

# SOLUÇÃO DO MODELO SEIR FRACIONÁRIO PARA ESTUDAR A DISSEMINAÇÃO DA MPOX NA REPÚBLICA DEMOCRÁTICA DO CONGO

## FRACTIONAL SEIR MODEL SOLUTION TO STUDY THE DISSEMINATION OF MPOX IN THE DEMOCRATIC REPUBLIC OF THE CONGO

Antonio Marcos de Oliveira dos Santos<sup>1</sup> 

Matheus Jatkoske Lazo<sup>2</sup> 

Daniela Buske<sup>3</sup> 

**Resumo:** Este documento apresenta uma análise do modelo epidemiológico SEIR (Suscetível, Exposto, Infeccioso e Removido) fracionário, ou seja, um modelo baseado em derivadas de Caputo de ordem não inteira (arbitrária), com o objetivo de estudar a disseminação da mpx na República Democrática do Congo (RDC). Considerando a relevância da resposta rápida e precisa por parte das autoridades de saúde pública, a modelagem fracionária oferece vantagens significativas na descrição da memória e hereditariedade dos processos infecciosos (POOSEH, 2011). Utilizamos dados reais de casos diários e cumulativos para calibrar e validar o modelo. Simulações numéricas realizadas com o método preditor-corretor fracionário de Adams-Bashforth-Moulton revelam um melhor ajuste em comparação ao modelo SEIR de derivada inteira.

**Palavras-chave:** Cálculo Fracionário. Métodos Numéricos. Derivada de Caputo. Modelo SEIR. Mpx.

**Abstract:** This document presents an analysis of the fractional SEIR (Susceptible, Exposed, Infectious, and Removed) epidemiological model, that is, a model based on non-integer (arbitrary) order Caputo derivatives, with the aim of studying the spread of mpx in the Democratic Republic of the Congo (DRC). Considering the importance of rapid and accurate response by public health authorities, fractional modeling offers significant advantages in describing the memory and heritability of infectious processes (POOSEH, 2011). We used real data from daily and cumulative cases to calibrate and validate the model. Numerical simulations performed with the fractional Adams-Bashforth-Moulton predictor-corrector method reveal a better fit compared to the integer-derivative SEIR model.

**Keywords:** Fractional Calculus. Numerical Methods. Caputo Derivative. SEIR Model. Mpx.

---

<sup>1</sup> Doutorando em Modelagem Computacional, FURG, marcosmatematico22@gmail.com.

<sup>2</sup> Doutor em Física, FURG, matheusjlazo@gmail.com.

<sup>3</sup> Doutora em Engenharia Mecânica, UFPel, danielabuske@gmail.com.

# 1 INTRODUÇÃO

A mpox é uma doença endêmica em países da África Central e Ocidental, causada pelo vírus *Monkeypox*, do gênero *Orthopoxvirus* e da família *Poxviridae*, da qual também faz parte o vírus da varíola (OMS, 2022). Essa doença tem colocado as autoridades de saúde em alerta, pois, em 2022, um surto global foi registrado, levando a Organização Mundial da Saúde (OMS) a declarar emergência em saúde pública de importância internacional. Como resposta, em setembro de 2024, a OMS aprovou, em regime de emergência, o imunizante *Jynneos (Imvanexda)* da fabricante dinamarquesa *Bavarian Nordic*, para adultos (GLOBO, 2024).

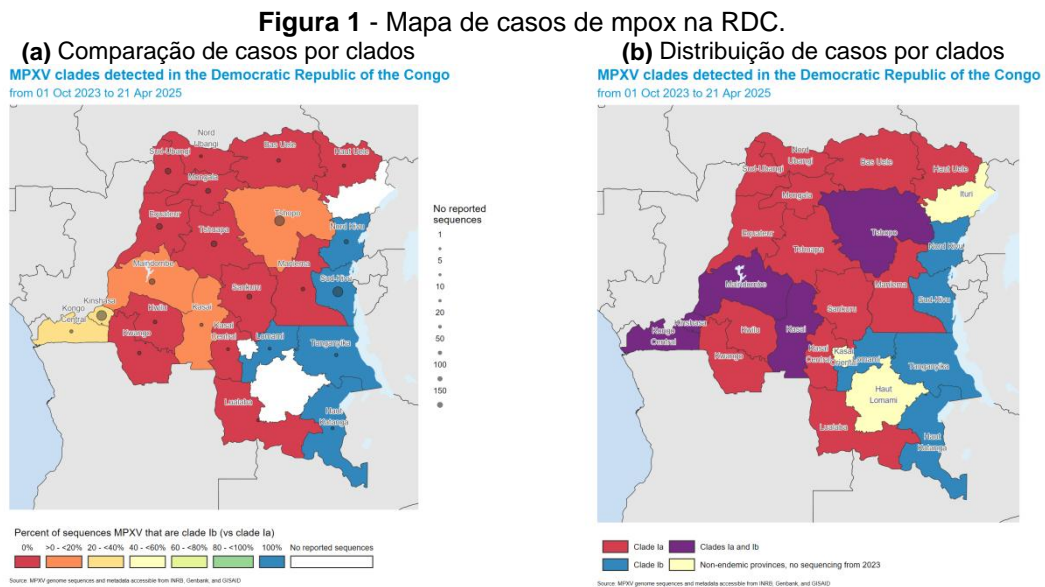
Em novembro de 2024, devido à disseminação de uma nova variante, o clado 1b, que está afetando principalmente a República Democrática do Congo (RDC), a OMS aprovou, em regime de emergência, uma segunda vacina para mpox: o imunizante japonês LC16m8a. No entanto, o índice de casos de mpox na RDC tem aumentado de forma alarmante, segundo a OMS só em 2025 foram relatados mais de 2000 casos confirmados e 4 mortes, totalizando mais de 17000 casos e 47 mortes pela doença (WHO, 2025).

