

Boletim Digital do 6º Encontro de Biomatemática

REALIZAÇÃO



SIGA O EncBioMat



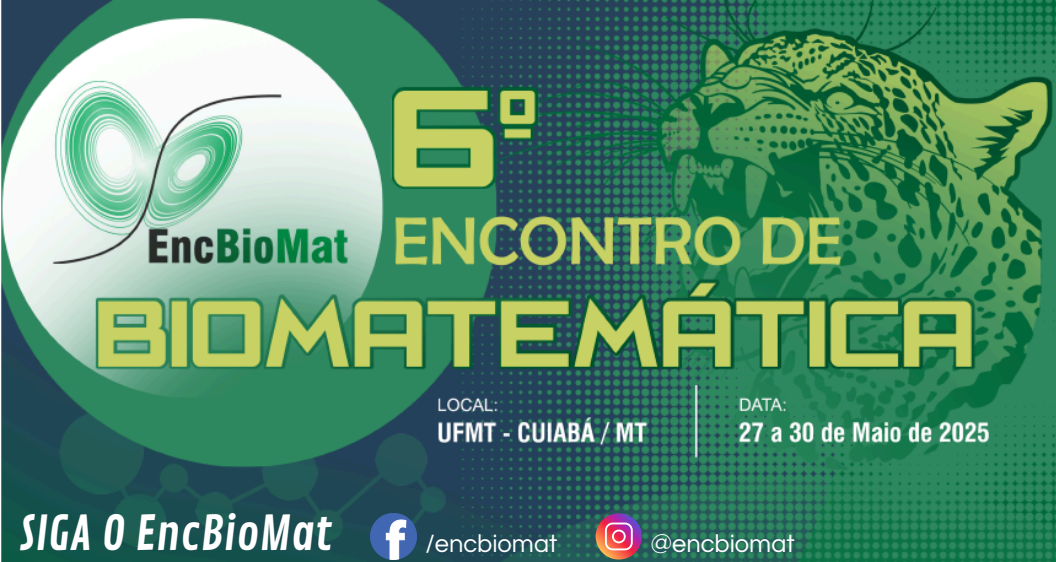
/encbiomat



@encbiomat

APOIO





Sumário

1	Apresentação	7
2	Agradecimentos	9
3	Comissões	11

I Minicurso

4	Minicurso	15
	Quando a Emergência Bate à Porta: A Matemática Aplicada no Combate às Inundações	15

II Palestras

5	Palestras	19
	A Biomatemática e as Mudanças Climáticas: desafios e possibilidades	20
	Dinâmica Populacional do Aedes aegypti sob Liberação de Machos Portadores de Gene Auto-limitante	21
	Modelos de Difusão na Modelagem de Dinâmicas Evolutivas	23

Relações entre variáveis meteorológicas e dinâmica populacional de <i>Aedes aegypti</i> : uma abordagem quantitativa usando modelagem e técnicas de ciência de dados	24
Modelagem da Evapotranspiração em Escala Continental com geeSEBAL-MODIS: Inovações, Validações e Aplicações para a América do Sul	25
Modelagem Matemática e Computacional da Dinâmica Populacional de <i>Aedes Aegypti</i>	26
Modelagem Matemática no Controle Biológico de Pragas em Agrossistemas	27
O Uso de Modelos Matemáticos no Manejo Sustentável da Pesca	28
Avaliando a Viabilidade de Intervenções de Saúde Através de Modelos Baseados em Agente	29

III

Comunicações Orais

6 Comunicações Orais	33
Impacto da quiescência dos ovos na eficácia do controle de <i>Aedes aegypti</i> infectado com <i>Wolbachia</i>	34
Um Estudo da Existência e Estabilidade de Tratamentos Cíclicos na Terapia Adaptativa	36
Explorando Mecanismos da Dinâmica Clonal De Células Tronco Hematopoiéticas	38
Modelagem matemática e numérica da dinâmica da imunossupressão na fase aguda da doença de Chagas	40
Estudo do modelo de Lotka-Volterra com impulsos em tempos variáveis	43
Sistema epidemiológico SIRS com correlações espaciais e parâmetros estocásticos: uma abordagem por autômatos celulares	45
A Hybrid Model for Cell Dynamics in Colorectal Crypts	48
Modelagem Matemática da Dispersão de Poluentes no Rio das Mortes: Uma Abordagem Computacional	50
Um estudo da COVID-19 via derivada fracionária de Caputo-Fabrizio	53
Chain Rule in Fractional Calculus: a specific case and application	56
Saneamento Básico, temperatura e precipitação em um modelo matricial de projeção populacional do <i>Aedes aegypti</i>	59
Aplicação do Método de Homogeneização Assintótica em um problema de dinâmica populacional, com meio microheterogêneo e microperiódico	62

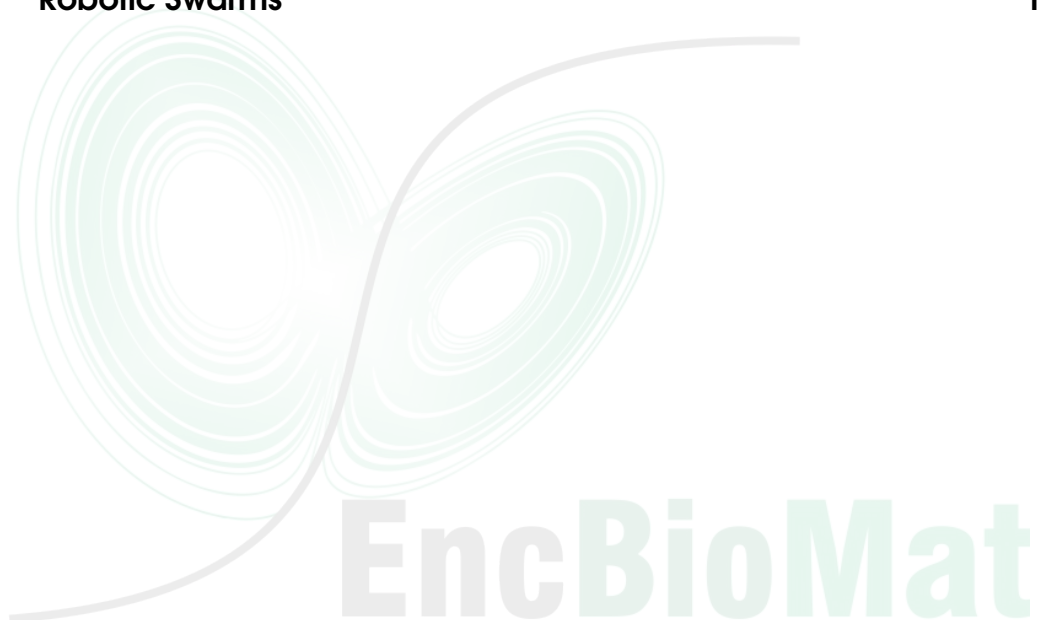
Métodos de Interpolação para Otimização do ContExt no Processamento de Imagens Mamográficas	65
Controlabilidade Local para um Modelo de Dinâmica Tumoral	68
Modelagem de taxa de parasitismo de <i>Drosophila suzukii</i> (Diptera: Drosophilidae) por <i>Trichopria anastrephae</i> (Hymenoptera: Diapriidae) e análise da distribuição de probabilidade	70
Soluções Fuzzy para modelos de crescimento populacional de machos albinos de tilápias do Nilo	73
Modelagem da dinâmica populacional espacial do mosquito <i>Aedes aegypti</i>	76
Estratégias de controle populacional por liberação impulsiva em espécies competidoras	78
Dinâmica do replicador dependente de predadores ou um modelo presa-predador com dois tipos de presas e dependência da frequência	80
Modelagem matemática do parasitismo da mosca-das-frutas <i>Anastrepha fraterculus</i> por <i>Doryctobracon brasiliensis</i>	82

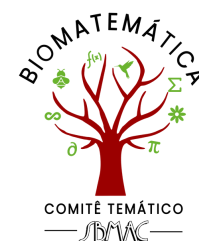
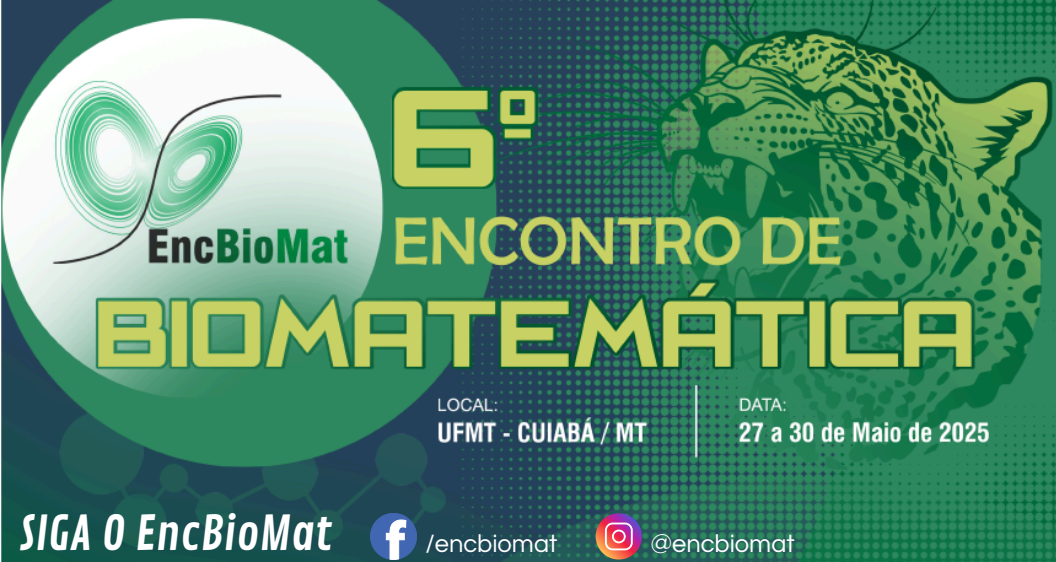
IV

Pôsteres

7 Pôsteres	87
Uma breve análise sobre alguns modelos matemáticos para o estudo da epilepsia	88
Numerical modeling of the population dynamics of the <i>Aedes aegypti</i> mosquito in the northern coastal regions of Peru with the application of insecticide	92
Utilização de Métodos Estatísticos para Estimativa da Idade Gestacional em Éguas da Raça Crioula	94
Matemática Aplicada no Saneamento Básico de Guarantã do Norte, Sinop, Cuiabá e região	97
Modelagem Matemática do <i>Aedes aegypti</i> com a utilização da bactéria Wolbachia no controle de arboviroses	101
Comparação entre as métricas diárias de espermatozoides em Cavalos Crioulos	105
Impacto das Mudanças Climáticas na Disponibilidade Hídrica em Pelotas-RS	109
Regressão não linear quantílica para descrição de dados de crescimento da planta do milho	112
Mudanças no Uso do Solo e seus Efeitos no Curve Number na Bacia Hidrográfica do Rio Piratini: Uma Análise Temporal	115

Modelos de crescimento populacional através de Equações Diferenciais Ordinárias Fuzzy	117
Um estudo sobre internações hospitalares por doenças respiratórias no estado de São Paulo via ajuste de curvas e modelos autorregressivos	120
Ajuste de Curva Epidêmica com Minimização de Quadrados Acoplada ao Pacote <i>ode45</i> do Matlab	123
A Lógica Fuzzy no diagnóstico de arboviroses	126
Análise da Estabilidade Local para Modelos Discretos Lotka-Volterra	129
Modelagem Sazonal para Dinâmica Populacional	132
A Review of Mean-Field Theory Applied to the Modeling of Performance Estimates of Algorithms for the Common Target Problem in Robotic Swarms	135





1. Apresentação

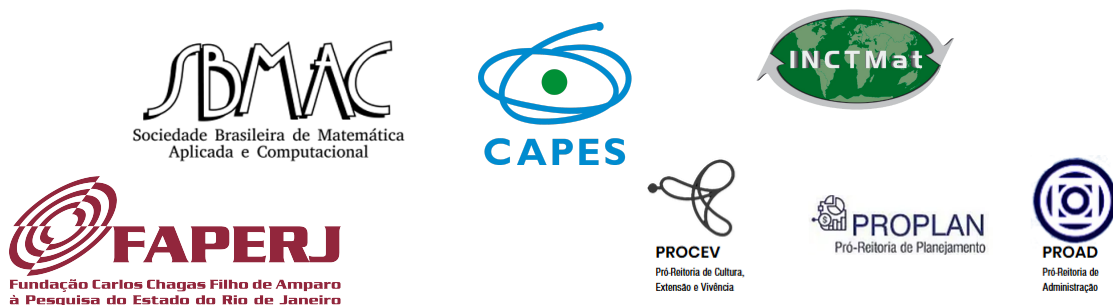
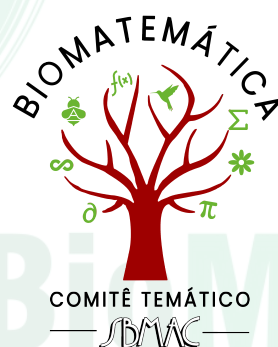
Como concepção deste evento, espera-se que um trabalho ou palestra tenha um fenômeno biológico como motivação para a modelagem matemática. O Encontro de Biomatemática tem por objetivos:

