modelo é possível encontrar algebricamente os seus pontos de equilíbrio, analisando-os em diferentes situações. Este processo se torna importante pois, por seu intermédio, é possível ter um melhor direcionamento na escolha dos valores dos parâmetros do modelo no momento da simulação.

Diante do processo de simulação, com destaque para realizar a estimação da população de mosquitos, se faz necessária a aplicação do modelo em espaço de estado, isso tanto para o modelo em tempo contínuo como para o discreto. Mais detalhes serão expostos no capítulo seguinte, de tal forma que o leitor compreenda a aplicação do modelo em espaço de estado e sua estimções através do Filtro de Kalman Estendido.

# Capítulo 6

## Resultados

A partir do modelo discretizado, tem-se como objetivo realizar as estimações de parâmetros usando técnicas recursivas de estimação de estado, através de dados reais da quantidade de indivíduos de cada população ao longo do tempo, inclusive das populações de mosquitos portadores e não portadores, dos quais não dispomos ainda.

### 6.1 Realização do ajuste de parâmetros

Para conseguir definir os parâmetros utilizados no observador de estados, foram realizadas simulações em que a doença fique sob controle, deste modo, as populações de humanos ainda coexistem e as de mosquitos ficam muito próximas da extinção, devido a sua taxa de mortalidade ser maior que a de natalidade. Mas o número de infectados fica sob controle, bem como dos mosquitos portadores. Neste caso, foram realizadas simulações no software Matlab 2017, do modelo contínuo (5.1). E foram obtidos os seguintes resultados.

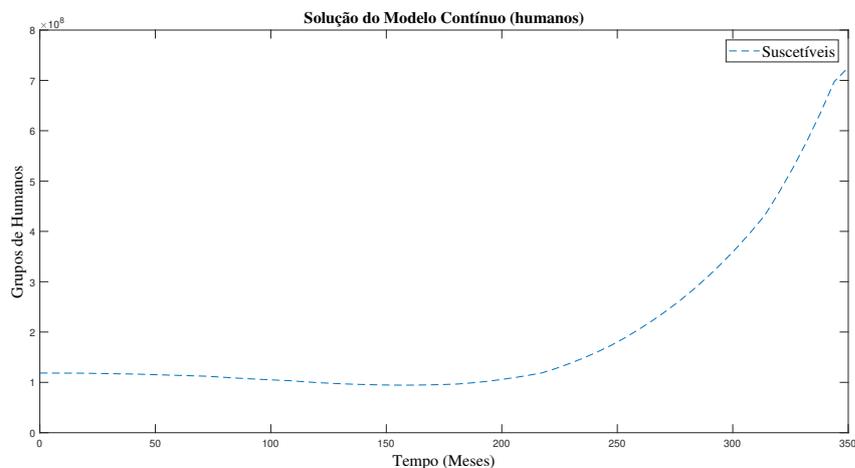


Figura 7 – Solução numérica da população de suscetíveis ao longo de 350 meses.

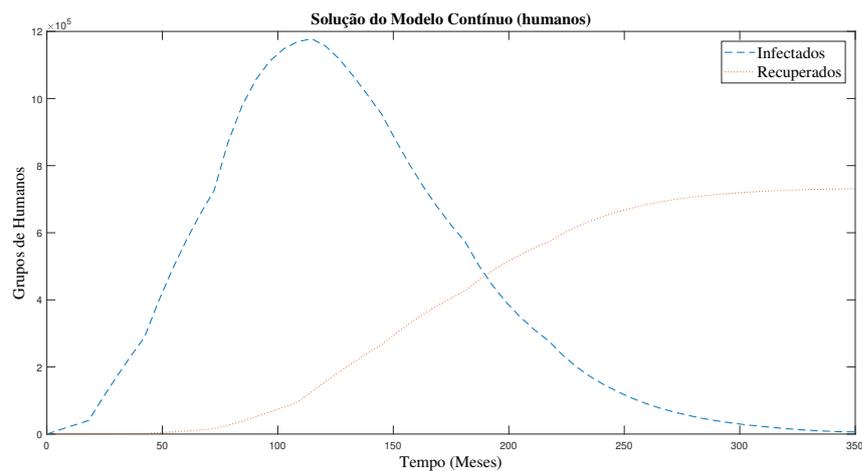


Figura 8 – Solução numérica da população de infectados e recuperados ao longo de 350 meses.

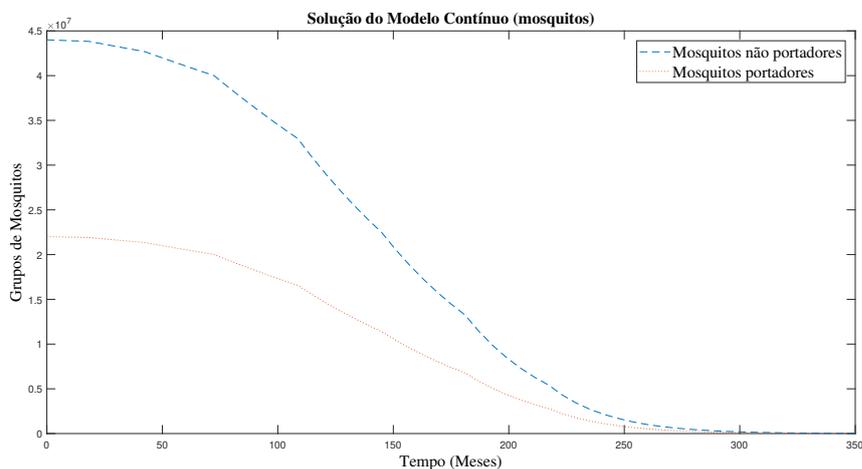


Figura 9 – Solução numérica da população de mosquitos portadores e não portadores da doença ao longo de 350 meses.