A Figura 1 apresenta a distribuição de casos de mpox de acordo com as variantes em circulação em cada distrito da RDC no período de 1º de outubro de 2023 a 16 de fevereiro de 2025. A Figura 1a compara o número de casos entre os clados 1b e 1a nas províncias da RDC. Esse mapa indica a proporção de sequências pertencentes ao clado 1b em relação ao clado 1a em diferentes províncias do país. Além disso, é possível observar que apenas três províncias não apresentam casos relatados.

Já a Figura 1b apresenta a distribuição dos clados da mpox na RDC. O mapa classifica as províncias de acordo com a predominância dos clados 1a e 1b, além de indicar áreas sem sequenciamento recente. Observa-se que o clado 1a predomina na parte ocidental e central do país, enquanto o clado 1b é mais comum no sudeste e leste da RDC. Além disso, algumas províncias apresentam circulação mista dos clados (1a e 1b). Certas províncias (em

amarelo) não tiveram sequenciamento recente, o que pode indicar ausência de novos casos relatados ou falta de monitoramento.

As sequências são obtidas a partir de metadados compartilhados pelo Instituto Nacional de Pesquisa Biomédica (INRB) da República Democrática do Congo e de sequências publicamente disponíveis no Genbank e no GISAID (WHO, 2025).



**Fonte:** OMS (WHO, 2025).

Este documento tem como objetivo realizar um estudo sobre a dinâmica de propagação da mpox na RDC por meio de um modelo SEIR (Suscetível, Exposto, Infecioso e Removido) fracionário. Esse modelo foi implementado computacionalmente para simular o atual cenário da epidemia de mpox, utilizando o método previsor-corretor de Adams-Bashforth-Moulton (ABM) fracionário para resolver equações diferenciais fracionárias com derivadas no sentido de Caputo. Para isso, será conduzido um estudo sobre o cálculo fracionário, com ênfase nas derivadas de Caputo.

### 1.1 Cálculo Fracionário

O cálculo fracionário é uma poderosíssima ferramenta que pode fornecer uma interpretação mais realista de fenômenos naturais. Ele tem sido amplamente utilizado na modelagem matemática de sistemas evolutivos. Na

epidemiologia, o cálculo diferencial e integral de ordem fracionária estuda a propagação de doenças. Esse tipo de abordagem matemática tem se tornado cada vez mais relevante, pois pode capturar melhor a dinâmica complexa das epidemias, levando em conta efeitos como memória e heterogeneidade da população (BARROS et al., 2002; LAZO et al., 2022; MAZORCHE et al., 2021).

Existem várias formulações para o cálculo fracionário, sendo as mais populares o cálculo fracionário de Grunwald-Letnikov, o cálculo fracionário de Riemann-Liouville e o cálculo fracionário de Caputo. As definições apresentadas neste documento são baseadas na obra de (DIETHELM, 2010).

A definição da derivada fracionária de Caputo é a seguinte:

**Definição 1.1** Seja  $\alpha > 0$  um número real e  $n \in \mathbb{N}$  de forma que  $n - 1 < \alpha < n$ . Se  $f$  é uma função contínua em  $[a, b] \subset \mathbb{R}$  com  $n$  derivadas contínuas em  $(a, b)$ , então a derivada fracionária de Caputo de ordem  $\alpha$  de  $f$ , definida em  $[a, b]$  é a função dada por:

$$D_{a+}^{\alpha}(f)(t) = (D_{a+}^{\alpha})(t) = (J_{a+}^{n-\alpha} f^{(n)})(t) = \frac{1}{\Gamma(n-\alpha)} \int_a^t (t-s)^{n-\alpha-1} \frac{d^n f}{ds^n}(s) ds$$

Sendo que  $J_{a+}$  se refere à integral fracionária de Riemann-Liouville e  $f^{(n)}$  se refere à derivada clássica da função  $f$  de ordem  $n$ .

**Definição 1.2** Seja  $\alpha > 0$  um número real e o operador  ${}_a J_x^{\alpha}$  definida em  $[a, b]$ , então:

$${}_a J_x^{\alpha} f(x) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \int_a^x \frac{f(t)}{(x-t)^{1-\alpha}} dt,$$

é chamada de integral fracionária de Riemann-Liouville de ordem  $\alpha > 0$ , e ela satisfaz as seguintes generalizações fracionária do Teorema Fundamental do Cálculo:

**Teorema 1.1 (Teorema Fundamental do Cálculo de Riemann-Liouville)** Seja  $0 < \alpha < 1$ , e seja  ${}_a J_x^{1-\alpha} f(x)$  absolutamente contínua em  $[a, b]$ . A seguinte igualdade é satisfeita:

$${}_a J_b^{\alpha} {}_a D_b^{\alpha} f(x) = f(b) - \frac{(x-a)^{\alpha-1}}{\Gamma(\alpha)} \lim_{t \rightarrow a^+} {}_a J_t^{1-\alpha} f(t)$$

**Teorema 1.1 (Teorema Fundamental do Cálculo de Caputo)** Seja  $0 < \alpha < 1$ , e  $f$  uma função diferenciável em  $[a, b]$ . A seguinte igualdade é satisfeita:

$${}_a J_b^{\alpha C} D_x^{\alpha} f(x) = f(b) - f(a)$$

As demonstrações para os Teoremas 1.1 e 1.2 estão disponíveis em (DIETHELM, 2010).