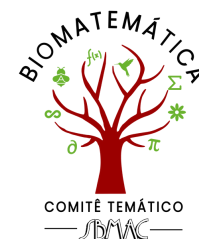
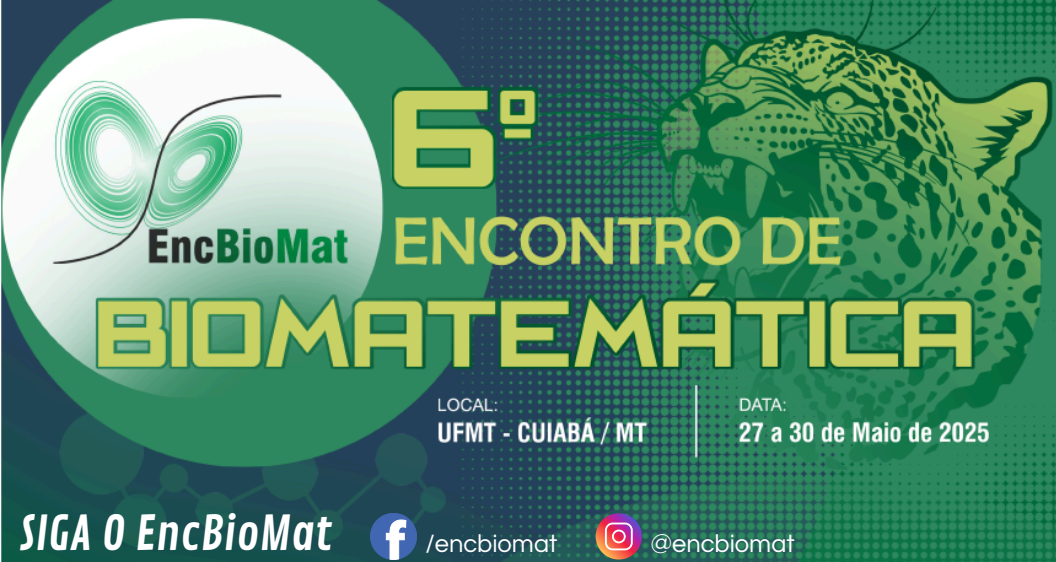
1. Difundir a Biomatemática como campo de estudo, pesquisa e colaboração com áreas correlatas;
2. Integração de pesquisadores, professores, graduandos e pós-graduandos no estudo de problemas em aberto que exijam ações acadêmicas;
3. Fomentar, através de desafios trazidos ao evento por pesquisadores de áreas correlatas, a pesquisa com aplicações efetivas;
4. Divulgar os trabalhos feitos nos grupos de Biomatemática a que pertencem os participantes, fomentando demandas reais;
5. Formação e atualização dos participantes por meio de diversas atividades.

Além disso, além de estímulos coletivos, busca-se, também, a motivação pessoal de pesquisadores, professores, profissionais, pós-graduandos e graduandos e usuários do instrumental biomatemático no estudo, na busca de soluções, na avaliação de políticas públicas e fomentar uma estreita cooperação com a Matemática, Matemática Aplicada e a Biologia. Finalmente, um objetivo significativo: o de manter a realização do EncBioMat no cenário de pesquisa, trabalho, colaboração e realizações em Biomatemática.

Este ano o evento ocorre na UFMT, na cidade de Cuiabá-MT, e conta com 9 seções de palestras plenárias; um minicurso com o título Quando a Emergência Bate à Porta: A Matemática Aplicada no Combate às Inundações, 19 comunicações orais e 17 apresentações na categoria de pôsteres.

A Comissão Organizadora agradece a todas e todos que participaram do evento, que está em sua sexta edição, e esperamos que nosso Encontro de Biomatemática contribua ainda mais para o fortalecimento desta área de pesquisa.

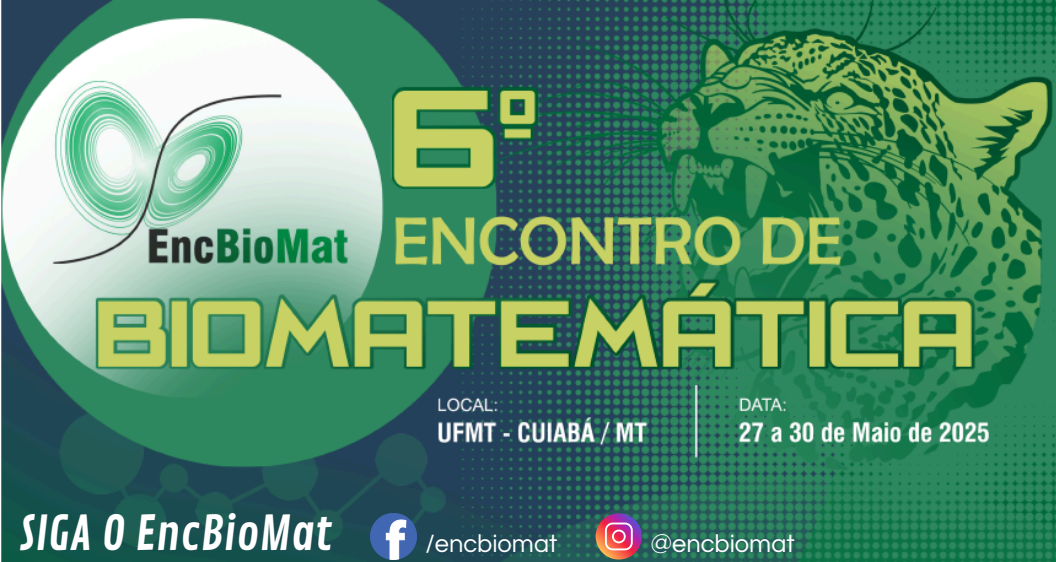
Apoio:**Realização:**



2. Agradecimentos

À Universidade Federal do Mato Grosso; à Pró-Reitoria de Administração da UFMT; à Pró-Reitoria de Planejamento da UFMT; à Pró-Reitoria de Cultura, Extensão e Vivência da UFMT; à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, CAPES; ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Matemática, INCTMat; à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro, FAPERJ; à Sociedade Brasileira de Matemática Aplicada e Computacional (SBMAC); ao Comitê Temático de Biomatemática da SBMAC, pelo apoio ao evento.

E a todas e todos que participaram do 6º Encontro de Biomatemática - 6º EncBioMat, por prestigiarem o evento.



3. Comissões

Comissão Organizadora

Prof. Dr. Andre Krindges (coordenador) – UFMT/MT
Prof. Dra Claudia Mazza Dias – UFRRJ
Prof. Dr. Dayse Haime Pastore – CEFET/RJ
Prof. Dra. Divane Marcon – UFFS
Prof. Dr. Evandro Estevão Marquesone – UTFPR
Prof. Dr. Felipe Bacani – UFOP
Prof. Dr. João Frederico da Costa Azevedo Meyer – IMECC-UNICAMP
Prof. Dra. Lucy Tiemi Takahashi – UFJF
Prof. Dra. Neyva Maria Lopes Romeiro – UEL
Prof. Dra. Roberta Regina Delboni – FT-UNICAMP
Prof. Dr. Roberto Carlos Antunes Thomé – CEFET/RJ
Ma. Gabriela Scavazini da Silva de Oliveira – UNICAMP/SP
Ma. Rafaella Silva Ferreira – IBILCE-UNESP

Comissão Local

Prof. Dr. Andre Krindges (coordenador) – UFMT
Prof. Dra. Anna Lígia Oenning Soares – UFMT
Prof. Dr. Geraldo Lúcio Diniz – UFMT
Prof. Dr. Moiseis dos Santos Ceconello – UFMT
Prof. Dr. Reinaldo de Marchi – UFMT

Comitê Científico

Profa. Dra. Ana Paula Pintado Wyse – UFPB

Profa. Dra. Diomar Cristina Mistro – UFSM

Prof. Dr. Geraldo Lúcio Diniz – UFMT

Dra. Graciele Paraguaia Silveira – UFSCar

Prof. Dr. Grigori Chapiro – UFJF

Prof. Dr. Gustavo Benitez Alvarez – UFF

Profa. Dra. Neyva Maria Lopes Romeiro – UEL

Profa. Dra. Silvia Dias de Souza – UFAM

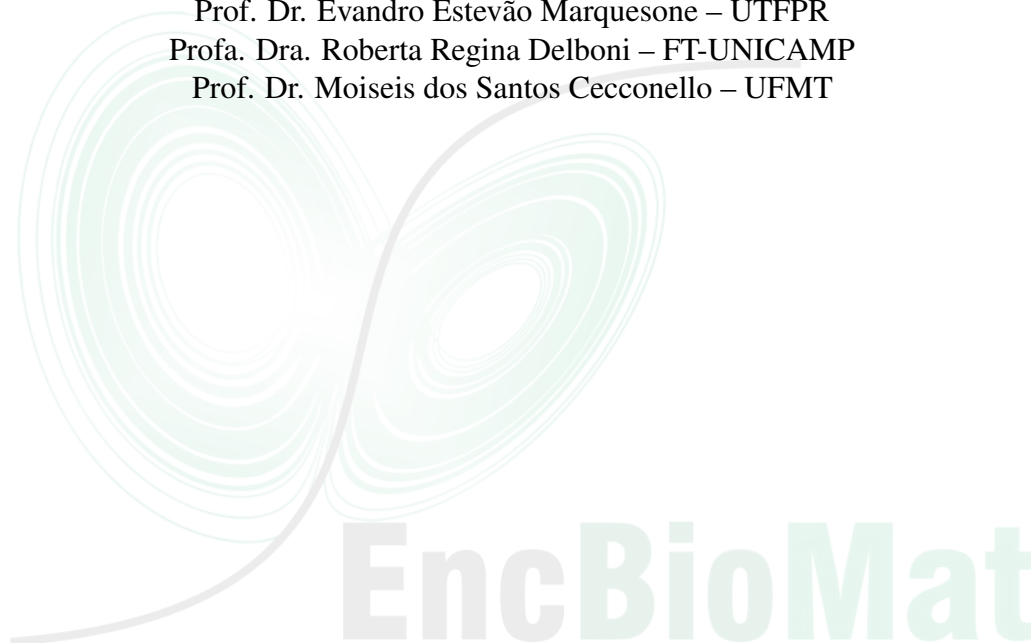
Comissão Editorial

Profa. Dra. Claudia Mazza Dias – UFRRJ

Prof. Dr. Evandro Estevão Marquesone – UTFPR

Profa. Dra. Roberta Regina Delboni – FT-UNICAMP

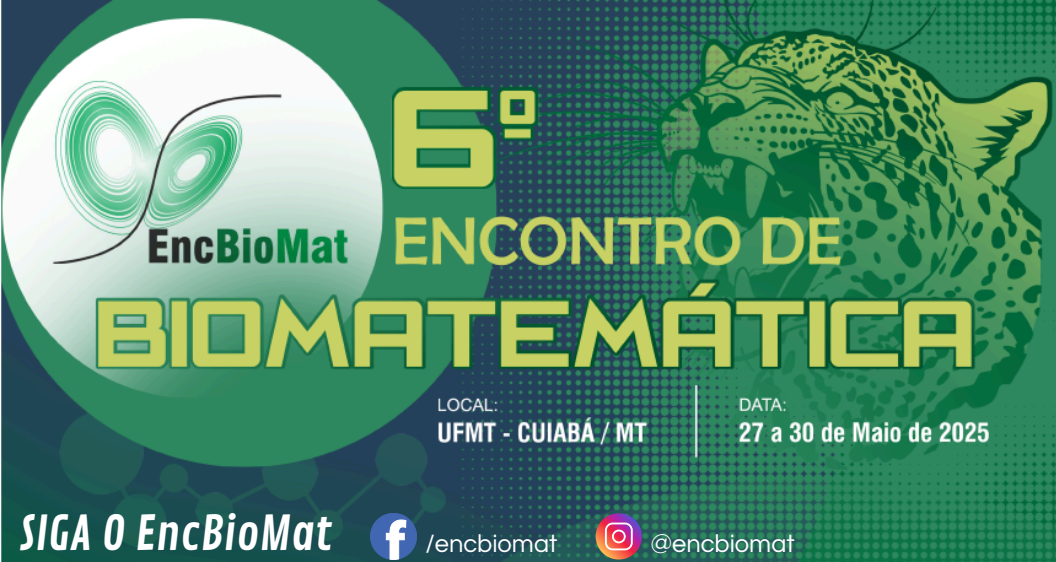
Prof. Dr. Moiseis dos Santos Cecconello – UFMT





Minicurso

4	Minicurso	15
	Quando a Emergência Bate à Porta: A Matemática Aplicada no Combate às Inundações	



4. Minicurso

Quando a Emergência Bate à Porta: A Matemática Aplicada no Combate às Inundações

Daniela Buske¹ Régis Sperotto de Quadros², Diuliana Leandro³

^{1,2,3} Instituto de Física e Matemática. Departamento de Matemática e Estatística. Universidade Federal de Pelotas. , RS, Brasil

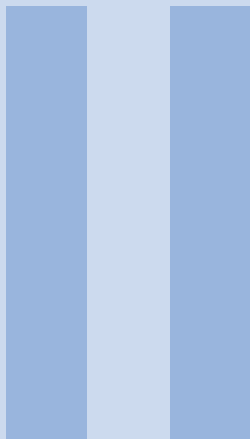
Resumo

As inundações de maio de 2024 no Rio Grande do Sul colocaram à prova a capacidade de resposta de diversas instituições. Neste minicurso, discutiremos como a ciência especialmente a matemática aplicada se mostrou essencial em um momento crítico. Vamos apresentar modelos matemáticos e geoespaciais que ajudaram a prever a elevação das águas e orientar decisões estratégicas em tempo real. Com destaque para a atuação da equipe da UFPel, o encontro mostra como a modelagem do nível do terreno e a análise de dados se tornaram ferramentas-chave para proteger vidas e minimizar impactos. Um convite a refletir sobre o papel vital da ciência em cenários de emergência.