Naturalmente o modelo apresentado anteriormente só possui sentido biológico quando as populações são não negativas. Na simulação a seguir, foram supostos alguns valores, sendo a maioria relacionada à taxa dos mosquitos. O período considerado para realizar as simulações foram de trezentos e cinquenta meses e o método utilizado para obtenção da solução numérica foi o *ode15s*, disponível em ambiente Matlab. Os parâmetros utilizados para a simulação do sistema contínuo encontra-se na 2. Note-se que o número de infectados foi pequeno, sendo que o número de recuperados aumentou ao longo do período. A população de suscetíveis aumentou significativamente, devido à sua taxa de natalidade. As populações de mosquitos reduziram-se ao longo do período, pois a taxa de natalidade foi menor do que a soma da taxa de mortalidade induzida e a taxa de mortalidade natural.

Mas o modelo a ser utilizado para realizar as estimações da população de mosquitos

deve ser discreto, processo realizado na Seção 5.4, desta forma segue a solução numérica do modelo discretizado.

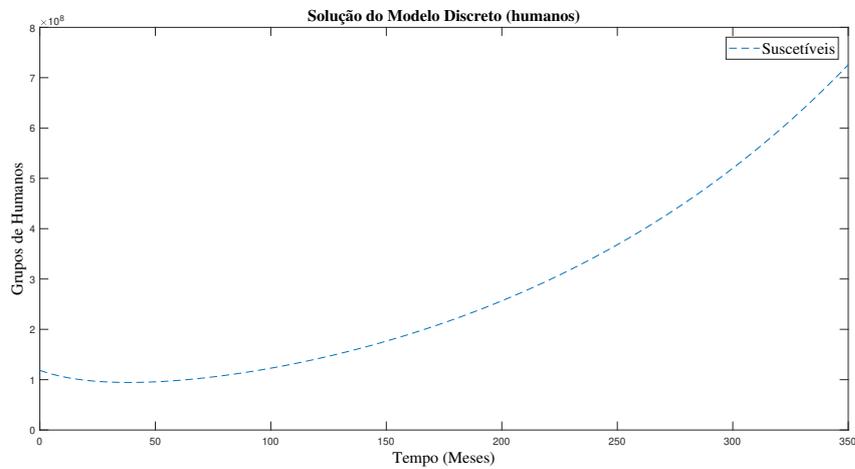


Figura 10 – Solução numérica da população de suscetíveis ao longo de 350 meses.

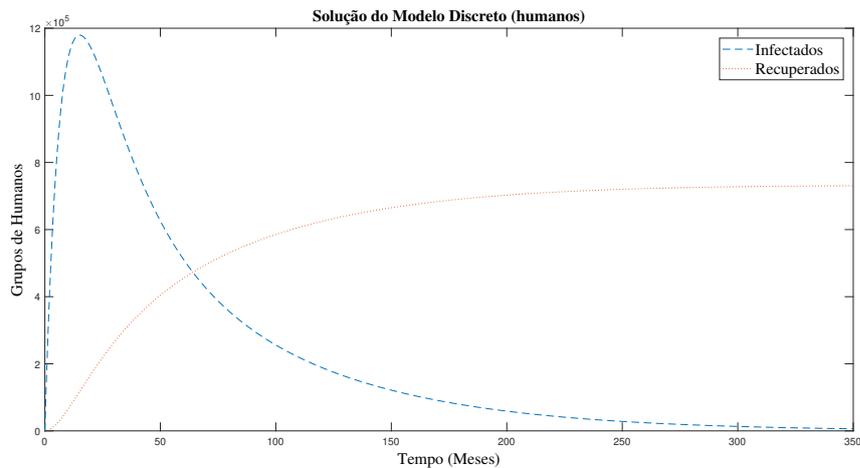


Figura 11 – Solução numérica da população de infectados e recuperados ao longo de 350 meses.

As simulações foram realizadas utilizando os mesmos valores que foram empregados nos parâmetros do modelo contínuo, com a prioridade sendo o comportamento dinâmico, que seguem semelhantes em ambos os casos, e com isso encontrar um conjunto de parâmetros que fornece um comportamento estável. Os parâmetros utilizados aqui, vão ser aplicados ao Filtro de Kalman Estendido para realizar o processo de estimação.

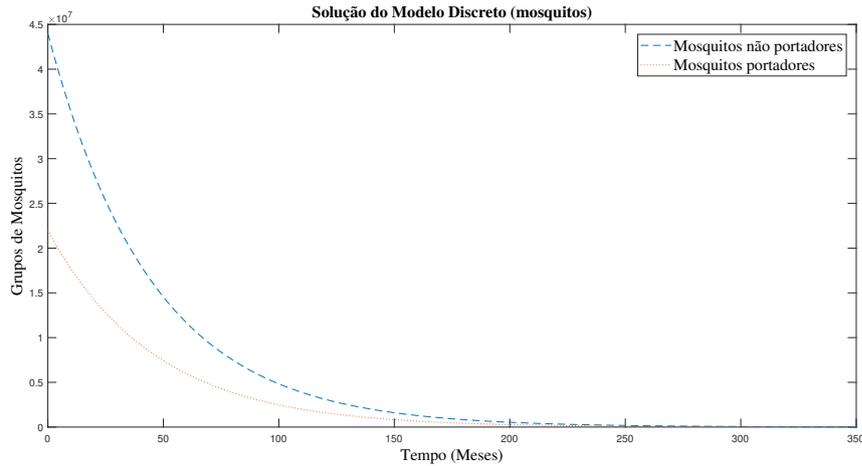


Figura 12 – Solução numérica da população de mosquitos portadores e não portadores do vírus ao longo de 350 meses.