O trabalho está dividido nas seguintes seções. A Seção 2 descreve a formulação do modelo proposto, incluindo a análise de estabilidade dos pontos de equilíbrio associados ao modelo fracionário, com o objetivo de investigar a dinâmica da epidemia de mpox sob diferentes cenários, e o método numérico para sua implementação por meio da derivada de Caputo. A Seção 3 apresenta a solução do modelo fracionário e os resultados numéricos da epidemia de mpox na RDC. Por fim, a Seção 5 discute as conclusões e perspectivas futuras da pesquisa.

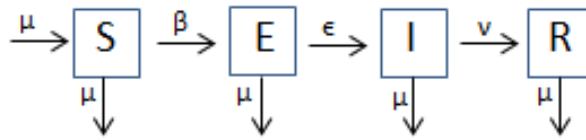
## 2 MODELO FRACIONÁRIO

Um modelo fracionário consiste na substituição das derivadas de ordem inteira por derivadas de ordem não inteira, especificamente entre 0 e 1, permitindo uma descrição mais realista da evolução da doença (MAZORCHE et al., 2021).

### 2.1 Modelo SEIR Clássico

No desenvolvimento de um modelo baseado em derivadas de ordem inteira para o estudo da mpox, considera-se que a população total  $N$  está dividida em quatro compartimentos: Suscetíveis  $S$ , Expostos  $E$ , Infecciosos  $I$  e Recuperados  $R$ . Esse tipo de estrutura compartimental é conhecido como modelo SEIR. A Figura 2 apresenta a estrutura compartimental para esse modelo.

**Figura 2:** Esquema compartimental do modelo SEIR.



**Fonte:** Dos autores.

Aqui apresentamos o modelo SEIR normalizado, representado pelo seguinte sistema de EDOs com derivadas de ordem inteira.

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = \mu - \beta si - \mu s \\ \frac{de}{dt} = \beta si - e(\epsilon + \mu) \\ \frac{di}{dt} = \epsilon e - i(\nu + \mu) \\ \frac{dr}{dt} = \nu i - \mu r \end{cases} \quad (1)$$

onde tem-se que  $s \in [0, 1]$ ,  $e \in [0, 1]$ ,  $i \in [0, 1]$ ,  $r \in [0, 1]$  e  $s + e + i + r = 1$ .

Os parâmetros para o modelo (1) são:

- $s(t)$  é o número de indivíduos suscetíveis no tempo  $t$ ;
- $e(t)$  é o número de indivíduos expostos no tempo  $t$ ;
- $i(t)$  é o número de indivíduos infecciosos no tempo  $t$ ;
- $r(t)$  é o número de indivíduos recuperados no tempo  $t$ ;
- $\beta$  é a taxa de contato ou taxa de transmissão;
- $\nu$  é a taxa de recuperação;
- $\epsilon$  é a taxa de incubação;
- $\mu$  é a taxa de natalidade/mortalidade.

## 2.2 Modelo SEIR Fracionário

O sistema (1) foi reformulado utilizando derivadas fracionárias. Dessa forma, as derivadas de primeira ordem foram substituídas por derivadas de Caputo de ordem  $\alpha$ , onde  $\alpha \in (0,1]$ :

$$\begin{cases} \kappa_{\alpha}^C D_t^{\alpha} s = \mu - \beta si - \mu s \\ \kappa_{\alpha}^C D_t^{\alpha} e = \beta si - e(\epsilon + \mu) \\ \kappa_{\alpha}^C D_t^{\alpha} i = \epsilon e - i(\nu + \mu) \\ \kappa_{\alpha}^C D_t^{\alpha} r = \nu i - \mu r \end{cases} \quad (2)$$

É importante lembrar que, a derivada fracionária possui dimensão de  $t^{-\alpha}$ , de modo a manter a consistência dimensional com o lado direito do modelo. Assim, a constante  $\kappa_\alpha$  deve ter dimensão de  $t^{\alpha-1}$ . A análise de estabilidade para esse modelo é feita de maneira análoga ao que foi feito no trabalho (Santos, 2023).