¹daniela.buske@ufpel.edu.br


²regis.quadros@ufpel.edu.br

³diuliana.leandro@ufpel.edu.br



Palestras

5	Palestras	19
	A Biomatemática e as Mudanças Climáticas: desafios e possibilidades	
	Dinâmica Populacional do <i>Aedes aegypti</i> sob Liberação de Machos Portadores de Gene Auto-limitante	
	Modelos de Difusão na Modelagem de Dinâmicas Evolutivas	
	Relações entre variáveis meteorológicas e dinâmica populacional de <i>Aedes aegypti</i> : uma abordagem quantitativa usando modelagem e técnicas de ciência de dados	
	Modelagem da Evapotranspiração em Escala Continental com geeSEBAL-MODIS: Inovações, Validações e Aplicações para a América do Sul	
	Modelagem Matemática e Computacional da Dinâmica Populacional de <i>Aedes Aegypti</i>	
	Modelagem Matemática no Controle Biológico de Pragas em Agrossistemas	
	O Uso de Modelos Matemáticos no Manejo Sustentável da Pesca	
	Avaliando a Viabilidade de Intervenções de Saúde Através de Modelos Baseados em Agente	






6º ENCONTRO DE BIOMATEMÁTICA

LOCAL:
UFMT - CUIABÁ / MT

DATA:
27 a 30 de Maio de 2025

SIGA O EncBioMat

 /encbiomat  @encbiomat



5. Palestras

A Biomatemática e as Mudanças Climáticas: desafios e possibilidades

Graciele P. Silveira ¹

¹ Departamento de Física, Química e Matemática, Universidade Federal de São Carlos - Campus Sorocaba, São Paulo, Brasil.

Resumo

Um planeta cada vez mais quente, eventos extremos como estiagens severas, redução dos recursos hídricos, ciclones, tempestades e enchentes são apenas alguns exemplos do que está atualmente acontecendo com a Terra, muito em razão da ação humana que, desde o século XVIII, intensificou o uso de combustíveis fósseis, o desmatamento e a poluição do ambiente. Biomatemática, métodos numéricos e ferramentas computacionais podem contribuir com estudos e pesquisas frente aos desafios relacionados às emergências climáticas, sob diferentes aspectos, tais como a elevação dos níveis dos oceanos e das temperaturas, aumento das queimadas, migração de espécies, refugiados climáticos e surgimento e/ou agravamento de doenças. Nesta palestra, os objetivos são apresentar alguns modelos matemáticos voltados para estas questões, expor simulações de cenários e discutir formas de prevenção e enfrentamento das consequências atreladas às mudanças do clima.

EncBioMat

¹graciele@ufscar.br

Dinâmica Populacional do *Aedes aegypti* sob Liberação de Machos Portadores de Gene Auto-limitante

Roberta Regina Delboni ¹

¹ Faculdade de Tecnologia, Universidade Estadual de Campinas, Limeira, São Paulo, Brasil.

Resumo

O *Aedes aegypti* é o vetor de importantes arboviroses como dengue, Zika, Chikungunya e febre amarela, sendo um dos principais desafios em saúde pública no Brasil e em diversos países tropicais. Apesar de avanços na vacinação contra a dengue no Brasil, como a liberação da vacina Qdenga para públicos prioritários [1] e o desenvolvimento da Butantan-DV [4], o controle vetorial continua sendo a estratégia central para conter surtos. Dentre as tecnologias emergentes, destaca-se a liberação de machos geneticamente modificados portadores de gene auto-limitante, como o OX513A e o OX5034, que impedem a sobrevivência de toda a prole ou limitam-na aos mosquitos machos [2, 3, 5].

Este trabalho propõe um modelo matemático para simular a dinâmica populacional do *A. aegypti* sob liberação de mosquitos machos portadores de gene auto-limitante, com interação entre mosquitos naturais e modificados, e dividindo-se a população fase aquática, fêmeas e machos adultos. A modelagem busca avaliar a eficácia da técnica sob diferentes cenários, identificando formas de intervenção e apontando limitações do método.

Os resultados simulados oferecem subsídios para estratégias de manejo adaptativo, reforçando a importância de abordagens integradas e preditivas no enfrentamento das arboviroses. Esta abordagem alinha-se ao Objetivo de Desenvolvimento Sustentável 3 (Saúde e Bem-Estar), que visa reduzir epidemias de doenças transmissíveis e fortalecer a capacidade de resposta a riscos sanitários.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio do Programa de Incentivo a novos docentes da UNICAMP - PIND.

Referências

- [1] Brasil. Ministério da Saúde. Entenda os critérios para a distribuição das primeiras doses da vacina contra a dengue, Online. Acessado em 11/04/2025, <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/noticias/2024/janeiro/entenda-os-criterios-para-a-distribuicao-das-primeiras-doses-da-vacina-contr-a-dengue>.
- [2] Carvalho, D. O. *et al.*, Suppression of a Field Population of *Aedes aegypti* in Brazil by Sustained Release of Transgenic Male Mosquitoes. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, v. 9, n.7, p. e0003864, 2015. ISBN 1935-2727.
- [3] Gorman, K., Young, J., Pineda, L. *et al.*, Short-term suppression of *Aedes aegypti* using genetic control does not facilitate *Aedes albopictus*. *Pest Management Science*, v. 72, n. 3, p. 618-628, 2016.

¹rdelboni@unicamp.br

- [4] Nogueira, M. L. *et al.*, Efficacy and safety of Butantan-DV in participants aged 259 years through an extended follow-up: results from a double-blind, randomised, placebo-controlled, phase 3, multicentre trial in Brazil. *The Lancet Infectious Diseases*, v. 24, n. 11, 1234-1244, 2024.
- [5] Severo, R. C. Modelo matemático para avaliar o controle do *Aedes aegypti*, Dissertação de Mestrado, Unicamp, 2024.



Modelos de Difusão na Modelagem de Dinâmicas Evolutivas

Raul Abreu de Assis¹

¹ Departamento de Matemática, Universidade do Estado de Mato Grosso, Sinop, Mato Grosso, Brasil.

Resumo

Modelos de difusão são uma das ferramentas fundamentais de modelagem utilizadas modelagem de fenômenos ecológicos relacionados com a dispersão de indivíduos, espalhamento de poluentes e até mesmo formação de padrões de pelagem. De forma menos conhecida e ampla, tais modelos também podem ser aplicados para modelar a evolução de populações em espaços de aspecto/paisagens adaptativas. Tais espaços podem representar sequências de códigos genéticos, características fenotípicas ou mesmo uma decomposição matemática derivadas desses fatores. Serão apresentadas as ideias contidas na formulação de um modelo geral de dinâmica evolutiva bem como um ou mais exemplos biológicos concretos no qual esse tipo de modelo foi aplicado.

¹raul.assis@unemat.br

Relações entre variáveis meteorológicas e dinâmica populacional de *Aedes aegypti*: uma abordagem quantitativa usando modelagem e técnicas de ciência de dados

José Luiz Acebal Fernandes ¹

¹ Departamento de Pesquisa e Pós Graduação, Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil.

Resumo

O mosquito *Aedes aegypti*, vetor de arboviroses como dengue, zika, chikungunya e febre amarela, apresenta dinâmica populacional marcadamente influenciada por fatores meteorológicos. É, portanto, de grande interesse para o controle de vetores determinar quais variáveis meteorológicas, temperatura, umidade e precipitação formam um bom conjunto de preditores para a população de fêmeas. Embora a dependência das taxas de desenvolvimento (ovo-larva-pupa-adulto) em relação à temperatura seja bem estabelecida na literatura, as relações quantitativas entre precipitação e população de fêmeas adultas - principal indicador de risco epidemiológico - permanecem pouco compreendidas. Este estudo propõe uma abordagem combinando: (1) análise de dependência entre séries temporais usando técnicas de Ciência de Dados (correlação cruzada e filtragem de autocorrelações com modelos autorregressivos, informação mútua e causalidade Grange); (2) modelagem populacional com taxas de desenvolvimento dependentes de temperatura e precipitação; e (3) calibração de modelo via Algoritmo Genético Real Polarizado (RPGA), usando dados de captura de fêmeas em múltiplas cidades brasileiras. Os resultados demonstram que a precipitação apresenta influência comparável à temperatura na predição da dinâmica populacional, com modelos calibrados apresentando robustez quando validados em diferentes cidades. Além de estabelecer relações quantitativas inéditas entre taxas de desenvolvimento da metamorfose com a precipitação, este trabalho fornece um arcabouço metodológico aplicável a outros sistemas vetor-doença-ambiente.

¹jlacebal@gmail.com

Modelagem da Evapotranspiração em Escala Continental com geeSEBAL-MODIS: Inovações, Validações e Aplicações para a América do Sul

Marcelo Biudes ¹

¹ Instituto de Física, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil.

Resumo

A evapotranspiração (ET) é um dos principais processos do ciclo hidrológico e climático, sendo essencial para o monitoramento da disponibilidade hídrica e da resposta dos ecossistemas às mudanças ambientais. Nesta palestra, apresentamos o modelo geeSEBAL-MODIS, uma inovação baseada no algoritmo SEBAL (Surface Energy Balance Algorithm for Land), operacionalizado na plataforma Google Earth Engine, com aplicação em toda a América do Sul. O modelo incorpora novas técnicas de normalização da temperatura da superfície terrestre e seleção automatizada de endmembers, permitindo a geração de séries temporais de ET com alta resolução espacial (500 m) e temporal (8 dias) entre 2002 e 2021.

Serão discutidas as etapas de desenvolvimento do modelo, sua validação frente a dados observacionais de 27 torres micrometeorológicas e 29 bacias hidrográficas, e a comparação com oito produtos globais de ET. Também serão exploradas aplicações práticas, como a quantificação do impacto do desmatamento e da agricultura irrigada sobre o ciclo hidrológico e a estimativa da evaporação líquida de grandes reservatórios. A apresentação destaca como ferramentas matemáticas e computacionais de larga escala podem apoiar a modelagem ecológica, a gestão de recursos hídricos e a formulação de políticas públicas frente às mudanças climáticas.

EncBioMat

¹marcelo@fisica.ufmt.br

Modelagem Matemática e Computacional da Dinâmica Populacional de *Aedes Aegypti*

Grigori Chapiro ¹

¹ Departamento de Matemática, Instituto de Ciências Exatas, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil.

Resumo

O mosquito *Aedes aegypti* é o principal vetor transmissor de várias doenças como dengue, zika, chikungunya e febre amarela. Seu controle requer um melhor entendimento da dinâmica populacional espacial do mosquito, incluindo seu ciclo de vida. A maioria dos modelos descrevem a dinâmica da população total dos mosquitos. Esta abordagem não permite tratar aspectos espaciais do *Aedes aegypti* importantes do ponto de vista da saúde pública. Nesta palestra vou mostrar como modelar a dinâmica populacional espacial deste mosquito usando equações diferenciais parciais. Os modelos desenvolvidos foram aplicados em dois estudos comparando os casos homogêneo (os valores dos parâmetros não dependem da topografia) e heterogêneo (alguns valores dos parâmetros mudam com a topografia, i.e., diferenciam ruas, casas, parques, etc.). O primeiro estudo [1] focou na utilização de inseticidas. A partir do modelo foram obtidas fórmulas relacionando o coeficiente de capacidade de suporte da fase aquática às quantidades mensuráveis experimentalmente, como o número máximo de mosquitos fêmeas, ovos e larvas. Simulações computacionais apontam que a frequência semanal de aplicação de inseticida resulta no maior controle do vetor. Além disso, resultados do cenário heterogêneo, mostram que a população de mosquitos permanece dentro dos blocos de casas, limitando a aplicabilidade de inseticidas. O segundo estudo [2] focou na utilização de mosquitos geneticamente modificados. A partir do modelo é possível determinar analiticamente os valores críticos da periodicidade de liberação e da quantidade de mosquitos geneticamente modificados para o controle populacional. As estimativas analíticas foram validadas através de simulações computacionais e a frequência de aplicação ótima obtida é próxima da reportada na literatura.

¹grigori@ice.ufjf.br

Modelagem Matemática no Controle Biológico de Pragas em Agrossistemas

Alexandre Molter ¹

¹ Instituto de Física e Matemática, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil.

Resumo

A modelagem matemática, quando aplicada ao controle biológico de pragas, representa um desafio considerável, uma vez que requer a colaboração interdisciplinar entre pesquisadores de distintas áreas do conhecimento. O presente estudo propõe o desenvolvimento de modelos matemáticos voltados para a análise da dinâmica dos sistemas hospedeiro-parasitoide, com o objetivo de promover um controle biológico sustentável de pragas em agrossistemas. São apresentados estudos sobre as interações entre a broca da cana-de-açúcar *Diatraea saccharalis* e seus parasitoides *Trichogramma galloi* e *Cotesia flavipes*; a mosca-das-frutas *Anastrepha fraterculus* e seus parasitoides *Doryctobracon brasiliensis* e *Doryctobracon areolatus*; e o percevejo bronzeado *Thaumastocoris peregrinus* (prega do eucalipto) e seu parasitoide de ovos *Cleruchoides noackae*, com enfoque nos aspectos biológicos e comportamentais dessas populações. A partir das informações biológicas dos insetos, são desenvolvidos modelos matemáticos específicos. A eficácia desses modelos é avaliada por meio de simulações computacionais e validações laboratoriais, o que contribui para o aprimoramento da criação de parasitoides em larga escala e para a proposição de estratégias eficazes de controle biológico sustentável. As validações e a análise dos resultados são realizadas em colaboração com entomólogos da EMBRAPA.

EncBioMat

¹alexandre.molter@ufpel.edu.br

O Uso de Modelos Matemáticos no Manejo Sustentável da Pesca

Lúcia Aparecida de Fátima Mateus ¹

¹ Departamento de Botânica e Ecologia, Instituto de Biociências, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil.