## 6.2 Estimando as populações de mosquitos

Para realizar este processo, faz-se uso do Filtro de Kalman Estendido (FKE) proposto por (SMITH; SCHMIDT; MCGEE, 1962), amplamente utilizado para estimações em modelos não lineares. Como dito anteriormente, o procedimento consiste em linearizar analiticamente o sistema em torno do estado atual e aplicar as equações do Filtro de Kalman deduzidas na Seção 3.2, para isso fazendo-se necessário o cálculo da matriz Jacobiana, como realizado na Seção 3.3. Detalhadamente, tem-se

$$J(k) = \left. \frac{\partial f(x(k))}{\partial x^T(k)} \right|_{x(k)=\hat{x}(k|k)} \quad \text{e} \quad H(k) = \left. \frac{\partial h(x(k))}{\partial x^T(k)} \right|_{x(k)=\hat{x}(k+1|k)}.$$

Sendo que, para o modelo SIR apresentado nas equações (3.89) e (3.90), as jacobianas da função de transição de estado  $f(x(k))$  e da função de saída  $h(x(k))$  são representadas abaixo como,

$$J(k) = \begin{pmatrix} \lambda_H h - \mu_H h - \beta_H h P(k) + 1 & \lambda_H h & \lambda_H h & 0 & -\beta_H h S(k) \\ \beta_H h P(k) & 1 - (\delta_H h + \mu_H h + \alpha_H h) & 0 & 0 & \beta_H h S(k) \\ 0 & \delta_H h & (1 - \mu_H h) & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_I h N(k) & 0 & -\beta_I h I(k) + \lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h + 1 & 0 \\ 0 & \beta_I h N(k) & 0 & \beta_I h I(k) & \lambda_I h - \mu_I h - \mu_N h + 1 \end{pmatrix} \text{e}$$

$$H(k) = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}. \quad (6.1)$$

Sendo as matrizes de ruído do processo e de medição respectivamente,

$$Q = \begin{pmatrix} 15 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 33 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 45 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 35 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 20 \end{pmatrix} \text{ e } R = \begin{pmatrix} 0.9 & 0 & 0 \\ 0 & 0.4 & 0 \\ 0 & 0 & 0.6 \end{pmatrix},$$

encontradas por testes computacionais, sendo definidas aquelas com melhores resultados na obtenção de parâmetros. O algoritmo do FKE do processo a ser realizado para obter as estimativas das populações pode ser verificado na Seção 3.3.

### 6.2.1 Resultado da simulação

A partir do modelo discretizado em espaço de estados, tem-se como objetivo realizar as estimações das populações usando técnicas recursivas de estimação de estado, através de dados reais da quantidade de indivíduos de cada população, como consta nas Figuras 13 e 2, ao longo do tempo, com os seguintes parâmetros.

Tabela 2 – Descrição dos parâmetros do modelo.

Parâmetro	Valor	Unidade	Referência
$S(0)$	118.562.500,00	Estimativa anual	IBGE
$I(0)$	$25 \times 10^6$	Estimativa anual	MS
$R(0)$	$3 \times 10^6$	Estimativa anual	MS
$N(0)$	$44 \times 10^7$	Estimativa anual	Suposto
$P(0)$	$22 \times 10^7$	Estimativa anual	Suposto
$\lambda_H$	$6 \times 10^{-3}$	tempo <sup>-1</sup>	Suposto
$\beta_H$	$9 \times 10^{-4}$	tempo <sup>-1</sup> × Pop. de Hum.	Suposto
$\mu_H$	$6 \times 10^{-3}$	tempo <sup>-1</sup>	Suposto
$\alpha_H$	$33 \times 10^{-2}$	tempo <sup>-1</sup>	Suposto
$\delta_H$	$67 \times 10^{-2}$	tempo <sup>-1</sup>	Suposto
$\lambda_I$	$37 \times 10^{-2}$	tempo <sup>-1</sup>	Suposto
$\beta_I$	$1.5 \times 10^{-7}$	tempo <sup>-1</sup> × Pop. de Mosq.	Suposto
$\mu_I$	$35 \times 10^{-2}$	tempo <sup>-1</sup>	Suposto
$\mu_N$	$4 \times 10^{-2}$	tempo <sup>-1</sup>	Suposto
$h$	$1 \times 10^{-9}$	tempo	Suposto

Antes de iniciar a análise dos resultados, foi encontrado mais uma dificuldade na elaboração das estimações, já que as populações de suscetíveis estão na ordem de milhões e as populações de infectados e recuperados serem da ordem de dezenas. Ao realizar as estimações o filtro não conseguia estimar os parâmetros de uma maneira suficientemente aceitável. Uma maneira de contornar o problema foi colocar as populações que estavam na ordem das dezenas na ordem dos milhares. Após as estimações esses valores foram corrigidos novamente para a ordem de grandeza correta.

Na Tabela 2, são designados os valores iniciais das populações de mosquitos não portadores do vírus  $N(0)$  e os portadores  $P(0)$ , bem como os valores dos parâmetros do modelo, todos estes sendo supostos. Os únicos dados disponíveis ao longo dos últimos 38 anos são as populações de suscetíveis, infectados e recuperados, que podem ser visualizadas nas Figuras 1 e 2. A partir desses dados, que foram supostos por um período de um ano, tem-se os resultados apresentados nas Figuras 13 a 15. Os parâmetros foram supostos tendo em conta a estabilidade desejada para o modelo.