### 2.3 Pontos de Equilíbrio

O sistema admite dois pontos de equilíbrio, sendo um deles o ponto de equilíbrio livre da doença, que representa a situação em que a mpox não está circulando na população, ou seja, quando a proporção de indivíduos infectados é nula. Assim o ponto de equilíbrio livre da doença para o sistema (2) é dado por:

$$\kappa_\alpha {}^C D_t^\alpha s = 0 \Rightarrow \mu - \beta si - \mu s = 0 \quad (3)$$

$$\kappa_\alpha {}^C D_t^\alpha e = 0 \Rightarrow \beta si - e(\mu + \epsilon) = 0 \quad (4)$$

$$\kappa_\alpha {}^C D_t^\alpha i = 0 \Rightarrow \epsilon e - i(\mu + \nu) = 0 \quad (5)$$

$$\kappa_\alpha {}^C D_t^\alpha r = 0 \Rightarrow \nu i - \mu r = 0 \quad (6)$$

Resolvendo o sistema, obtém-se  $i = 0$  ou  $i = \frac{\mu}{\beta} \left( \frac{\epsilon\beta}{(\nu+\mu)(\epsilon+\mu)} - 1 \right)$ . Se  $i = 0$ , então tem-se o ponto de equilíbrio livre da doença:

$$P_1^*(s^*, e^*, i^*, r^*) = (1, 0, 0, 0) \quad (7)$$

Se  $i = \frac{\mu}{\beta} \left( \frac{\epsilon\beta}{(\nu+\mu)(\epsilon+\mu)} - 1 \right)$ , tem-se:

$$s = \frac{(\nu + \mu)(\epsilon + \mu)}{\epsilon\beta}$$

$$e = \frac{\mu}{(\epsilon + \mu)} \left( 1 - \frac{(\nu + \mu)(\epsilon + \mu)}{\epsilon\beta} \right)$$

$$r = \frac{\nu}{\beta} \left( \frac{\epsilon\beta}{(\nu + \mu)(\epsilon + \mu)} - 1 \right)$$

e portanto, obtém-se o ponto de equilíbrio endêmico para o sistema fracionário

$$P_2^*(s^*, e^*, i^*, r^*) = \left( \frac{(v+\mu)(\epsilon+\mu)}{\epsilon\beta}, \frac{\mu}{(\epsilon+\mu)} \left( 1 - \frac{(v+\mu)(\epsilon+\mu)}{\epsilon\beta} \right), \frac{\mu}{\beta} \left( \frac{\epsilon\beta}{(v+\mu)(\epsilon+\mu)} - 1 \right), \frac{v}{\beta} \left( \frac{\epsilon\beta}{(v+\mu)(\epsilon+\mu)} - 1 \right) \right) \quad (8)$$

que é biologicamente viável se  $\frac{\epsilon\beta}{(v+\mu)(\epsilon+\mu)} > 1$ .

## 2.4 Análise de Estabilidade

A análise de estabilidade do sistema (2) é feita através da matriz dos coeficientes, e é dada pela Matriz Jacobiana aplicada nos pontos de equilíbrio (7) e (8). Para que este ponto de equilíbrio seja estável, é preciso que seus autovalores tenham parte real negativa (MURRAY, 1993). Para determinar os autovalores  $x$ , precisa-se resolver a equação característica dada por  $\det[J(P^*) - xI^*] = 0$ , onde  $P(x) = \det[J(P^*) - xI^*]$  é o polinômio característico. Assim:

**Caso 1:** Aplicando o ponto de equilíbrio livre da doença  $P_1^*(s^*, e^*, i^*, r^*) = (1, 0, 0, 0)$  na Matriz Jacobiana obtém-se:

$$P(x) = \det[J(P_1^*) - xI^*] = \det \begin{bmatrix} -\mu - x & 0 & -\beta \\ 0 & -\epsilon - \mu - x & \beta \\ 0 & \epsilon & -v - \mu - x \end{bmatrix}$$

e, portanto, o polinômio característico é dado por:

$$P(x) = (-\mu - x)(-\epsilon - \mu - x)(-v - \mu - x) - \epsilon\beta(-\mu - x) \quad (9)$$

Fazendo  $P(x) = 0$  e resolvendo a equação característica obtém-se  $-\mu - x = 0$  ou  $(-\epsilon - \mu - x)(-v - \mu - x) - \epsilon\beta = 0$ , ou seja,  $x = -\mu$  ou  $x^2 + [(\epsilon + \mu) + (\mu + v)]x + (\epsilon + \mu)(v + \mu) - \epsilon\beta = 0$ .

O primeiro autovalor obtido,  $x = -\mu$ , é sempre negativo. Os outros autovalores são obtidos resolvendo a equação  $x^2 + [(\epsilon + \mu) + (\mu + v)]x + (\epsilon + \mu)(v + \mu) - \epsilon\beta = 0$  e, pelas condições de Routh-Hurwitz (MURRAY, 1993), eles possuirão parte real negativa se o termo independente e o coeficiente do termo de maior grau forem positivos. O termo de maior grau é 1 e, portanto, é positivo. Já, o termo independente  $(\epsilon + \mu)(v + \mu) - \epsilon\beta$  será positivo se:

$$\frac{\epsilon\beta}{(v + \mu)(\epsilon + \mu)} < 1.$$

Assim, existe uma condição para que o ponto de equilíbrio livre da doença seja estável e, portanto, pode-se considerar o número básico de reprodução  $R_0$  como:

$$R_0 = \frac{\epsilon\beta}{(\nu + \mu)(\epsilon + \mu)} \quad (10)$$

Assim, se  $R_0 < 1$ , a mpox tende a desaparecer da população, indicando que a doença foi erradicada. Por outro lado, se  $R_0 > 1$ , o número de indivíduos infectados aumenta continuamente, evidenciando a presença da infecção e a persistência do impacto disruptivo da mpox na população (GIESECKE, 2017).