Resumo

A pesca é uma atividade essencial para milhões de pessoas ao redor do mundo, mas enfrenta sérios desafios diante da crescente pressão sobre os recursos pesqueiros. Na palestra, discutiremos o papel dos modelos matemáticos como ferramentas-chave na avaliação e manejo de estoques pesqueiros, com foco na promoção da sustentabilidade. Modelos matemáticos permitem simular o comportamento das populações de peixes ao longo do tempo, considerando fatores como crescimento, reprodução, mortalidade e esforço de pesca. A partir desses modelos, é possível estimar o tamanho dos estoques, identificar sinais de sobrepesca e prever os efeitos de diferentes estratégias de manejo, como cotas de captura, defesos ou áreas de proteção. Além de fornecer informações técnicas, esses modelos auxiliam na tomada de decisões fundamentadas em evidências científicas, contribuindo para políticas de pesca mais eficazes e equilibradas. Sua capacidade de incorporar incertezas e variabilidades ecológicas também os torna essenciais para abordagens precaucionárias, que buscam evitar o colapso dos estoques mesmo diante de dados limitados. Durante a apresentação, serão abordados exemplos de modelos com diferentes níveis de complexidade, suas aplicações práticas e os benefícios que trazem para a conservação dos ecossistemas e a segurança alimentar das comunidades dependentes da pesca. Em um cenário de mudanças climáticas e demanda crescente por recursos naturais, entender e aplicar esses modelos é um passo fundamental para garantir a sustentabilidade da pesca e a resiliência das populações pesqueiras no longo prazo.

¹lucia.mateus@ufmt.br

Avaliando a Viabilidade de Intervenções de Saúde Através de Modelos Baseados em Agente

Thomas Nogueira Vilches ¹

¹ Departamento de Biodiversidade e Bioestatística, Instituto de Biociências de Botucatu, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil.

Resumo

Apresentamos um modelo baseado em agentes para o espalhamento da COVID-19 no Estado de São Paulo. O modelo considera indivíduos suscetíveis, latentes, infecciosos assintomáticos, sintomáticos (leves e severos) e hospitalizados (enfermaria e UTI). Introduzimos a vacinação de indivíduos seguindo a sequência de prioridade estabelecida pelo Ministério da Saúde e, através de simulações computacionais, estimamos o impacto da vacinação nas consequências da epidemia (casos, hospitalizações e mortes). As vacinas simuladas seguem os parâmetros de eficácia reportados para as vacinas disponíveis no Brasil, sendo a CoronaVac, desenvolvida em parceria entre o Butantan e a farmacêutica Sinovac Biotech, a ChadOx1 nCoV-19, desenvolvida pela AstraZeneca em parceria com a universidade de Oxford e produzida pela Fiocruz, e a Pfizer BioNTech. Assim, os resultados são utilizados para calcular os anos de vida perdidos pela população devido a uma onda epidêmica, e qual o ganho esperado pela campanha de vacinação executada. Um cenário de vacinação rápida é apresentado, mostrando que a eficiência de uma campanha está associada não só à eficácia da vacina utilizada, mas também a velocidade e cobertura da campanha de vacinação.


EncBioMat

¹thomas.vilches@unesp.br

Comunicações Orais

6 Comunicações Orais 33

- Impacto da quiescência dos ovos na eficácia do controle de *Aedes aegypti* infectado com *Wolbachia*
- Um Estudo da Existência e Estabilidade de Tratamentos Cíclicos na Terapia Adaptativa
- Explorando Mecanismos da Dinâmica Clonal De Células Tronco Hematopoiéticas
- Modelagem matemática e numérica da dinâmica da imunossupressão na fase aguda da doença de Chagas
- Estudo do modelo de Lotka-Volterra com impulsos em tempos variáveis
- Sistema epidemiológico SIRS com correlações espaciais e parâmetros estocásticos: uma abordagem por autômatos celulares
- A Hybrid Model for Cell Dynamics in Colorectal Crypts
- Modelagem Matemática da Dispersão de Poluentes no Rio das Mortes: Uma Abordagem Computacional
- Um estudo da COVID-19 via derivada fracionária de Caputo-Fabrizio
- Chain Rule in Fractional Calculus: a specific case and application
- Saneamento Básico, temperatura e precipitação em um modelo matricial de projeção populacional do *Aedes aegypti*
- Aplicação do Método de Homogeneização Assintótica em um problema de dinâmica populacional, com meio microheterogêneo e microperiódico
- Métodos de Interpolação para Otimização do ContExt no Processamento de Imagens Mamográficas
- Controlabilidade Local para um Modelo de Dinâmica Tumoral
- Modelagem de taxa de parasitismo de *Drosophila suzukii* (Diptera: Drosophilidae) por *Trichopria anastrephae* (Hymenoptera: Diapriidae) e análise da distribuição de probabilidade
- Soluções Fuzzy para modelos de crescimento populacional de machos albinos de tilápias do Nilo
- Modelagem da dinâmica populacional espacial do mosquito *Aedes aegypti*
- Estratégias de controle populacional por liberação impulsiva em espécies competidoras
- Dinâmica do replicador dependente de predadores ou um modelo presa-predador com dois tipos de presas e dependência da frequência
- Modelagem matemática do parasitismo da mosca-das-frutas *Anastrepha fraterculus* por *Doryctobracon brasiliensis*






6º ENCONTRO DE BIOMATEMÁTICA

LOCAL:
UFMT - CUIABÁ / MT

DATA:
27 a 30 de Maio de 2025

SIGA O EncBioMat

 /encbiomat  @encbiomat




6. Comunicações Orais

Impacto da quiescência dos ovos na eficácia do controle de *Aedes aegypti* infectado com *Wolbachia*

Luís Eduardo dos Santos Lopes¹, Cláudia Pio Ferreira², Sergio Muniz Oliva Filho³

^{1,3}Instituto de Matemática e Estatística, Universidade de São Paulo, São Paulo-SP, Brasil

²Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Botucatu-SP, Brasil

Resumo

A abordagem que utiliza a liberação de mosquitos *Aedes aegypti* infectados com a bactéria *Wolbachia* tem se destacado como uma estratégia inovadora para o controle de arboviroses, fundamentada na manipulação populacional do vetor. O principal objetivo desse método de controle biológico é promover a substituição ou a redução da população de mosquitos não infectados por aqueles portadores da bactéria, uma vez que a presença de *Wolbachia* nos hospedeiros inibe a replicação viral, interrompendo, assim, a transmissão de patógenos. Esse processo é mediado pela incompatibilidade citoplasmática, um fenômeno reprodutivo no qual o cruzamento entre machos infectados e fêmeas não infectadas resulta em descendentes inviáveis. Por outro lado, o cruzamento entre indivíduos infectados resulta em prole viável, conferindo uma vantagem adaptativa aos mosquitos infectados e promovendo a disseminação da bactéria na população.

Embora estudos conduzidos em diversas regiões do mundo indiquem resultados promissores após liberações em larga escala de mosquitos infectados, a eficácia dessa técnica em áreas endêmicas ainda necessita de comprovação robusta [2, 3]. Diversos fatores podem impactar a efetividade, com destaque para a quiescência, um estado de dormência característico dos ovos de *Aedes aegypti*. Em condições ambientais desfavoráveis, o desenvolvimento dos ovos é temporariamente suspenso até que o ambiente se torne adequado para a sobrevivência das larvas e a conclusão do ciclo de vida [3]. No entanto, a infecção por *Wolbachia* pode reduzir a viabilidade dos ovos em quiescência, sendo comum que os adultos emergentes apresentem baixa fertilidade [1].

Diante dessa limitação, propomos um modelo de equações diferenciais ordinárias para avaliar o impacto da quiescência na eficácia da liberação de mosquitos infectados com *Wolbachia*. Esse modelo descreve até quatro possíveis pontos de equilíbrio: (i) persistência da população selvagem e extinção da infectada; (ii) persistência da população infectada e extinção

¹luislopes@ime.usp.br

²claudia.pio@unesp.br

³soliva@usp.br

da selvagem; (iii) extinção de ambas as populações; e (iv) coexistência das duas populações. A estabilidade desses pontos de equilíbrio depende de quatro limiares, sendo dois relacionados à aptidão das populações em isolamento e dois referentes à competição entre as duas populações.

As análises do diagrama de bifurcação, do retrato de fase e do espaço de parâmetros indicam que a razão sexual desempenha um papel crucial, podendo ser modulada pela *Wolbachia*. Além disso, a análise de sensibilidade revela que a população não infectada tende a maximizar a própria aptidão em resposta às variações ambientais, ajustando a taxa de quiescência. Considerando que ovos infectados por *Wolbachia* têm menor sobrevivência após períodos de dormência e que os adultos emergentes podem apresentar infertilidade, eventos ambientais que induzam a quiescência podem elevar o risco de transmissão de arbovírus. Esses aspectos podem comprometer a eficácia da estratégia de liberação de mosquitos infectados em regiões onde a quiescência é altamente prevalente.

Agradecimentos

Os autores agradecem o apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) Brasil, Código de Financiamento 001, e do programa STIC-AMSUD 88881.878875/2023-01.

Referências

- [1] Lau, M., Ross, P. A. and Hoffmann, A. A. Infertility and fecundity loss of *Wolbachia*-infected *Aedes aegypti* hatched from quiescent eggs is expected to alter invasion dynamics. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, v. 15, n. 2, p. e0009179, 2021. DOI: 10.1371/journal.pntd.0009179.
- [2] Lopes, L. E. S., Ferreira, C. P. and Oliva, S. M. Exploring the impact of temperature on the efficacy of replacing a wild *Aedes aegypti* population by a *Wolbachia*-carrying one. *Applied Mathematical Modelling*, v. 123, p. 392–405, 2023. DOI: 10.1016/j.apm.2023.07.007.
- [3] Oliva, L. O., La Corte, R., Santana, M. O. and Albuquerque, C. M. R. Quiescence in *Aedes aegypti*: Interpopulation differences contribute to population dynamics and vectorial capacity. *Insects*, v. 9, n. 3, p. 111, 2018. DOI: 10.3390/insects9030111.
- [4] Santos, G. R., Durovni, B., Saraceni, V., Riback, T. I., Pinto, S., Anders, K. L., Moreira, L. A. and Salje, H. Estimating the effect of the wMel release programme on the incidence of dengue and chikungunya in Rio de Janeiro, Brazil: a spatiotemporal modelling study. *The Lancet Infectious Diseases*, n. 11, e. 22, p. 1587-1595, 2022. DOI: 10.1016/S1473-3099(22)00436-4.

Um Estudo da Existência e Estabilidade de Tratamentos Cíclicos na Terapia Adaptativa

Yuri Garcia Vilela¹, Artur César Fassoni², Armando Gil Magalhães Neves³

^{1,3}Departamento de Matemática, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

²Instituto de Matemática e Computação, Universidade Federal de Itajubá, Itajubá, Minas Gerais, Brasil

Resumo

Apesar dos contínuos avanços na pesquisa sobre o tratamento para o câncer, a emergência de células resistentes aos medicamentos usados na quimioterapia permanece um grande desafio e uma das principais causas de mortalidade associadas à doença [3]. Nesse contexto, surge a terapia adaptativa, que propõe não a eliminação do tumor, mas a sua contenção, explorando a competição entre diferentes tipos de células para controlar sua composição e suprimir o desenvolvimento de células resistentes ao tratamento [2]. Um esquema de terapia adaptativa tipicamente prevê períodos de “feriado do tratamento” em que permite-se que a proporção no tumor de células sensíveis aos tratamentos cresça, suprimindo naturalmente as células resistentes. A Figura 7.6 ilustra a diferença entre um tratamento quimioterápico convencional e uma terapia adaptativa. O sucesso desta abordagem depende fortemente, portanto, da capacidade de projetar rotinas de tratamento que mantenham a composição tumoral estável por longos períodos de tempo. Para isso, é essencial o uso extensivo de modelagem matemática e computacional.

Uma vez que a competição celular é um conceito central nessas terapias, modelos como o Lotka-Volterra [6] e equações do replicador [1], são extensamente empregados para estudar sua dinâmica e aplicabilidade. Apresentamos aqui resultados de um nosso preprint [5]. Uma primeira classe de resultados são teoremas, baseados em hipóteses matemáticas biologicamente relevantes, para a existência de esquemas de tratamento cíclicos que garantem soluções periódicas para a composição do tumor em versões planares tanto de um modelo Lotka-Volterra, quanto da dinâmica do replicador. Os teoremas são acompanhados de algoritmos para cálculo dos esquemas de tratamento. Como segunda classe de resultados, discutimos também a aplicação de *versões estocásticas* desses modelos para incorporar flutuações inerentes à transição do modelo para a realidade, ana-

¹ygvillela@ufmg.br

²fassoni@unifei.edu.br

³aneves@mat.ufmg.br

lisando como a *estabilidade do modelo determinístico* oferece uma visão abrangente também do comportamento de seus equivalentes estocásticos. Em particular, contrariando resultados negativos [1], mostramos que as versões estocásticas de esquemas determinísticos podem ser robustas.

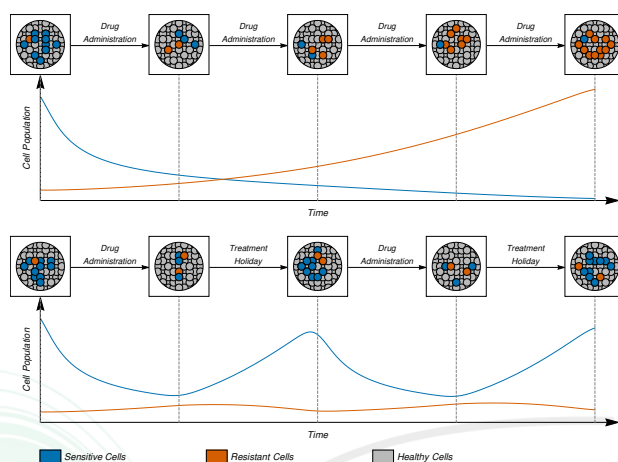


Figure 6.1: Ilustração de tratamentos contínuo (acima) e adaptativo com feriado de tratamento (abaixo). Fonte: [5].