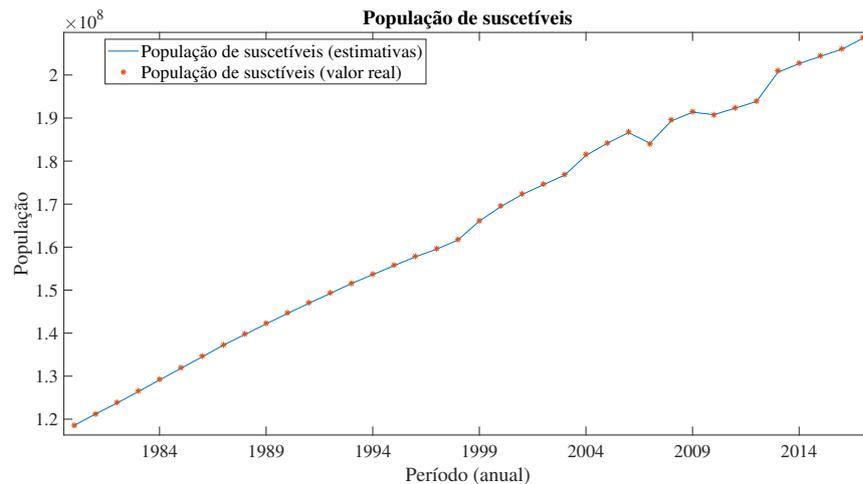


Figura 13 – Estimativas das populações de humanos suscetíveis a doença no período de 1980 a 2017.

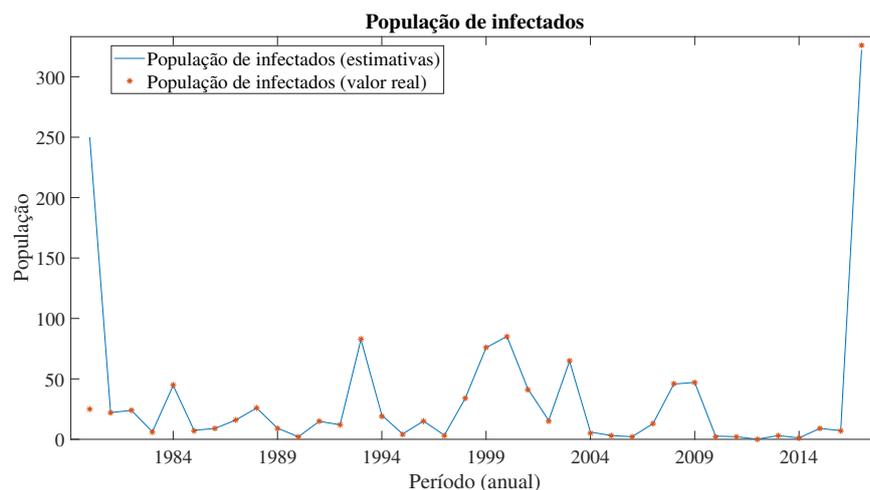


Figura 14 – Estimativas das populações de humanos que foram infectados pelo vírus no período de 1980 a 2017.

Nas Figuras 13, 14 e 15, são mostradas as estimativas anuais das populações de suscetíveis, infectados e recuperados respectivamente no período de 1980 a 2017, obtidas com o algoritmo proposto e os valores medidos apresentados nas Figuras 1 e 2. Os resultados mostram

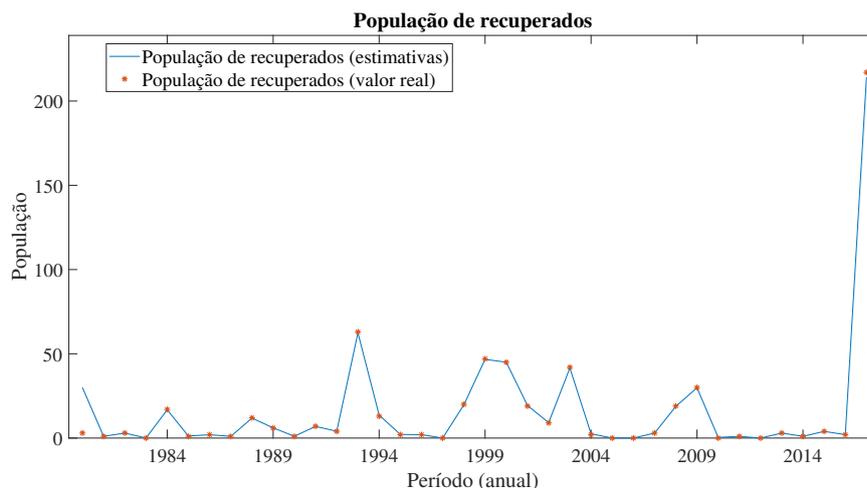


Figura 15 – Estimativas das populações de humanos que se recuperaram da doença no período de 1980 a 2017.

boas estimativas em relação aos dados reais. Também foram realizadas as estimativas das populações de mosquitos, como pode ser observado nas Figuras 16 e 17.