O ponto de equilíbrio endêmico (8) pode ser reescrito em função do  $R_0$  da seguinte forma:

$$P_2^*(s^*, e^*, i^*, r^*) = \left( \frac{1}{R_0}, \frac{\mu}{\epsilon + \mu} \left(1 - \frac{1}{R_0}\right), \frac{\mu}{\beta} (R_0 - 1), \frac{\nu}{\beta} (R_0 - 1) \right) \quad (11)$$

**Caso 1:** Aplicando o ponto de equilíbrio endêmico (11) na Matriz Jacobiana, obtém-se:

$$P(x) = \det[J(P_1^*) - xI^*] = \det \begin{bmatrix} -\mu R_0 - x & 0 & -\frac{\beta}{R_0} \\ \mu(R_0 - 1) & -\epsilon - \mu - x & \frac{\beta}{R_0} \\ 0 & \epsilon & -\nu - \mu - x \end{bmatrix}$$

e, portanto, o polinômio característico é dado por:

$$P(x) = x^3 + (\mu R_0 + \epsilon + \nu + 2\mu)x^2 + \mu R_0(\epsilon + \nu + 2\mu)x + \mu\epsilon\beta \left(1 - \frac{1}{R_0}\right) \quad (12)$$

Pelas condições de Routh-Hurwitz (MURRAY, 1993), uma equação da forma  $x^3 + a_1x^2 + a_2x + a_3 = 0$  possuirá raízes com parte real negativa se:

$$a_1 > 0, a_3 > 0, a_1a_2 - a_3 > 0.$$

Assim, a equação característica (12) possuirá autovalores com parte real negativa se

$$\mu R_0 + \epsilon + \nu + 2\mu > 0, \quad (13)$$

$$\mu\epsilon\beta \left(1 - \frac{1}{R_0}\right) > 0, \quad (14)$$

$$(\mu R_0 + \epsilon + \nu + 2\mu)(\mu R_0(\epsilon + \nu + 2\mu)) - \mu\epsilon\beta \left(1 - \frac{1}{R_0}\right) > 0. \quad (15)$$

- A desigualdade (13) é satisfeita;
- A desigualdade (14) será satisfeita se  $1 - \frac{1}{R_0} > 0$ , ou seja, se  $R_0 > 1$ ;
- A desigualdade (15) é satisfeita.

Portanto, o ponto de equilíbrio endêmico será estável se  $R_0 > 1$ .

## 2.5 Método Previsor-Corretor de Adams-Bashforth-Moulton (ABM)

Como as equações diferenciais fracionárias não possuem soluções analíticas simples, utilizamos métodos numéricos. O método utilizado nas simulações é o Método Previsor-Corretor de Adams-Bashforth-Moulton (ABM) fracionário, que combina um passo previsor explícito (Adams-Bashforth) e um passo corretor implícito (Adams-Moulton). A solução aproximada é obtida iterativamente, integrando a equação fracionária numericamente (DIETHELM, 2010; FREITAS, 2024; TAVARES et al., 2022). O método foi utilizado seguindo os passos:

- Discretização do Intervalo;

Dividimos o intervalo  $[0, T]$  em  $N$  pontos igualmente espaçados com passo  $h$ , tal que  $t_n = nh$ .

- Passo Previsor (Adams-Bashforth Fracionário);

Usamos um método explícito para prever o valor de  $y_{n+1}$

$$y_{n+1}^{(P)} = y_0 + \frac{h^\alpha}{\Gamma(\alpha + 1)} \sum_{j=0}^n b_j f(t_j, y_j),$$

onde  $b_j$  são os coeficientes da fórmula de Adams-Bashforth fracionária.

- Passo Corretor (Adams-Moulton Fracionário)

O valor de  $y_{n+1}$  é corrigido por um método implícito:

$$y_{n+1} = y_0 + \frac{h^\alpha}{\Gamma(\alpha + 1)} \sum_{j=0}^{n+1} a_j f(t_j, y_j),$$

onde  $a_j$  são os coeficientes da fórmula de Adams-Moulton fracionária.

- Iteração até convergência

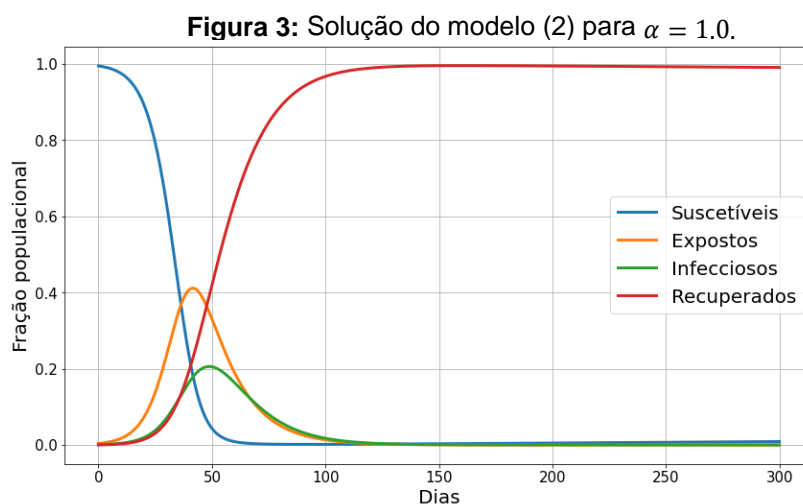
O valor previsto  $y_{n+1}^{(P)}$  é usado para calcular  $y_{n+1}$  no passo corretor. A correção é repetida algumas vezes para maior precisão.