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e Fundação Alexander von Humboldt.

Referências

- [1] Dua, R., Ma, Yongqian. e Newton, P.K. Are Adaptive Chemotherapy Schedules Robust? A Three-Strategy Stochastic Evolutionary Game Theory Model, *Cancers* 13:2880, 2021. DOI:10.3390/cancers13122880
- [2] Gatenby, R.A. e Brown, J.S.. Integrating evolutionary dynamics into cancer therapy, *Nature Reviews Clinical Oncology* 17:675-686, 2020. DOI:10.1038/s41571-020-0411-1
- [3] Mansoori, B., Mohammadi, A., Davudian, S., Shirjang, S. e Baradaran, B. The Different Mechanisms of Cancer Drug Resistance: A Brief Review, *Advanced pharmaceutical bulletin*, 7:339-348, 2017. DOI:10.15171/apb.2017.041
- [4] Park, J. e Newton, P.K. Stochastic competitive release and adaptive chemotherapy, *Physical Review E*, 108:034407, 2023. DOI:10.1103/PhysRevE.108.034407
- [5] Vilela, Y.G., Fassoni, A.C., Neves, A.G.M. On the design and stability of cancer adaptive therapy cycles: deterministic and stochastic models. Online. Acessado em 25/02/2025, <https://arxiv.org/abs/2409.06867>
- [6] Zhang, J., Cunningham, J.J., Brown, J.S. e Gatenby, R.A. Integrating evolutionary dynamics into treatment of metastatic castrate-resistant prostate cancer, *Nature Communications* 8:1816, 2017. DOI:10.1038/s41467-017-01968-5

Explorando Mecanismos da Dinâmica Clonal De Células Tronco Hematopoéticas

Yuri Garcia Vilela¹, Artur César Fassoni², Ingmar Glauche³

¹Departamento de Matemática, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

²Instituto de Matemática e Computação, Universidade Federal de Itajubá, Itajubá, Minas Gerais, Brasil

³Institute for Medical Informatics and Biometry, Dresden University of Technology, Dresden, Saxônia, Alemanha

Resumo

O sistema hematopoético é o sistema responsável pela produção, desenvolvimento e regulação das células sanguíneas, englobando diversos órgãos e tecidos que atuam em conjunto para garantir um suprimento contínuo de células funcionais ao longo da vida. Um componente fundamental desse sistema são as células-tronco hematopoéticas (HSCs), caracterizadas por sua capacidade única de reconstituir todo o sistema sanguíneo, dando origem a diversos outros tipos de célula através da diferenciação enquanto mantêm sua própria população estável por meio da proliferação [4]. Além desses dois processos, evidências têm demonstrado que uma boa representação da dinâmica das HSCs requer a consideração de dois estados funcionais distintos: um estado ativo, no qual as células de fato se proliferam e se diferenciam, e um estado quiescente, caracterizado por longos períodos de dormência e associado à permanência da célula em nichos protetores na medula óssea. Modelos que incorporam esses estados e suas transições têm sido bem-sucedidos em explicar fenômenos como a progressão e o tratamento da leucemia mieloide aguda [1], bem como a dinâmica de diluição de marcadores em ambientes saudáveis [2].

Exploramos aqui diferentes aspectos da *dinâmica clonal* das HSCs a partir de um conjunto de dados obtidos do rastreamento da linhagem celular em macacos por longos períodos de tempo [3]. Mais precisamente, utilizamos um modelo estocástico baseado na discretização do modelo unificado proposto em [1], buscando entender quais mecanismos são necessários para explicar a diversidade clonal, a contribuição relativa dos clones e o aparecimento consistente de novos clones ao longo do tempo. Nossos resultados preliminares indicam que, enquanto a diversidade e a contribuição dos clones podem ser explicadas individualmente por um modelo contendo apenas células ativas, a inclusão do compartimento quiescente permite ajus-

¹ygvillela@ufmg.br

²fassoni@unifei.edu.br

³ingmar.glauche@tu-dresden.de

tar simultaneamente ambos os aspectos. Além disso, a presença de dois estados para as HSCs parece essencial para explicar o surgimento tardio de novos clones, sugerindo que a quiescência desempenha um papel central na manutenção da diversidade clonal a longo prazo.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e Fundação Alexander von Humboldt.

Referências

- [1] Glauche, I., Harnisch, C., Uschner, F., Roeder, I. e Fassoni, A.C. Mechanisms of leukemic stem cell interaction in AML: insights from complementary mathematical modeling approaches. Online. Acessado em 27/02/2025, <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-3958767/v1>.
- [2] Glauche, I., Moore, K., Thielecke, L., Horn, K., Loeffler, M. e Roeder, I. Stem Cell Proliferation and Quiescence Two Sides of the Same Coin, *PLOS Computational Biology*, 5:1-10, 2009. DOI:10.1371/journal.pcbi.1000447.
- [3] Radtke, S., Enstrom, M., Pande, D., Duke, E. R., Cardozo-Ojeda, E.F., Madhu, R., Owen, S., Kanestrom, G., Cui, M., Perez, A.M., Schiffer, J.T. e Kiem, H. Stochastic fate decisions of HSCs after transplantation: early contribution, symmetric expansion, and pool formation, *Blood*, 142:3343, 2023. DOI:10.1182/blood.2022018564.
- [4] Roeder, I. Dynamical Modeling of Hematopoietic Stem Cell Organization - Design and Validation of the New Concept of Within-Tissue Plasticity, Tese de Doutorado, University of Leipzig, 2003.

EncBioMat

Modelagem matemática e numérica da dinâmica da imunossupressão na fase aguda da doença de Chagas

Rafaella S. Ferreira ¹, Paulo L. Natti ², Phileno P. Filho ³, Eliandro R. Cirilo ⁴, Neyva Maria L. Romeiro ⁵

¹Departamento de Ciências da Computação e Estatística - IBILCE, Universidade Estadual Paulista, São José do Rio Preto, São Paulo, Brasil

^{2,4,5}Departamento de Matemática, Universidade Estadual de Londrina, Londrina, Paraná, Brasil

³Departamento de Ciências Patológicas, Universidade Estadual de Londrina, Londrina, Paraná, Brasil

Resumo

A doença de Chagas é uma doença parasitária resultante da infecção pelo protozoário parasito *Trypanosoma cruzi*. Os vetores transmissores são os insetos popularmente conhecidos como barbeiros, mas existem outras formas de transmissão além da vetorial, como a oral, a sexual, pela transfusão de sangue e por transplante de órgãos. A doença é dividida em duas fases, a fase aguda na qual o paciente pode ser curado e a fase crônica. A resposta imunológica é importante para o controle da infecção e sobrevivência do hospedeiro. Dentre os eventos que ocorrem na fase aguda da doença, estão a grande produção de citocinas pró-inflamatórias e ativação de componentes da imunidade inata [1,2].

A doença de Chagas afeta mais de seis milhões de pessoas no mundo e produz cerca de doze mil mortes por ano na América Latina [3]. A migração de pessoas de regiões endêmicas para países desenvolvidos ampliou o risco de infecção, transformando esta enfermidade em um problema emergente em nível global [4].

No Brasil, a doença de Chagas vem recebendo muita atenção do Ministério da Saúde desde que os casos começaram a aumentar na década passada. A região norte concentra a maioria dos casos e acredita-se que o aumento de pacientes dessa doença esteja relacionado ao consumo de açaí na região [4]. Neste trabalho, a partir de medidas experimentais, foi realizada a modelagem matemática e numérica da dinâmica da infecção por *Trypanosoma cruzi*, durante o processo inicial de infecção. O modelo estudado neste trabalho representa a participação de óxido nítrico (NO), prostaglandinas E2 (PGE₂) e do fator de necrose tumoral α (TNF- α) na imunossupressão que ocorre na fase aguda em camundongos infectados por *Trypanosoma cruzi*, quando submetidos a tratamentos com inibidores.

¹rafaella.silva@ime.unicamp.br

²plnatti@uel.br

³pingefilho@uel.br

⁴ercirilo@uel.br

⁵nromeiro@uel.br

Os inibidores considerados são indometacina (INDO), NG-monometil-L-arginina (NMLA) e anti fator de necrose tumoral α (anti-TNF- α) [5]. Nesse contexto, o modelo matemático é dado pelo sistema de três EDO's acopladas (6.1), (6.2) e (6.3), que descrevem o comportamento do setor imunológico com a presença de inibidores de mediadores.

$$\begin{aligned} \frac{dC_{NO}}{dt} = & K_1 C_{NO} - \frac{1}{K_{S1}} (C_{NO})^{1+\gamma_1} + \xi_1 C_{NO} C_{TNF-\alpha} + \xi_2 C_{NO} C_{PGE_2} - \\ & R_5 D_{INDO} (C_{NO})^{\beta_1} e^{\alpha_1(t-14)} - R_6 D_{anti-TNF-\alpha} (C_{NO})^{\beta_2} e^{\alpha_2(t-14)} - \\ & R_7 D_{NMLA} (C_{NO})^{\beta_3} e^{\alpha_3(t-14)} \end{aligned} \quad (6.1)$$

$$\begin{aligned} \frac{dC_{PGE_2}}{dt} = & K_2 C_{PGE_2} - \frac{1}{K_{S2}} C_{PGE_2}^{1+\gamma_2} + \xi_3 C_{PGE_2} C_{TNF-\alpha} - \xi_2 C_{PGE_2} C_{NO} \\ & R_8 D_{INDO} (C_{PGE_2})^{\beta_4} e^{\alpha_4(t-14)} - R_9 D_{anti-TNF-\alpha} (C_{PGE_2})^{\beta_5} e^{\alpha_5(t-14)} - \\ & R_{10} D_{NMLA} (C_{PGE_2})^{\beta_6} e^{\alpha_6(t-14)}, \end{aligned} \quad (6.2)$$

$$\begin{aligned} \frac{dC_{TNF-\alpha}}{dt} = & K_3 C_{TNF-\alpha} - \frac{1}{K_{S3}} C_{TNF-\alpha}^{1+\gamma_3} - \xi_1 C_{TNF-\alpha} C_{NO} - \xi_3 C_{TNF-\alpha} C_{PGE_2} - \\ & R_{11} D_{INDO} (C_{TNF-\alpha})^{\beta_7} e^{\alpha_7(t-14)} - R_{12} D_{anti-TNF-\alpha} (C_{TNF-\alpha})^{\beta_8} e^{\alpha_8(t-14)} - \\ & R_{13} D_{NMLA} (C_{TNF-\alpha})^{\beta_9} e^{\alpha_9(t-14)} \end{aligned} \quad (6.3)$$

cujas variáveis C_{NO} , C_{PGE_2} e $C_{TNF\alpha}$ representam, respectivamente, as taxas de óxido nítrico, de prostaglandinas E_2 e de fator de necrose tumoral α nas células do baço. Os parâmetros K_1 , K_2 e K_3 representam, respectivamente, as taxas de crescimento das concentrações de NO, PGE_2 e $TNF\alpha$ na ausência de inibidores, taxas que serão ajustadas por splines cúbicas a partir dos dados experimentais. Os parâmetros K_{S1} , K_{S2} e K_{S3} são as taxas de saturação das concentrações de NO, PGE_2 e $TNF\alpha$, respectivamente, ξ são as taxas de interação entre as concentrações, γ representa o coeficiente do modelo logístico generalizado, α é a taxa de decaimento (exponencial) do inibidor no organismo e β é um expoente do modelo de Richard no termo tipo Lotka-Volterra. Os parâmetros R_i , para $i = 5, 6, \dots, 13$ são as taxas de decaimento das concentrações de NO, PGE_2 e $TNF\alpha$, devido ao tratamento com inibidores: INDO, anti-TNF α e NMLA. Os parâmetros D_{INDO} , D_{NMLA} e $D_{anti-TNF\alpha}$ representam as taxas de dosagem dos inibidores.

Primeiramente, calibramos os parâmetros do modelo obtido, comparando os resultados simulados numericamente com os dados experimentais até encontrarmos o menor erro. Em seguida, para as simulações realizadas, consideramos uma dose de cada inibidor de mediador, obtendo os valores simulados numericamente para os 16 primeiros dias da infecção, os quais foram comparados com os valores experimentais encontrados na bibliografia [5]. Notamos algumas discrepâncias no ajuste da PGE_2 no sexto

dia, o que pode estar relacionado com algum fator biológico que não foi considerado neste trabalho.

Como trabalhos futuros, podemos fazer previsões sobre o comportamento das concentrações de NO, PGE₂ e TNF- α para diferentes dosagens de inibidores, inclusive com a administração de 2 ou 3 inibidores simultaneamente e, assim, analisar diferentes tratamentos para a doença de Chagas.

Agradecimentos

A Fundação Araucária de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Estado do Paraná.