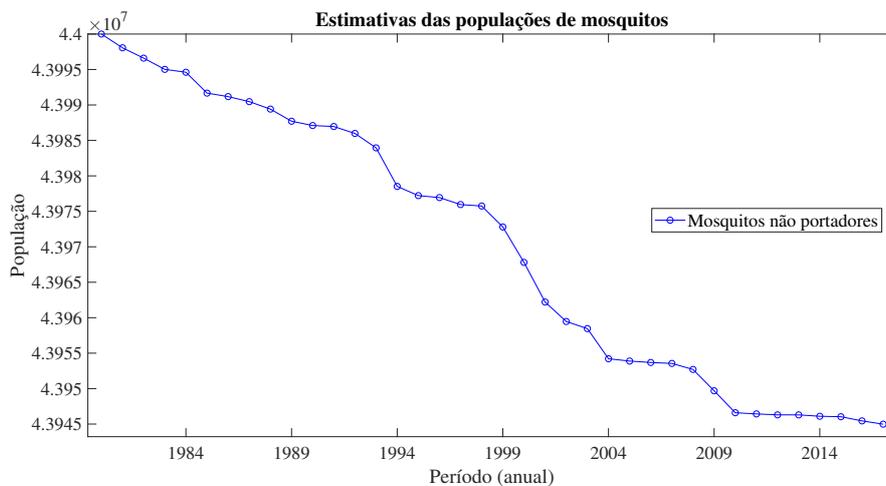


Figura 16 – Estimativas das populações de mosquitos não portadores do vírus no período de 1980 a 2017.

No ano de 1986 foram 9 casos confirmados, e, conforme pode ser visto na Figura 17, o modelo indicou que houve um leve crescimento na quantidade de mosquitos portadores neste período. Talvez por isso, nos anos de 1987 e 1988 tenha ocorrido novamente um aumento no número de casos de infecção dos humanos. No ano de 1993, aconteceu novamente o crescimento de casos, com uma diferença grande entre os anos de 1992 com 12 casos para 1993 com 83 casos, ocorrendo nesse período um dos maiores saltos na quantidade de mosquitos contaminados em relação a anos anteriores, o que é aceitável, pois as contaminações foram relativamente baixas em anos anteriores. Em 1998, foram 34 casos confirmados, e no mesmo período aconteceu um

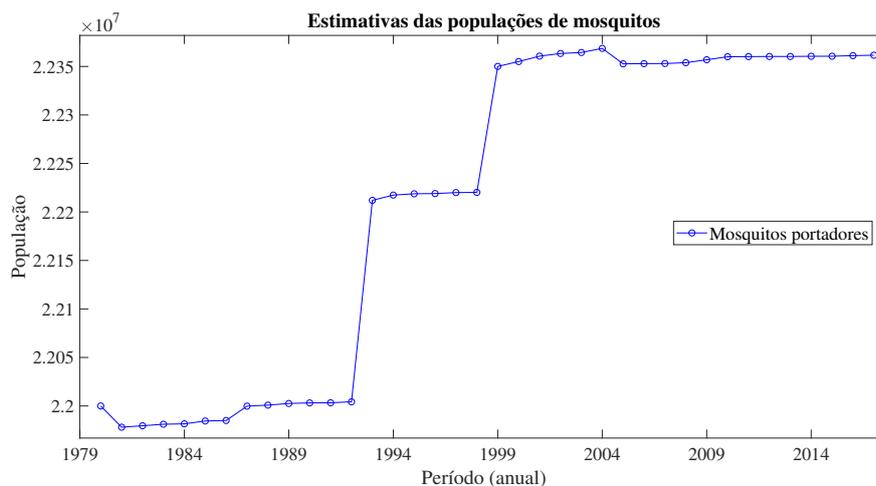


Figura 17 – Estimativas das populações de mosquitos portadores do vírus no período de 1980 a 2017.

aumento na quantidade de mosquitos portadores, tendo continuidade nos anos seguintes até o ano de 2004, quando se observaram somente 5 casos, ao contrário do ano anterior em que foram 65, o que pode ser notado também com a diminuição na quantidade de mosquitos infectados na mesma data. Por fim, entre os anos de 2007 e 2009, nota-se maiores quantidades de infectados, chegando a 47 no último ano citado, em relação ao ano de 2006 quando foram somente 2, e durante esse período, a população de mosquitos não sofreu grandes variações.

Na Figura 15 o gráfico das estimativas das pessoas que se recuperaram da doença é proporcional ao de infectados, isto é, quanto mais infectados durante determinado período, maior a quantidade de recuperados. A estimativa dos mosquitos não portadores equivale às taxas impostas na Tabela 2, sendo que a taxa de mortalidade era maior que a de natalidade, e a população dos mosquitos portadores está condizente com os períodos de infecção da doença.

Nas simulações realizadas, o sistema se mostrou estável e os estados relacionados a dados medidos foram estimados corretamente. As estimativas de estados relacionada aos mosquitos foram coerentes com o comportamento observado da doença.

### 6.3 Conclusão

Os resultados obtidos foram satisfatórios do ponto de vista biológico, sendo empregada uma técnica diferente para realizar as estimativas das populações de mosquitos, esta provando ser capaz de executar estimativas coerentes. Em nenhum momento ocorreu uma diminuição na população de mosquitos portadores quando ocorreu um aumento no número de infectados e o contrário também não ocorreu nos períodos de diminuição dos casos confirmados, havendo no máximo uma estabilização na quantidade de mosquitos ou uma leve alteração na mesma durante estes períodos, mas sempre sendo coerente com o comportamento da população

de pessoas infectadas. O filtro estimou um aumento significativo no número de infectados e mosquitos portadores nos anos de 1993 e 1999.

O comportamento dinâmico estimado para os compartimentos da população de mosquitos foi conforme esperado, comprovando que os observadores de estado podem ser usados para estimar esse tipo de variável. A estimativa permite que se criem políticas públicas efetivas de controle.