Esse método numérico foi implementado computacionalmente em Python, utilizando um passo de tempo  $h = 0,1$ , para resolver o modelo (2) com base na Definição 1.1.

### 3 RESULTADOS NUMÉRICOS

Para obter os resultados numéricos mostrados nas Figuras 3 e 4, utilizamos as condições iniciais  $S(0) = 0,995$ ,  $E(0) = 0,004$ ,  $I(0) = 0,001$ ,  $R(0) = 0,0$ , além dos seguintes parâmetros: taxa de transmissão  $\beta = 0,86$ , taxa de incubação  $\epsilon = 0,0685$ , taxa de recuperação  $\nu = 0,116$  e taxa de natalidade/mortalidade  $\mu = \frac{1}{70 \times 365}$ . Nessas figuras apresentamos a solução do sistema fracionário (2) com ordem fracionária  $\alpha = 1,0$  versus a ordem fracionária  $\alpha = 0,75$ , onde é possível observar o comportamento do sistema ao variarmos a ordem da derivada.

Na Figura 3, tem-se a solução do modelo fracionário (2) para  $\alpha = 1,0$ . A solução para essa ordem de derivada coincide com a solução do modelo (1). Nesse cenário o sistema atinge o equilíbrio naturalmente, pois não restam suscetíveis suficientes para sustentar novos surtos.

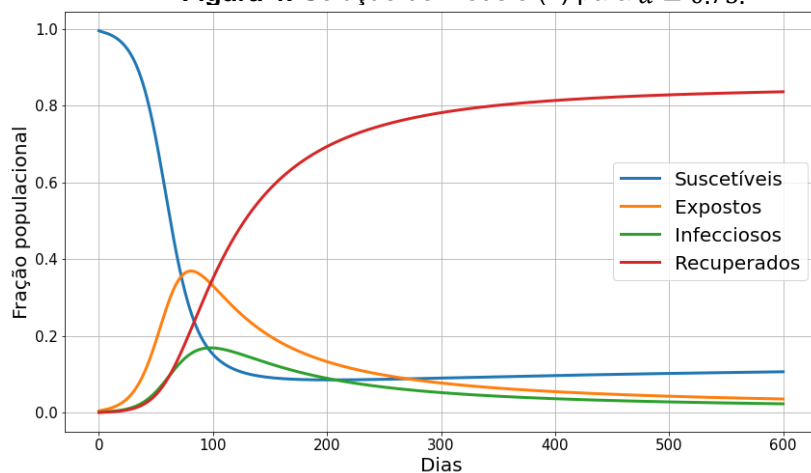


Fonte: Dos autores.

Já a Figura 4 apresenta a solução do modelo (2) para  $\alpha = 0,75$ , onde é possível notar que o comportamento do sistema muda. Uma mudança observável é que o sistema demora mais tempo para atingir um certo equilíbrio.

Isso acontece devido à memória que o sistema carrega, característica predominante em modelos fracionários.

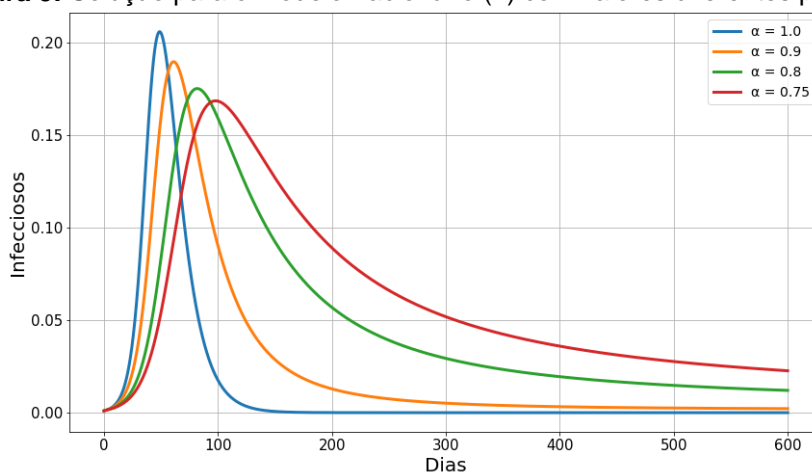
**Figura 4:** Solução do modelo (2) para  $\alpha = 0.75$ .



**Fonte:** Dos autores.

Já a Figura 5 apresenta um cenário da população infecciosa para diferentes ordens  $\alpha$  da derivada fracionária, onde é possível observar que, para  $\alpha = 1$ , o sistema atinge o equilíbrio de forma mais rápida. À medida que diminuimos a ordem da derivada, mais lenta é a convergência do sistema para um certo estado de equilíbrio.