Referências

- [1] Fiocruz. **Portal da doença de Chagas - História**, 2017. Disponível em: <http://chagas.fiocruz.br/sessao/historia/>.
- [2] Fiocruz. **Portal da doença de Chagas - Resposta imune**, 2017. Disponível em: <http://chagas.fiocruz.br/doenca/resposta-imune/>.
- [3] Souza, A. R. **Divisão celular do *Trypanosoma cruzi*: o papel da subunidade TcSCC1 do complexo coesina e das proteínas centrinas**, Dissertação de Mestrado, Universidade de Brasília, 2016.
- [4] Dias, J. C. P., Jr., A. N. R., Gontijo, E. D., Luquetti, A., Shikanai-Yasuda, M. A., Coura, J. R., Torres, R. M., Melo, J. R. C., Almeida, E. A., Jr., W. O., Silveira, A. C., Rezende, J. M., Pinto, F. S., Ferreira, A. W., Rassi, A., Filho, A. A. F., Sousa, A. S., Filho, D. C., Jansen, A. M., Andrade, G. M. Q., Britto, C. F. P. C., Pinto, A. Y. N., Jr., A. R., Campos, D. E., Abad-Franch, F., Santos, S. E., Chiari, E., Hasslocher-Moreno, A. M., Moreira, E. F., Marques, D. S. O., Silva, E. L., Marin-Neto, J. A., Galvão, L. M. C., Xavier, S. S., Valente, S. A. S., Carvalho, N. B., Cardoso, A. V., Silva, R. A., Costa, V. M., Vivaldini, S. M., Oliveira, S. M., Valente, V. C., Lima, M. M., Alves, R. V. **II Consenso Brasileiro em doença de Chagas**, 2015. Epidemiologia e Serviços de Saúde, v. 25, p. 7-86, 2016.
- [5] Pinge Filho, P.; Tadokoro, C. E.; Abrahamsohn, I. A. *Prostaglandins Mediate Suppression of Lymphocyte Proliferation and Cytokine Synthesis in Acute Trypanosoma cruzi Infection*. *Cellular Immunology*, v. 193, n.1, p. 90-98, 1999. DOI 10.1006/cimm.1999.1463
- [6] Natti, P. L.; Romeiro, N. M. L.; Cirilo, E. R.; Natti, É. R. T.; Oliveira, C. F.; Sobrinho, A. S. O.; Kita, C. M. **Modelagem matemática e estabilidade de sistemas predador-presa**. In: Ingrid Aparecida Gomes. (Org.). A Produção do Conhecimento nas Ciências Exatas e da Terra 2. 1ª ed. Ponta Grossa: Atena Editora, 2019, v. 2, p. 162-177. DOI 10.22533/at.ed.39519040416

Estudo do modelo de Lotka-Volterra com impulsos em tempos variáveis

Lenara Ferreira dos Santos¹, Marta Cilene Gadotti²

¹Departamento de Matemática Aplicada, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil

²Departamento de Matemática, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, São Paulo, Brasil

Resumo

O estudo das equações diferenciais é objeto de pesquisa de muitos estudiosos até os dias atuais, tanto como ferramenta na modelagem de problemas quanto na análise puramente matemática, dada sua forte relação com a descrição de fenômenos concretos. Em diversas áreas, como ciências físicas, biológicas e sociais, a modelagem de sistemas dinâmicos pode ser realizada por meio de equações diferenciais ordinárias (EDOs), que estabelecem relações entre variáveis e parâmetros, permitindo a previsão do comportamento desses sistemas [2].

Contudo, nas equações diferenciais ordinárias clássicas, a previsão do comportamento do sistema depende apenas do estado presente e sua evolução ocorre de forma contínua. Assim, nem sempre esse modelo é adequado para descrever todos os fenômenos naturais [1], especialmente aqueles que sofrem mudanças repentinas em curtos intervalos de tempo, considerados instantâneos. Para esses casos, utiliza-se um sistema de equações diferenciais impulsivas (EDIs), que combina uma equação diferencial com uma condição que determina a ocorrência dos impulsos, além da condição inicial.

Sistemas ecológicos, por exemplo, estão sujeitos a perturbações causadas por atividades humanas, como exploração de recursos e controle biológico, que podem introduzir descontinuidades no processo evolutivo. Essas perturbações de curto prazo são frequentemente modeladas como impulsos, representando mudanças abruptas no estado do sistema.

Um caso típico é a introdução de predadores em um ambiente quando a população de uma determinada espécie atinge um limite crítico. Esse tipo de intervenção caracteriza os chamados impulsos em tempos variáveis, que ocorrem na solução do problema quando esta atinge um valor específico, ou seja, quando a população, durante o seu desenvolvimento, atinge um limite pré-determinado.

Esse fenômeno pode afetar tanto as populações de presas quanto as de predadores. Por exemplo, se a quantidade de presas estiver muito baixa, pode-se reduzir a população de predadores para evitar o colapso da cadeia alimentar; por outro lado, se a quantidade de presas for muito alta, pode-se introduzir predadores para controlar sua população e manter o equilíbrio do ecossistema.

Um dos modelos famosos para a dinâmica da população é o sistema de competição Lotka Volterra, também conhecido como modelo presa-predador e proposto de modo independente pelos matemáticos Vito Volterra e Alfred James Lotka. Em 1925, as equações foram usadas para analisar interações de predador-presa. Observando as características do modelo de Lotka-Volterra [3], introduzimos os efeitos impulsivos obtendo o sistema a seguir :

$$\begin{cases} \dot{x} = x(r_1 - q_1 y), & y(t) \neq k \cdot x(t), \\ \dot{y} = -y(r_2 - q_2 x), & y(t) \neq k \cdot x(t), \\ \Delta x(t) = -\alpha x(t), & y(t) = k \cdot x(t), \\ \Delta y(t) = -\alpha y(t), & y(t) = k \cdot x(t), \\ x(0) = x_0, \\ y(0) = y_0. \end{cases} \quad (6.4)$$

¹lenara.ferreira@ime.usp.br

²mc.gadotti@unesp.br

No qual $x = x(t) > 0$ é a quantidade de biomassa da presa no instante $t > 0$; $y = y(t) > 0$ a quantidade de biomassa do predador no momento $t > 0$; as constantes $r_1 > 0$ e $r_2 > 0$ são coeficientes específicos relativos ao crescimento da presa e do predador, respectivamente; as constantes $q_1 > 0$ e $q_2 > 0$ são os coeficientes de competição intraespécies. E $x_0 > 0$ e $y_0 > 0$, correspondem às quantidades iniciais de ambas espécies em $t = 0$; $\alpha x(t)$ e $\alpha y(t)$ são as quantidades de biomassa da presa e do predador, respectivamente, que serão removidas em forma de impulsos. Trata-se de um problema planar, cuja solução é expressa por órbitas dadas implicitamente.

O estudo de sistemas com impulsos em tempo variável envolve a determinação de um objeto geométrico que define o momento em que a solução do sistema sofre o impulso. Neste trabalho, analisamos a evolução da solução do modelo de Lotka-Volterra, partindo da condição inicial (x_0, y_0) até atingir a reta $y(t) = k \cdot x(t)$, onde ocorre um impulso radial, conforme ilustrado na Figura 6.2. Além disso, investigamos métodos para determinar a constante k de forma conveniente, considerando, por exemplo, critérios que favoreçam a periodicidade do sistema.

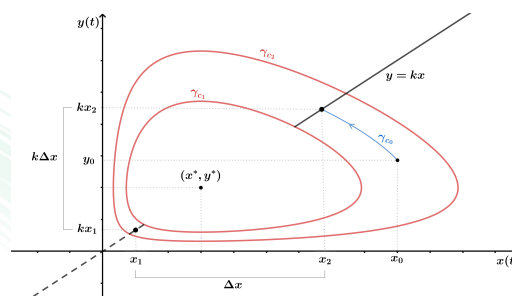


Figure 6.2: Modelo Lotka-Volterra com impulso radial na reta $y(t) = k \cdot x(t)$. Fonte: [3].

A análise da periodicidade dos impulsos é particularmente interessante, pois as populações seguem ciclos naturais, o que possibilita a otimização de custos na manutenção do equilíbrio do sistema estudado. Esse comportamento é especialmente relevante, uma vez que as remoções tendem a ocorrer em intervalos regulares, característicos de cada espécie analisada.

Assim as EDIs se mostram eficientes na representação de fenômenos naturais e a partir do controle impulsivo, é possível estabelecer critérios para evitar que todas as espécies sejam extintas estabilizando algum ponto positivo, que pode não ser o ponto de equilíbrio do sistema.

Referências

- [1] Ballinger, G. H. Qualitative theory of impulsive delay differential equations, Tese de doutorado, University of Waterloo, 2000.
- [2] Boyce, W. E.; Diprima, R. C. *Equações diferenciais elementares e problemas de valores de contorno*. LTC, 2010.
- [3] Santos, Lenara Ferreira dos. Um estudo sobre equações diferenciais impulsivas: existência de solução, estabilidade e aplicações, Dissertação de Mestrado, UNESP, 2021.

Sistema epidemiológico SIRS com correlações espaciais e parâmetros estocásticos: uma abordagem por autômatos celulares

Fernando Augusto Ferreira Gomes¹, João Frederico da Costa Azevedo Meyer², Laécio Carvalho de Barros³

^{1,2,3}Departamento de Matemática Aplicada, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brasil

Resumo

Desenvolvemos um sistema dinâmico discreto para simular sistemas epidemiológicos utilizando o que chamamos de autômatos celulares epidêmicos (ECA's). O modelo é baseado nas equações tipo SIRS, mas considera componentes espaciais por meio de correlações entre os indivíduos, introduz variáveis aleatórias sob os parâmetros e possibilita a introdução de parâmetros variáveis. Assim, ampliam-se as possibilidades de investigação sobre os fatores de espalhamento das doenças. Além disso, quando ignoradas as correlações espaciais, na média, o modelo recupera o comportamento clássico dado por modelos de equações diferenciais ordinárias, sendo, em certa medida, uma generalização a estes. Um autômato celular epidêmico é definido pela quadra (G, E, U, f_0) [1], onde $G \subset \mathbb{Z}^d$ é o espaço de células, E o conjunto de estados possíveis de cada célula, U a vizinhança de cada célula e f_0 é a função de transição de estado. Usamos $d = 2$ e G uma matriz quadrada centrada na origem. Seja agora $E = \{0, r_1, r_2, \dots, r_b, i_1, i_2, \dots, i_a\} = \{0, 1, 2, \dots, m\}$ tendo, portanto, $m + 1$ valores o conjunto de estados possíveis. Temos essa formulação para descrever os seguintes estados, seja $x \in G$ qualquer, se o estado de x é designado por $\{0\}$, então esse indivíduo é suscetível, se o estado de x é designado por $\{i_1, i_2, \dots, i_a\}$, então esse indivíduo é infectado e se o estado de x é designado por $\{r_1, r_2, \dots, r_b\}$, então esse indivíduo é recuperado. Para U , usando a estrutura aditiva de \mathbb{Z}^2 , definimos a vizinhança $U(x)$, com $x \in G$, a partir da vizinhança da célula fixa em $(0, 0) \in \mathbb{Z}^2$: $U(x) = x + y, \forall y \in U(0)$. A vizinhança de x é, portanto, formada por todos os elementos transladados por $y \in U(0)$. Usaremos duas vizinhanças aleatórias somadas, isto é, são sorteadas k_1 e k_2 posições em um determinado círculo de raio $\|r_1\|_\infty$ e $\|r_2\|_\infty$. Este tipo de vizinhança objetiva simular a interação via deslocamento dos indivíduos permitindo, portanto, a geração de outros focos de

¹fernando.augusto.fgomes@gmail.com

²jmeyer@unicamp.br

³laeciocb@ime.unicamp.br

infecção. Para f_0 , definimos o conceito de *ocupação*. Uma *ocupação* sobre x é o mapa $\Phi : U(x) \rightarrow E$ que relaciona as posições de $U(x)$ com algum elemento de E . Seja agora S_0 o conjunto de todos os mapas Φ . Então, uma função local é o mapa $f_0 : S_0 \rightarrow E$ das *ocupações* em estados possíveis. A função de transição f_0 , então, fica dada por:

$$f_0(\Phi) = \begin{cases} m & \text{para } \Phi(0) = 0 \text{ com probabilidade } p(k) \\ 0 & \text{para } \Phi(0) = 0 \text{ com probabilidade } 1 - p(k) \\ \Phi(0) - 1 & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (6.5)$$

onde $p(k)$ é a probabilidade de contágio de um suscetível dado k contatos. Para demonstrar o potencial do modelo, iremos restringi-lo ao caso tipo SIR, desconsiderar correlações espaciais e gerarmos o que chamamos de ECA SIR-equivalente [2]:

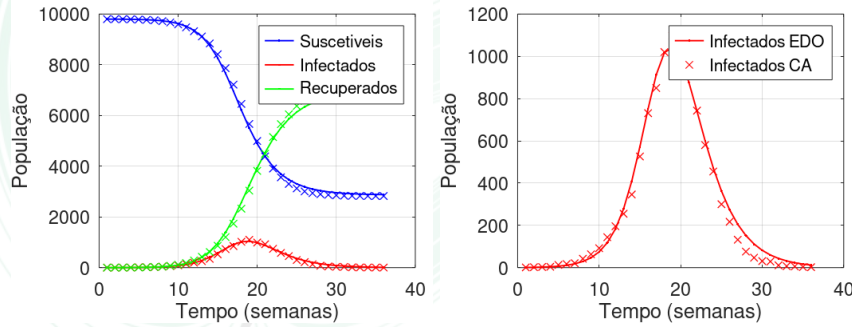


Figure 6.3: Comparação entre modelos SIR. Linhas tracejadas com \times são a média de 10 tentativas via autômatos celulares. $p_I = 0.25$, $p_R = 0.7$, probabilidades de infecção e recuperação, $G = M_{99 \times 99}$, $k = 5$. As linhas contínuas são do modelo por EDO's. $\beta_r = 1.14$, $\lambda_r = 0.656$. Fonte: dos autores

No caso dado pela Figura 6.3, $p(k) = 1 - (1 - \frac{I}{N}p)^k$ [2] onde p é a probabilidade de contágio dada a interação suscetível-infectado. Para modelos epidemiológicos, quase sempre teremos $p(k) \approx \frac{kp}{N}I$ cuja identificação é feita pelo termo βI do modelo SIR clássico. Assim, sendo a força de propagação β determinada pela quantidade de contatos k , a probabilidade de contágio dado um contato p e a população N .