# Capítulo 7

## Conclusão

Neste trabalho, foi elaborado um modelo epidemiológico descrevendo a dinâmica da febre amarela e, através deste modelo discretizado, de dados obtidos de órgãos oficiais do Brasil e da aplicação do Filtro de Kalman Estendido, foi possível realizar estimações das população de mosquitos da febre amarela. Os resultados obtidos foram satisfatórios, tanto nas populações de humanos quanto nas de mosquitos.

Durante o processo de elaboração deste trabalho, foram encontradas dificuldades como em todo processo de pesquisa. Muitos dos parâmetros tiveram que ser simulados a partir de outros modelos de dinâmicas populacionais, além de ter sido realizada uma calibração desses parâmetros com esse uso de modelo e simulações computacionais. Um dos procedimentos essenciais para trabalhos futuros seria adicionar mais uma equação que descreveria o comportamento dos primatas em relação a doença, e sua contribuição para a sua disseminação. Além disso, na elaboração do modelo, em trabalhos futuros pode ser introduzido o controle de imunização pela vacina, um dos principais meios de controle utilizados por órgãos governamentais, e nas simulações, podem ser gerados cenários com diferentes taxas de vacinação e verificar sua eficácia.

Posteriormente, também podem ser usados modelos com a população de suscetíveis compartimentada, e através da lógica fuzzy, pode ser estudada a introdução de incertezas nos parâmetros de suscetibilidade. Outro trabalho futuro possível é o cálculo do número de reprodutividade basal  $R_0$ , que tem como interesse central assegurar o comportamento de contágio de uma determinada doença em uma população, isto é, a capacidade de transmissão dessa doença. Simultaneamente, a área analisada poderá ser reduzida, de forma que os dados sejam mais precisos, bem como as populações poderão ser normalizadas.

Outro ponto importante a citar que pode ser aperfeiçoado em trabalhos futuros são as soluções numéricas obtidas na Seção 6.1, em que os resultados obtidos não foram tão aproximados quando se comparam as soluções contínuas com as discretas, apesar de ser obtido um comportamento semelhante. Para isso devem ser estudadas formas alternativas de

discretização de equações diferenciais.

Finalmente, podem ser realizados comparativos de outros estimadores de estado, afim de se obter melhores estimativas, principalmente as de maiores períodos nos últimos anos, com o Filtro de Kalman Unscented (FKU), Filtro de Partículas (FP), Filtro de Partículas Unscented (FPU), dentre outros. Por fim, outro trabalho futuro possível é a realização de estimativas dos ruídos de entrada a partir dos dados observados utilizando o método da máxima verossimilhança.

Em conclusão, espera-se que este trabalho possa vir a lançar bases para que, numa continuação da pesquisa, haja a possibilidade de se construir um instrumental matemático computacional que contribua para o estabelecimento de políticas públicas em termos de saúde pública e no estudo de zoonoses a partir de modelagem matemática e dos algoritmos observadores de estados.

## Referências

ABREU, F. V. S. d.; RIBEIRO, I. P.; BRITO, A. Ferreira-de; SANTOS, A. A. C. d.; MIRANDA, R. M. d.; BONELLY, I. d. S.; NEVES, M. S. A. S.; BERSOT, M. I.; SANTOS, T. P. d.; GOMES, M. Q. et al. Haemagogus leucocelaenus and haemagogus janthinomys are the primary vectors in the major yellow fever outbreak in brazil, 2016–2018. *Emerging microbes & infections*, Taylor & Francis, v. 8, n. 1, p. 218–231, 2019. Citado no texto: página 14.

AGUIRRE, L. A. *Introdução à identificação de sistemas: Técnicas lineares e não-lineares aplicadas a sistemas reais*. [S.l.]: Editora UFMG, 2015. Citado no texto: 3 vezes nas páginas 17, 24 e 29.

ALLEN, L.; JONES, M.; MARTIN, C. A discrete-time model with vaccination for a measles epidemic. *Mathematical biosciences*, Elsevier, v. 105, n. 1, p. 111–131, 1991. Citado no texto: página 42.

ALLMAN, E. S.; RHODES, J. A. *Mathematical models in biology: an introduction*. [S.l.]: Cambridge University Press, 2004. Citado no texto: 2 vezes nas páginas 22 e 40.

BARRETO, G. Modelagem computacional distribuída e paralela de sistemas e de séries temporais multivariáveis no espaço de estado. Tese de Doutorado, FEEC - Unicamp, Campinas, 2002. Citado no texto: página 17.

BASSANEZI, R. C.; JUNIOR, W. C. F. *Equações Diferenciais: com aplicações*. [S.l.]: Harbra, 1988. Citado no texto: página 44.

BERCI, C. D. Observadores inteligentes de estado: propostas. Dissertação de mestrado, FEEC - Unicamp, Campinas, 2008. Citado no texto: página 17.

BERGE, T.; LUBUMA, J.-S.; MOREMEDI, G.; MORRIS, N.; KONDERA-SHAVA, R. A simple mathematical model for ebola in africa. *Journal of biological dynamics*, Taylor & Francis, v. 11, n. 1, p. 42–74, 2017. Citado no texto: página 42.

BRASIL. *Boletim Epidemiológico da Febre Amarela, Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde*. 2017. Disponível em: <[http://portalarquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2017/setembro/06/2017\\_027.pdf](http://portalarquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2017/setembro/06/2017_027.pdf)>. Acesso em: 05-10-2018. Citado no texto: página 14.

CAPASSO, V. *Mathematical structures of epidemic systems*. [S.l.]: Springer, 1993. v. 88. Citado no texto: página 17.