**Figura 5:** Solução para o modelo fracionário (2) com valores diferentes para  $\alpha$ .



**Fonte:** Dos autores.

Para a simulação de casos reais da atual epidemia de mpox na RDC, utilizamos os parâmetros descritos na Tabela 1. Todos os dados reais da

epidemia de mpox na RDC foram coletados diretamente da planilha de casos disponível em (WHO, 2025). Para este estudo de caso, consideramos a população da RDC de  $P = 105789731$  (WHO RDC, 2025). O parâmetro  $\beta$  foi estimado por meio da análise do número de reprodução do vírus,  $R_0$ , obtido a partir do processamento dos dados de casos diários no aplicativo EpiEstim, do *Imperial College London* (CORI, 2021). O valor de  $\beta$  para o sistema (2) é definido em função da expressão (10). Assim  $\beta$  é calculado pela seguinte expressão:

$$\beta = \frac{R_0(\epsilon + \mu)(\nu + \mu)}{\epsilon} \quad (16)$$

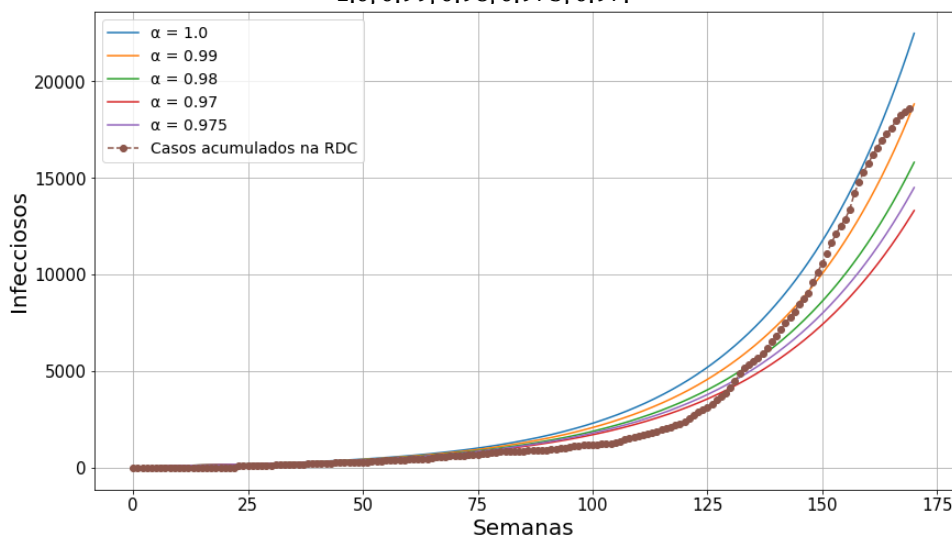
**Tabela 1** – Parâmetros adotados na simulação dos dados da RDC para o modelo (2)

Parâmetros	Descrição	Valor	Fonte
$\beta$	Taxa de Transmissão	0,22368	Calculado
$R_0$	Nº de reprodução do vírus	$\approx 1,928293$	(Core, 2021)
$\epsilon$	Taxa de Incubação	$0,0685[t]^{-1}$	(Mack, 1972)
$\nu$	Taxa de Recuperação	$0,116 [t]^{-1}$	(Mack, 1972)
$\mu$	Taxa de Natalidade/Mortalidade	$0,0 [t]^{-1}$	-
$\alpha$	Ordem Fracionária	1,0, 0,99, 0,980, 0,978, 0,975	Estimado

Fonte: Dos autores.

A Figura 6 apresenta o comportamento da epidemia de mpox na RDC por meio do modelo fracionário (2) em comparação com o modelo de derivada inteira (1).

**Figura 6:** Solução do modelo (2) na disseminação da mpox na RDC usando  $\alpha = 1,0, 0,99, 0,98, 0,975, 0,97$ .



Fonte: Dos autores.

A Tabela 2 mostra os erros numéricos correspondentes a cada valor de  $\alpha$  em relação aos casos acumulados de mpox na RDC, evidenciando que o modelo fracionário com  $\alpha = 0.990$  apresenta melhor ajuste aos dados reais, representando de forma mais precisa a evolução da mpox no país.

**Tabela 2** – Raiz do Erro Quadrático Médio (RMSE) obtidos dos modelos clássico e fracionário, juntamente com a ordem da derivada fracionária correspondente  $\alpha$  na RDC.

Ordem	$\alpha = 1.0$	$\alpha = 0.990$	$\alpha = 0.980$	$\alpha = 0.975$	$\alpha = 0.970$
Erro	1071.22	796.25	1301.29	1607.41	1904.68

Fonte: Dos autores.

Através da Figura 6, é possível observar que, no início da epidemia, as curvas para todas as ordens de  $\alpha$  coincidem. No entanto, com o avanço da epidemia, a curva que melhor representa os casos reais é a de ordem  $\alpha = 0.990$ . Para isso analisamos o comportamento da doença por meio do modelo com derivada de ordem inteira  $\alpha = 1.0$ , no qual é possível observar que, no início da doença, o modelo representa bem os casos reais. No entanto, a partir da centésima semana, a curva de casos simulados difere significativamente dos casos reais. Assim, a partir da análise da Figura 6 e da Tabela 2, podemos notar que o modelo que melhor representa a dinâmica de disseminação da mpox na RDC é o modelo fracionário (2), quando  $\alpha = 0.990$ , evidenciando assim a influência da memória no sistema.

### 3 CONCLUSÃO

Esta pesquisa concentrou-se no estudo da dinâmica da mpox por meio de um modelo SEIR fracionário. Para isso, realizou-se um breve levantamento sobre a doença e o atual cenário epidêmico na República Democrática do Congo. Para validar a análise, os dados utilizados foram obtidos a partir de planilhas de casos divulgadas pela OMS.