Levando em consideração, agora, correlações espaciais dadas pelas vizinhanças aleatórias e as variações paramétricas específicas de tempo de contaminação [3] e tempo de imunidade [4] para simular, por exemplo, a COVID-19 no Brasil, podemos reproduzir a curva de casos ativos como ilustrado na Figura 6.4:

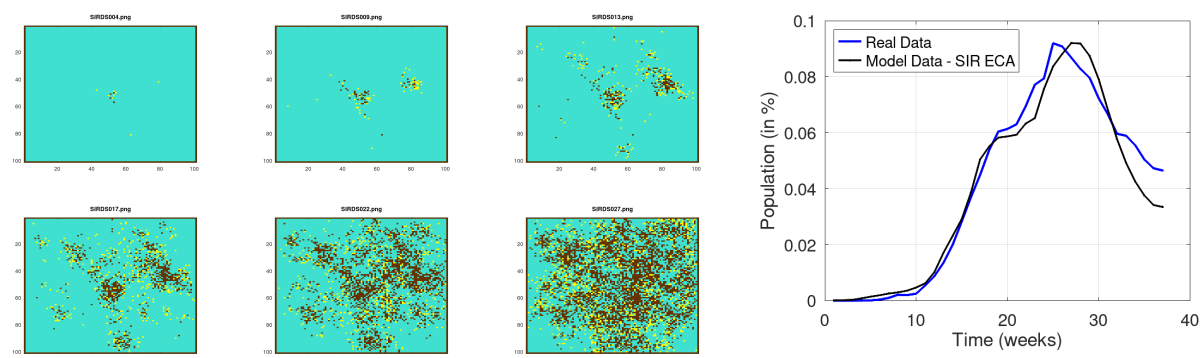


Figure 6.4: À esquerda, evolução espacial do ECA tipo SIRS ao longo das semanas 4, 9, 13, 17, 22 e 27, onde as cores representam: azul para suscetíveis, amarelo para infectados e marrom para recuperados. À direita, comparação entre a curva de casos ativos no Brasil e os resultados obtidos pelo ECA. Fonte: dos autores.

No exemplo dado, é feita uma simulação de confinamento entre as semanas 17 à 22 com redução dos parâmetros de contágio k e p para estudar o efeito na redução da força de infecção ocorrida no Brasil neste período. O resultado pode ser mostrado como na Figura 6.4 a direita. O modelo, portanto, oferece a possibilidade de investigar correlações espaciais, variações paramétricas e conexões com a teoria clássica.

Referências

- [1] Schönfish, Birgitt. "Propagation of fronts in cellular automata." *Physica D: Nonlinear Phenomena* 80.4 (1995): 433-450.
- [2] Gomes, Fernando Augusto Ferreira. *Formulação de sistemas epidemiológicos por autômatos celulares: comparação com a teoria clássica e simulações para a COVID-19*. Diss. [sn], 2023.
- [3] Coronavirus incubation period:. <https://www.worldometers.info/coronavirus/coronavirus-incubation-period/>. Accessed: February 23, 2025. 30
- [4] Dos Santos, Letícia Adrielle, et al. "Recurrent COVID-19 including evidence of reinfection and enhanced severity in thirty Brazilian healthcare workers." *Journal of Infection* 82.3 (2021): 399-406.1

A Hybrid Model for Cell Dynamics in Colorectal Crypts

Giuseppe Romanazzi¹, Ítalo José Lima de Sousa²,

^{1,2} IMECC, Departamento de Matemática Aplicada, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brasil

Resume The colonic crypts contribute to an healthy digestion, due to their continuous cellular renewing and differentiation. Abnormal cell proliferation in a colonic crypt is believed to be responsible for the formation of colorectal cancer. It is then important to model and simulate the colonic crypt cell dynamics in normal and abnormal scenarios to understand how abnormality can lead to the formation of carcinomas. Cellular models have been widely utilized to investigate the behavior and dynamics of cells in various biological contexts. For instance in the colonic crypts, cell-based or discrete models [3] assumes that cellular movement can be explained by a limited set of mechanical forces and on their spatial location variables at specific points within the domain. On the other hand, continuous models rely on systems of differential equations depending on spatial averaged quantities of interest [1], such as cell density. Thus, the idea of conducting a comprehensive analysis of cellular dynamics within crypts emerged, integrating both continuous and discrete elements such as proliferation, velocity, diffusion, and cellular adhesion over time. Accordingly, our objective is to present and analyze a hybrid cell model (HCM) [5] within a single crypt represented on a two-dimensional surface that combines a cell-based models, such as cell-centre Voronoi Tessellation (VT) [3], with a continuous model. The continuous model used extends the model presented in [2, 4] to consider the stem cell family and a more well balanced proliferation activity. It describes the dynamics of crypt cell densities by solving an initial boundary value problem (6.6)

$$\begin{cases} \nabla \cdot \mathbf{v} = \alpha_B C_B (1 - C_B) + \beta_{AB} C_A \\ \frac{\partial C_A}{\partial t} = \nabla \cdot D \nabla C_A - \nabla \cdot (\mathbf{v} C_A) \\ \frac{\partial C_B}{\partial t} = \nabla \cdot (D \nabla C_B) + \nabla \cdot (\mathbf{v} C_B) + \alpha_B C_B (1 - C_B) + \beta_{AB} C_A - \beta_{BC} C B \end{cases} \quad (6.6)$$

whose unknowns at spatial point x and time t are: the densities $C_A(x, t)$, $C_B(x, t)$ respectively for the stem cells and transit semi-differentiated cells, the pressure $p(x, t)$ exerted by the cells due to their mitotic activity, which induces a passive movement with velocity \mathbf{v} , modeled by Darcys law $\mathbf{v} = -\xi \nabla p$, with $\xi > 0$ depending on the permeability and viscosity of the crypt epithelium. Proper initial and boundary conditions are coupled with (6.6) and depends on the cell crypt scenario analyzed [5].

We describe now how the proposed HCM works after that crypt domain is discretized into a finite element mesh. First the system (6.6) is solved in a time interval using a piecewise-linear finite element method. This provides the temporal evolution of cell densities in each mesh node. Next, using an integration operator, the current cell densities permit to obtain the current cell type in each VT cell. Then a step of VT model is implemented. This last step permit to understand and show the cell organization and interaction within the crypt over time, a process that is referred as cellular adhesion. The HCM operates then iteratively alternating the solution of differential continuous system (6.6), with an updating of VT model. This hybrid approach offers a new perspective for investigating the complex biological processes occurring in intestinal crypts. Simulations for normal and abnormal scenarios involving respectively normal and abnormal cell proliferation are presented.

¹roman@ime.unicamp.br

²joseitalo00@gmail.com

Referências

- [1] Byrne H. e Drasdo D., Individual-based and continuum models of growing cell populations: a comparison, *Journal of mathematical biology* 58: 657-687, 2009.
- [2] Figueiredo I. N., Leal C., Romanazzi G., Engquist B. e Figueiredo P. N., A convection-diffusion-shape model for aberrant colonic crypt morphogenesis, *Computing and Visualization in Science* 14: 157-166, 2011.
- [3] Meineke F. A., Potten C. S. e Loeffler M., Cell migration and organization in the intestinal crypt using a lattice-free model, *Cell proliferation* 34, 4: 253-266, 2001.
- [4] Oliveira, E. P., Romanazzi, G., Modeling and computer simulation of viscoelastic crypt deformation. *Trends in Computational and Applied Mathematics*, 23, 1: 193-211, 2022. DOI:10.5540/tcam.2022.023.01.00193.
- [5] Sousa, I. J. L. Modelos Celulares nas Criptas do Cólon: Análise e Implementação Numérica, Dissertação de Mestrado em Matemática Aplicada, Unicamp, 2024.



Modelagem Matemática da Dispersão de Poluentes no Rio das Mortes: Uma Abordagem Computacional

Gabriela Scavazini da Silva de Oliveira¹, André Krindges², João Frederico da Costa Azevedo Meyer³

^{1,3}Instituto de Matemática Estatística e Computação Científica, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brasil

²Departamento de Matemática, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil

Resumo

O avanço contínuo da ciência e da tecnologia trouxe benefícios significativos para a sociedade, como o aumento da produção de alimentos, criação de empregos, desenvolvimento de vacinas e avanços em energia sustentável. No entanto, também trouxe desafios, como poluição ambiental, resíduos radioativos, disparidades econômicas e impactos negativos de conflitos armados. Este estudo tem como objetivo desenvolver ferramentas matemáticas e computacionais para analisar regiões afetadas por emissões de poluentes, utilizando **Equações Diferenciais Parciais (EDPs)**, que de acordo com [1] é uma ferramenta essencial para modelar a dispersão de poluentes em corpos hídricos. O estudo foi realizado no Rio das Mortes, localizado no estado de Mato Grosso, este escolhido como área de estudo devido à sua importância ecológica e econômica. O rio abastece 21 municípios e é impactado por atividades como agricultura, pecuária e mineração, que contribuem para a poluição hídrica [6]. O estudo concentrou-se na região de Nova Xavantina, onde foram identificadas possíveis fontes de poluição, como uma mina de ouro, córregos que deságuam no rio e atividades agropecuárias. O objetivo foi analisar a dispersão de poluentes e seus impactos ambientais, utilizando modelos matemáticos baseados em equações de difusão-advecção e Navier-Stokes [5] e [7].

O modelo matemático utilizado baseia-se na equação de difusão-advecção, que descreve a variação da concentração de poluentes ao longo do tempo e do espaço, considerando processos como difusão, transporte, decaimento e fontes de poluição. A equação geral é dada por:

$$\frac{\partial C}{\partial t} - \alpha \Delta C + \nabla \cdot \vec{\nabla} C + \sigma C = f, \quad (6.7)$$

onde $C(x, y, t)$ representa a concentração do poluente, α é o coeficiente

¹gscavazini@ime.unicamp.br

²krindges@gmail.com

³jmeyer@unicamp.br

de difusão, \vec{V} é o campo de velocidade, σ é a taxa de decaimento e f representa as fontes de poluição. Foram aplicadas condições de contorno de Von Neumann e Robin para modelar a entrada e perda de poluentes. A equação de Navier-Stokes foi utilizada para descrever o campo de velocidade do fluido. Uma das dificuldades de se encontrar soluções para este tipo de problema está no fato de que, em muitos casos, não há uma solução analítica exata, sendo necessário buscar soluções aproximadas. Para isso, utilizamos a formulação variacional, que através do Método de Galerkin torna possível obter uma solução aproximada [4]. Para a discretização espacial, foi utilizado o Método dos Elementos Finitos (MEF), que divide o domínio em elementos triangulares, enquanto a discretização temporal foi realizada com o método de Crank-Nicolson, que oferece convergência incondicional e erro de ordem $(\Delta t)^2$ [3] e [2]. Para analisar a dispersão de poluentes no Rio das Mortes, foram realizadas simulações computacionais com dois cenários. No primeiro, a poluição foi introduzida apenas na mina de ouro, enquanto no segundo, foram consideradas múltiplas fontes de poluição, incluindo córregos e o Ribeirão Antártico. Os resultados, apresentados nas figuras a seguir, mostraram que a concentração de poluentes se estabiliza após um certo número de iterações, indicando que o modelo é capaz de prever a dispersão de poluentes ao longo do tempo.

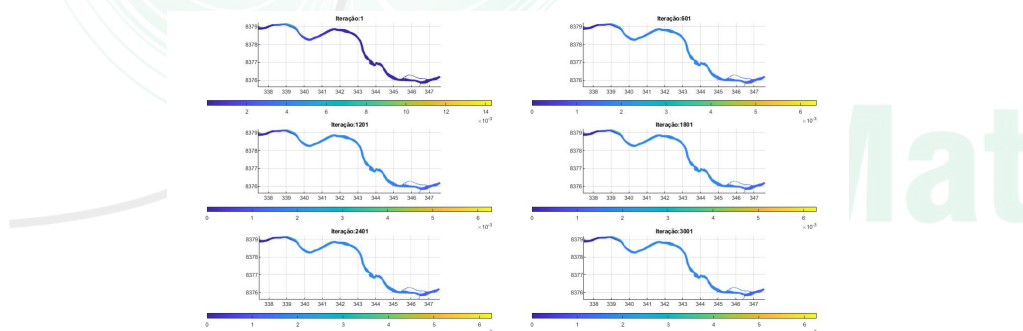


Figure 6.5: Cenário 1 - 150 dias

O estudo demonstrou a eficácia do uso da equação de difusão-advecção para modelar a dispersão de poluentes em rios. No entanto, a falta de dados específicos sobre os poluentes limitaram a precisão dos resultados. Futuros estudos devem incluir a coleta de dados em campo para melhorar a modelagem e considerar fatores como variações sazonais e interações com a flora e fauna aquáticas. É importante ressaltar que a conscientização pública e a implementação de políticas ambientais eficazes são essenciais para a preservação dos recursos hídricos.