CHEN, W. A mathematical model of ebola virus based on sir model. In: IEEE. *Industrial Informatics-Computing Technology, Intelligent Technology, Industrial Information Integration (ICIICIT), 2015 International Conference on*. [S.l.], 2015. p. 213–216. Citado no texto: página 42.

- CHENG, Y.; LIU, Z. Optimized selection of sigma points in the unscented kalman filter. In: IEEE. *Electrical and Control Engineering (ICECE), 2011 International Conference on*. [S.l.], 2011. p. 3073–3075. Citado no texto: página 37.
- CHOWELL, G.; HYMAN, J. M.; BETTENCOURT, L. M.; CASTILLO-CHAVEZ, C.; NISHIURA, H. *Mathematical and statistical estimation approaches in epidemiology*. [S.l.]: Springer, 2009. Citado no texto: página 17.
- CLANCY, D. Optimal intervention for epidemic models with general infection and removal rate functions. *Journal of mathematical biology*, Springer, v. 39, n. 4, p. 309–331, 1999. Citado no texto: página 16.
- EARN, D. J.; BRAUER, F.; DRIESSCHE, P. van den; WU, J. *Mathematical epidemiology*. [S.l.]: Springer, 2008. Citado no texto: página 17.
- EDELSTEIN-KESHET, L. *Mathematical models in biology*. [S.l.]: Siam, 2015. v. 46. Citado no texto: 4 vezes nas páginas 17, 23, 45 e 49.
- FARIA, N. R.; KRAEMER, M. U.; HILL, S.; JESUS, J. G. D.; AGUIAR, R.; IANI, F. C.; XAVIER, J.; QUICK, J.; PLESSIS, L. D.; DELLICOUR, S. et al. Genomic and epidemiological monitoring of yellow fever virus transmission potential. *Science*, American Association for the Advancement of Science, v. 361, n. 6405, p. 894–899, 2018. Citado no texto: página 14.
- GEROMEL, J. C.; PALHARES, A. G. *Palhares-“Análise Linear de Sistemas Dinâmicos; Teoria, Ensaios Práticos e Exercícios”*. [S.l.: s.n.], 2004. Citado no texto: 2 vezes nas páginas 17 e 49.
- GIESBRECHT, M. Modelagem computacional do aquecimento de um motor de indução monofásico aplicado em máquinas de lavar roupas durante a etapa de agitação. Tese de Mestrado, FEEC - Unicamp, Campinas, 2007. Citado no texto: página 24.
- GIESBRECHT, M. Propostas imuno-inspiradas para identificação de sistemas e realização de séries temporais multivariáveis no espaço de estado. Tese de Doutorado, FEEC - Unicamp, Campinas, 2013. Citado no texto: 4 vezes nas páginas 17, 27, 29 e 31.
- GORDON, N. J.; SALMOND, D. J.; SMITH, A. F. Novel approach to nonlinear/non-gaussian bayesian state estimation. In: IET. *IEE proceedings F (radar and signal processing)*. [S.l.], 1993. v. 140, n. 2, p. 107–113. Citado no texto: página 17.
- HETHCOTE, H. W. The mathematics of infectious diseases. *SIAM review*, SIAM, v. 42, n. 4, p. 599–653, 2000. Citado no texto: 2 vezes nas páginas 23 e 40.
- HULIN, W.; WAI-YUAN, T. Modelling the hiv epidemic: A state-space approach. *Mathematical and computer modelling*, Elsevier, v. 32, n. 1-2, p. 197–215, 2000. Citado no texto: página 39.
- JULIER, S. J. The spherical simplex unscented transformation. In: IEEE. *American Control Conference, 2003. Proceedings of the 2003*. [S.l.], 2003. v. 3, p. 2430–2434. Citado no texto: página 37.
- JULIER, S. J.; UHLMANN, J. K. New extension of the kalman filter to nonlinear systems. In: INTERNATIONAL SOCIETY FOR OPTICS AND PHOTONICS. *Signal processing, sensor fusion, and target recognition VI*. [S.l.], 1997. v. 3068, p. 182–194. Citado no texto: 3 vezes nas páginas 17, 36 e 37.