Na sequência, foi conduzido um estudo analítico sobre o cálculo fracionário e suas implicações na modelagem epidemiológica, evidenciando o papel fundamental dessa abordagem na análise de modelos matemáticos aplicados a doenças infecciosas, bem como a definição das principais funções

utilizadas na formulação de integrais e derivadas fracionárias e o Teorema Fundamental do Cálculo.

O uso do cálculo fracionário na modelagem epidemiológica da mpox se mostrou uma abordagem promissora para descrever a dinâmica da doença com maior precisão. Diferente dos modelos clássicos já estudados, que assumem taxas de variação constantes e memória curta dos processos epidemiológicos, a modelagem fracionária permitiu capturar efeitos de memória na população da RDC.

Dessa forma, os resultados obtidos reforçam a importância da aplicação de métodos fracionários em estudos epidemiológicos, incentivando futuras pesquisas para aprimorar sua implementação e interpretar com mais precisão os padrões de transmissão de doenças emergentes como a mpox.

Como perspectiva futura desta pesquisa, pretende-se desenvolver um modelo capaz de capturar com maior precisão a dinâmica de transmissão da mpox, incorporando a Teoria de Controle como ferramenta para auxiliar na definição de medidas de mitigação da doença. Além disso, será implementado o estudo de problemas inversos, com o objetivo de estimar parâmetros que melhor representem a realidade, tornando o modelo o mais realista possível.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem a CAPES pelo apoio à pesquisa.

## REFERÊNCIAS

- BARROS, L. C.; LOPES, M. M.; PEDRO, F. S.; ESMI, E.; SANTOS, J. P. C.; SÁNCHEZ, D. E. The memory effect on fractional calculus: an application in the spread of COVID-19. **Computational and Applied Mathematics**, v. 40, n. 72, p. 234–256, 2021. DOI: 10.1007/s40314-021-01456-z.
- CORI, A., FERGUSON, N. M., FRASER, C., CAUCHEMEZ, S.: A new framework and software to estimate time-varying reproduction numbers during epidemics. **American Journal of Epidemiology**, 178(9), 1505–1512, (2013). DOI: <https://doi.org/10.1093/aje/kwt133>.

DIETHELM, K. **The Analysis of Fractional Differential Equations**. 4. ed. New York: Springer, 2010. ISBN 978-3-642-14573-5.

FREITAS, A. K. F. M. **Dinâmica da Pandemia do COVID-19 no Brasil via Modelos Epidemiológicos Fracionários**. 2024. Tese (Doutorado em Matemática) – Universidade de Brasília, Brasília, 2024.

GIESECKE, J. **Modern Infectious Disease Epidemiology**. Florida: CRC Press, 2017.

GLOBO. OMS aprova segunda vacina contra a mpox. 2024. Disponível em: <https://oglobo.globo.com/saude/noticia/2024/11/20/oms-aprova-segunda-vacina-contr-a-mpox.ghtml>. Acesso em: 20 de Outubro de 2025.

LAZO, M. J.; FERREIRA, L. D. N. Método de Monte Carlo aplicado ao cálculo fracionário. **Trends in Computational and Applied Mathematics**, v. 23, n. 2, p. 243–255, 2022. DOI: 10.5540/tcam.2022.023.02.00243.

MACK, T. M. Smallpox in Europe, 1950–1971. **The Journal of Infectious Diseases**, v. 125, n. 2, p. 161–169, 1972.

MAZORCHE, S. R.; MONTEIRO, N. Z. Modelos epidemiológicos fracionários: o que se perde, o que se ganha, o que se transforma? **Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics**, v. 8, n. 1, p. 1–7, 2021. DOI: 10.5540/03.2021.008.01.0448.

MURRAY, J. D. **Mathematical Biology**. (Interdisciplinary Applied Mathematics, v. 17.) Berlin: Springer-Verlag, 1993.

OMS. Multi-country monkeypox outbreak in non-endemic countries. 2022. Disponível em: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2022-DON385>. Acesso em: 20 de Outubro de 2025.

POOSEH, S.; RODRIGUES, S.; TORRES, D. F. M. Fractional derivatives in Dengue epidemics. **CAIP Conference Proceedings**, v. 3, n. 1389, p. 1–5, 2011. DOI: 10.1063/1.3636838.

SANTOS, A. M. O. **Aplicação de um modelo matemático SEIR com quarentena e vacinação para o estudo da MPOX no Brasil. 2023**. Dissertação (Mestrado em Modelagem Matemática) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2023.

TAVARES, C. A.; LAZO, M. J. Dynamic systems with fractional derivatives applied to interagent populations problems. **Trends in Computational and Applied Mathematics**, v. 23, n. 2, p. 99–314, 2022. DOI: 10.5540/tcam.2022.023.02.00299.

WHO. Global Mpox Trends. 2025. Disponível em: [https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx\\_global/#sec-drc](https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx_global/#sec-drc). Acesso em: 20 de Outubro de 2025.

WHO RDC. Health Data Overview for the Democratic Republic of the Congo. 2025. Disponível em: <https://data.who.int/countries/180>. Acesso em: 20 de Outubro de 2025.