- JULIER, S. J.; UHLMANN, J. K. Reduced sigma point filters for the propagation of means and covariances through nonlinear transformations. In: IEEE. *American Control Conference, 2002. Proceedings of the 2002*. [S.l.], 2002. v. 2, p. 887–892. Citado no texto: página 37.
- KALMAN, R. E. A new approach to linear filtering and prediction problems. *Journal of basic Engineering*, American Society of Mechanical Engineers, v. 82, n. 1, p. 35–45, 1960. Citado no texto: 3 vezes nas páginas 17, 26 e 29.
- KALMAN, R. E.; BUCY, R. S. New results in linear filtering and prediction theory. *Journal of basic engineering*, American Society of Mechanical Engineers, v. 83, n. 1, p. 95–108, 1961. Citado no texto: página 26.
- KATAYAMA, T. *Subspace methods for system identification*. [S.l.]: Springer Science & Business Media, 2006. Citado no texto: página 29.
- KERMACK, W. O.; MCKENDRICK, A. G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc Roy Soc*, v. 5, 1927. Citado no texto: página 40.
- LATHI, B. P. *Linear Systems and Signals*. 2nd. ed. New York, NY, USA: Oxford University Press, Inc., 2009. Citado no texto: página 55.
- LEDDER, G. *Mathematics for the Life Sciences: Calculus, Modeling, Probability, and Dynamical Systems*. 1. ed. [S.l.]: Springer-Verlag New York, 2013. (Springer Undergraduate Texts in Mathematics and Technology). Citado no texto: página 20.
- MACUFA, M. M. M.; BASSANEZI, R. C. Modelo epidemiológico alternativo para a malária. *Uma Publicação do Grupo de Biomatemática IMECC-UNICAMP*, v. 21, n. 4, p. 13–22, 2011. Citado no texto: página 42.
- MARTCHEVA, M. *An introduction to mathematical epidemiology*. [S.l.]: Springer, 2015. v. 61. Citado no texto: 3 vezes nas páginas 16, 23 e 39.
- MASSAD, E.; AMAKU, M.; COUTINHO, F. A. B.; STRUCHINER, C. J.; LOPEZ, L. F.; WILDER-SMITH, A.; BURATTINI, M. N. Estimating the size of aedes aegypti populations from dengue incidence data: Implications for the risk of yellow fever outbreaks. *Infectious disease modelling*, Elsevier, v. 2, n. 4, p. 441–454, 2017. Citado no texto: página 20.
- MAYBECK, P. S. *Stochastic models, estimation, and control, volume 1*. Burlington, MA: Elsevier, 1979. (Mathematics in science and engineering). Citado no texto: página 29.
- MURRAY, J. D. *Mathematical biology: I. An Introduction (interdisciplinary applied mathematics)(Pt. 1)*. [S.l.]: New York, Springer, 2007. v. 17. Citado no texto: 6 vezes nas páginas 17, 23, 42, 45, 47 e 49.
- OGATA, K.; YANG, Y. *Modern control engineering*. [S.l.]: Prentice hall India, 2002. v. 4. Citado no texto: 3 vezes nas páginas 19, 20 e 21.
- RAYYAM, M.; ZAZI, M.; HAJJI, Y. Detection of broken bars in induction motor using the extended kalman filter (ekf). In: IEEE. *Complex Systems (WCCS), 2015 Third World Conference on*. [S.l.], 2015. p. 1–5. Citado no texto: página 45.

- ROCHA, F. P.; GIESBRECHT, M.; MEYER, J. F. d. C. A. Aplicação de observadores de estado em um modelo sir para estimação da população de mosquitos transmissores da febre amarela. *XII Encontro Acadêmico de Modelagem Computacional*, Laboratório Nacional de Computação Científica - LNCC/MCTIC, 2019. Citado no texto: página 17.
- SAID, M. N.; BENBOUZID, M. E. H.; BENCHAIIB, A. Detection of broken bars in induction motors using an extended kalman filter for rotor resistance sensorless estimation. *IEEE Transactions on energy conversion*, IEEE, v. 15, n. 1, p. 66–70, 2000. Citado no texto: página 45.
- SEGEL, L. A.; EDELSTEIN-KESHET, L. *A Primer in Mathematical Models in Biology*. [S.l.]: Siam, 2009. v. 129. Citado no texto: 2 vezes nas páginas 23 e 45.
- SIDE, S.; NOORANI, M. S. M. A sir model for spread of dengue fever disease (simulation for south sulawesi, indonesia and selangor, malaysia). *World Journal of Modelling and Simulation*, World Academic Union, v. 9, n. 2, p. 96–105, 2013. Citado no texto: página 42.
- SMITH, G. L.; SCHMIDT, S. F.; MCGEE, L. A. *Application of statistical filter theory to the optimal estimation of position and velocity on board a circumlunar vehicle*. [S.l.]: National Aeronautics and Space Administration, 1962. Citado no texto: 3 vezes nas páginas 17, 34 e 60.
- SOARES, A. L. O. Estabilidade de sistemas epidemiológicos gerais. Tese de Doutorado,IMECC - Unicamp, Campinas, 2018. Citado no texto: página 47.
- SORENSEN, H. W. Least-squares estimation: from gauss to kalman. *IEEE spectrum*, IEEE, v. 7, n. 7, p. 63–68, 1970. Citado no texto: página 29.
- SOUZA, J. M. R. Estudo da dispersão de risco de epizootias em animais: o caso da influenza aviária. Dissertação de Mestrado,IMECC - Unicamp, Campinas, 2010. Citado no texto: página 44.
- SOUZA, S. D. Estoque e controle de pesca na amazônia. Tese de Doutorado,IMECC - Unicamp, Campinas, 2018. Citado no texto: página 20.
- TAN, W.-Y.; YE, Z. Estimation of hiv infection and incubation via state space models. *Mathematical biosciences*, Elsevier, v. 167, n. 1, p. 31–50, 2000. Citado no texto: página 39.
- W. H. ORGANIZATION. *Malaria, mosquitoes and the legacy of Ronald Ross*. 2007. Disponível em: <<http://www.who.int/bulletin/volumes/85/11/04-020735/en/>>. Acesso em: 05-10-2018. Citado no texto: página 39.
- W. H. ORGANIZATION. *The top 10 causes of death*. 2018. Disponível em: <<http://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/the-top-10-causes-of-death>>. Acesso em: 05-10-2018. Citado no texto: página 39.
- WAN, E. A.; MERWE, R. V. D. The unscented kalman filter for nonlinear estimation. In: IEEE. *Adaptive Systems for Signal Processing, Communications, and Control Symposium 2000. AS-SPCC. The IEEE 2000*. [S.l.], 2000. p. 153–158. Citado no texto: página 36.
- WASSERMAN, L. *All of statistics: a concise course in statistical inference*. [S.l.]: Springer Science & Business Media, 2013. Citado no texto: página 30.
- YANG, H. M. *Epidemiologia matemática: Estudos dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta*. [S.l.]: Editora da UNICAMP, 2001. Citado no texto: página 13.