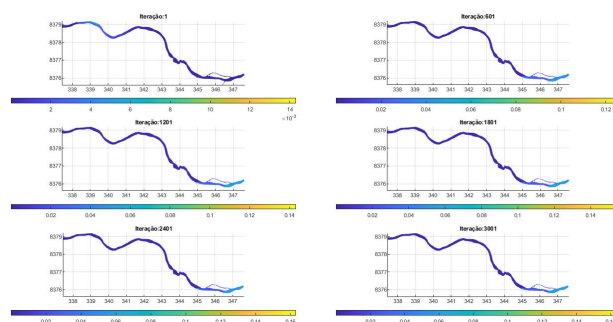


Figure 6.6: Cenário 2 - 150 dias

Referências

- [1] Bassanezi, R. C. e Ferreira Jr., W. C. *Equações Diferenciais com Aplicações*. Ed. Harbra, São Paulo, 1988.
- [2] Okubo, A. *Diffusion and Ecological Problems: Mathematical Models*. Ed. Springer, Nova York, 1980.
- [3] Marchuk, G. I. *Mathematical models in environmental problems: studies in mathematics and its applications*. North-Holland, Netherlands, 1986.
- [4] Oden, J. T., Backer, E. B., e Carey, G. F. *Finite elements an introduction*. In *Finite Element Method*. Prentice-Hall, Nova Jersey, 1981.
- [5] Krindges, A. Modelagem e Simulação Computacional de um Problema Tridimensional de Difusão-Advecção com Uso de Navier-Stokes. Tese de Doutorado, Unicamp, 2011.
- [6] Nápolis, P. M. M. Políticas Públicas na Bacia Hidrográfica do Rio das Mortes Mato Grosso-Brasil: Educação Ambiental para Vidas, Tese de Doutorado, UFSCar, 2010.
- [7] Silva, G. S. Modelagem, Aproximação Numérica e Simulação Computacional de Impacto Ambiental em Meio Fluvial: o Rio Tocantins no Município de Imperatriz (MA), Tese de Doutorado, Unicamp, 2022.

EncBioMat

Um estudo da COVID-19 via derivada fracionária de Caputo-Fabrizio

Rafael Malvezzi Zorzetto¹, Michele Martins Lopes², Estevão Esmi Laureano³ Laécio Carvalho de Barros⁴

^{1,2,3,4}Departamento de Matemática Aplicada, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica (IMECC), Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brasil

Resumo

Os operadores fracionários são ferramentas eficazes para modelar fenômenos cujo efeito de memória é relevante, como é o caso de modelos biológicos [2, 3]. De maneira geral, a constatação do efeito de memória pode ser compreendido da seguinte forma: ao considerar dois instantes distintos, $0 < t_1 < t_2$, e calcular a diferença do operador aplicado nesses dois pontos, torna-se necessário conhecer os valores da função no intervalo $[0, t_1]$, e não apenas em $[t_1, t_2]$. Para a integral fracionária de Riemann-Liouville J_t^α , tem-se

$$J_t^\alpha f(t_2) - J_t^\alpha f(t_1) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \left[\int_{t_1}^{t_2} (t_2 - \tau)^{\alpha-1} f(\tau) d\tau + \int_0^{t_1} [(t_2 - \tau)^{\alpha-1} - (t_1 - \tau)^{\alpha-1}] f(\tau) d\tau \right],$$

ou seja, a expressão acima depende de valores de $\alpha \in [0, 1]$, exceto quando $\alpha = 1$, caso em que a expressão acima se reduz à integral clássica, dependendo apenas do intervalo $[t_1, t_2]$.

As derivadas fracionárias de Riemann-Liouville ${}_R D_t^\alpha$ e de Caputo ${}_C D_t^\alpha$ são definidas através da integral de Riemann-Liouville [2]. Dessa forma, também possuem um tipo de memória.

Para explicitar este efeito de memória, estes operadores foram escritos na forma de esperança estatística [1]:

$$\begin{aligned} J_t^\alpha f(t) &= \frac{t^\alpha}{\Gamma(\alpha+1)} E[f(tU)]; \\ {}_R D_t^\alpha f(t) &= \frac{t^{-\alpha}}{\Gamma(1-\alpha)} E[f(tW)] + \frac{t^{1-\alpha}}{\Gamma(3-\alpha)} E[f'(tV)], \alpha \in (0, 1); \\ {}_C D_t^\alpha f(t) &= \frac{t^{1-\alpha}}{\Gamma(2-\alpha)} E[f'(tW)], \alpha \in (0, 1), \end{aligned}$$

em que U , V e W são variáveis aleatórias seguindo as distribuições Beta $U \sim B(1, \alpha)$, $V \sim B(2, 1 - \alpha)$ e $W \sim B(1, 1 - \alpha)$.

¹r219447@dac.unicamp.br

²mi_martins22@hotmail.com

³eesmi@unicamp.br

⁴laeciocb@ime.unicamp.br

A derivada fracionária de Caputo-Fabrizio ${}_{CF}D_t^\alpha$, dada pela expressão

$${}_{CF}D_t^\alpha f(t) = \frac{1}{1-\alpha} \int_{t_0}^t \exp\left(-\frac{\alpha}{1-\alpha}(t-\tau)\right) f'(\tau) d\tau,$$

é obtida trocando o *kernel* da derivada de Caputo por uma função exponencial. É possível escrever este operador também na forma de esperança e, a partir daí, provar que nesse caso, a memória é do tipo *delay* ou janela.

Aplicação: Modelo SIR

O modelo SIR é um modelo epidemiológico proposto por Kermack e McKendrick em 1927, que divide a população em três categorias: Suscetível, Infectado e Recuperado (ou Removido). Nesse modelo, são consideradas dois parâmetros: β , a taxa de transmissão, e γ , a taxa de recuperação do indivíduo. Quando se utiliza o modelo SIR fracionário, baseado nas abordagens de Caputo e Caputo-Fabrizio, é necessário ajustar as taxas para garantir a compatibilidade dimensional entre as equações do sistema. Nesse caso, as taxas passam a ser influenciadas pelo parâmetro α , que representa a ordem da derivada.

Para observar o efeito de memória nestes operadores, são utilizados dados de infectados da COVID-19 para o problema de ajuste de curvas nos seguintes modelos SIR fracionários:

$$\begin{cases} {}_{CF}D_t^\alpha S(t) &= -\beta^\alpha SI \\ {}_{CF}D_t^\alpha I(t) &= \beta^\alpha SI - \gamma^\alpha I \\ {}_{CF}D_t^\alpha R(t) &= \gamma^\alpha I \end{cases}$$

e

$$\begin{cases} {}_{CF}D_t^\alpha S(t) &= -\frac{\beta}{\alpha} SI \\ {}_{CF}D_t^\alpha I(t) &= \frac{\beta}{\alpha} SI - \frac{\gamma}{\alpha} I \\ {}_{CF}D_t^\alpha R(t) &= \frac{\gamma}{\alpha} I \end{cases}$$

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) Código de Financiamento 001.

Referências

- [1] Barros, L. C. D., Lopes, M. M., Pedro, F. S., Esmi, E., Santos, J. P. C. D., & Sánchez, D. E. (2021). The memory effect on fractional calculus: an application in the spread of COVID-19. *Computational and Applied Mathematics*, 40, 1-21.
- [2] Diethelm, K., & Ford, N. J. (2010). *The analysis of fractional differential equations. Lecture notes in mathematics*, 2004.
- [3] Saeedian, M., Khalighi, M., Azimi-Tafreshi, N., Jafari, G. R., & Ausloos, M. (2017). Memory effects on epidemic evolution: The susceptible-infected-recovered epidemic model. *Physical Review E*, 95(2), 022409.



Chain Rule in Fractional Calculus: a specific case and application

Michele Martins Lopes¹, Joanna Rocha Santos², Maria Beatriz Ferreira Leite³, Laécio Carvalho de Barros⁴

^{1,2,4}Departamento de Matemática Aplicada, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica (IMECC), Universidade Estadual de Campinas, São Paulo, Brasil

³CEATEC, Pontifícia Universidade Católica (PUC), São Paulo, Brasil

Abstract

Fractional calculus is an area that has been widely used due to its high power in modeling phenomena in which the memory effect is relevant. However, the manipulation of its concepts is often limited, as it does not follow the same principles as classical calculus. For example, the chain rule is not valid in fractional calculus. That is, if T is some fractional operator of order $\alpha \in \mathbb{R}$, we do not have a relationship of $T(f \circ g)$ with $T(g)$ and $T(f) \circ g$.

In this paper, we prove that it is valid for the specific case $g(t) = \gamma t$, with $\gamma \in \mathbb{R}$, for the operators: Riemann-Liouville integral and derivative (J_t^α and D_t^α) and the Caputo derivative (${}_cD_t^\alpha$). To do this, we use the following result, proven in [1]. Let $\alpha \in \mathbb{R}^+$ and $f \in AC([0, b])$. We have

$$J_t^\alpha f(t) = \frac{t^\alpha}{\Gamma(\alpha+1)} E[f(tU)]; \quad (6.8)$$

$$D_t^\alpha f(t) = \frac{t^{-\alpha}}{\Gamma(1-\alpha)} E[f(tW)] + \frac{t^{1-\alpha}}{\Gamma(3-\alpha)} E[f'(tV)], \text{ for } \alpha \in (0, 1); \quad (6.9)$$

$${}_cD_t^\alpha f(t) = \frac{t^{1-\alpha}}{\Gamma(2-\alpha)} E[f'(tW)], \text{ for } \alpha \in (0, 1), \quad (6.10)$$

where U , V , and W are random variables with Beta distributions: $U \sim B(1, \alpha)$, $V \sim B(2, 1 - \alpha)$, and $W \sim B(1, 1 - \alpha)$.

These formulas arose to highlight the memory effect of these operators, since the random variables that follow a Beta distribution take values in $[0, 1]$, and thus tU , tV , and tW take values in $[0, t]$. That is, the fractional operators at time t are proportional to the weighted average of historical values over the interval $[0, t]$. Furthermore, these formulas have other utilities and facilitate some calculations, as is the case in the demonstration of the results of this paper.

¹mi_martins22@hotmail.com

²j215916@dac.unicamp.br

³biaemiti@gmail.com

⁴laeciocb@unicamp.br

Chain Rule for Fractional Operators in a Specific Case

Let $\gamma \in \mathbb{R}$ and $f, g, h \in AC([0, b])$ such that $g(t) = \gamma t$ and $h(t) = [f \circ g](t) = f(\gamma t)$, then

$$[J^\alpha]f(\gamma t) = \gamma^\alpha [J^\alpha f](\gamma t) \quad (6.11)$$

$$[D^\alpha]f(\gamma t) = \gamma^{-\alpha} [D^\alpha f](\gamma t) \quad (6.12)$$

$$[cD^\alpha f](\gamma t) = \gamma^{-\alpha} [cD^\alpha f](\gamma t) \quad (6.13)$$

Using (6.8),

$$\begin{aligned} [J^\alpha f](\gamma t) &= \frac{(\gamma t)^\alpha}{\Gamma(\alpha + 1)} E[f(\gamma t U)] = \gamma^\alpha \frac{t^\alpha}{\Gamma(\alpha + 1)} E[h(t U)] \\ &= \gamma^\alpha J^\alpha [h(t)] = \gamma^\alpha J^\alpha [f(\gamma t)] \end{aligned} \quad (6.14)$$

Using (6.10),

$$\begin{aligned} [cD^\alpha f](\gamma t) &= \frac{(\gamma t)^{1-\alpha}}{\Gamma(2-\alpha)} E[f'(\gamma t W)] = \gamma^{-\alpha} \frac{t^{1-\alpha}}{\Gamma(2-\alpha)} E[\gamma f'(\gamma t W)] \\ &= \gamma^{-\alpha} \frac{t^{1-\alpha}}{\Gamma(2-\alpha)} E[(f \circ g)'(t W)] = \gamma^{-\alpha} \frac{t^{1-\alpha}}{\Gamma(2-\alpha)} E[h'(t W)] \\ &= \gamma^{-\alpha} [cD_t^\alpha h(t)] = \gamma^{-\alpha} [cD_t^\alpha f(\gamma t)] \end{aligned} \quad (6.15)$$

Following a similar approach to the two presented above, using (6.9), we prove (6.12).

Application

We can use this result, for example, in the nondimensionalization of an equation or a system of differential equations. In [1], we see the fractional version of the SIR-type epidemiological model, via Caputo derivative (cD_t^α). In this model, we consider the population divided into compartments: S, I , and R are functions representing susceptible, infected, and recovered individuals, varying over time τ . What changes from the classical model to the fractional model is that instead of the equations describing the classical derivatives S', I' , and R' , they describe the fractional derivatives $cD_t^\alpha S$, $cD_t^\alpha I$, and $cD_t^\alpha R$.

A commonly adopted approach when using this model is to nondimensionalize the population. That is, instead of considering $S + I + R = N$, where N is the total population size, we can define $s = \frac{S}{N}$, $i = \frac{I}{N}$, and $r = \frac{R}{N}$. In this case, $s, i, r \in [0, 1]$ are given in proportion.

A less common but interesting approach is to also nondimensionalize time. In the SIR model, we know that the total time a person remains in the infected compartment I is given by $\frac{1}{\gamma}$, where γ is the recovery rate of the model. Thus, we can define $t = \frac{\tau}{1/\gamma} = \tau\gamma$ as the dimensionless time.

Taking as an example the equation for susceptibles of the SIR model, given by ${}_cD_t^\alpha S(\tau) = -\beta^\alpha S(\tau)I(\tau)$, we have:

$${}_cD_t^\alpha S(\tau) = {}_cD_t^\alpha S(t/\gamma) = (\gamma^{-1})^{-\alpha} [{}_cD_t^\alpha S(t)] \Rightarrow {}_cD_t^\alpha S(t) = -(\beta/\gamma)^\alpha SI. \quad (6.16)$$

In a similar way, we obtain

$${}_cD_t^\alpha I = (\beta/\gamma)^\alpha SI + I \text{ and } {}_cD_t^\alpha R = I. \quad (6.17)$$

Referências

- [1] Barros, L. C., Lopes, M. M., Pedro, F. S., et al. The memory effect on fractional calculus: an application in the spread of COVID-19. *Computational and Applied Mathematics*, 40:1–21, 2021. DOI: 10.1007/s40314-021-01456-z

Saneamento Básico, temperatura e precipitação em um modelo matricial de projeção populacional do *Aedes aegypti*

Luana Tais Bassani¹, Pedro da Silva Peixoto²

¹Departamento de Ensino, Instituto Federal de Mato Grosso, Guarantã do Norte, Mato Grosso, Brasil

²Departamento de Matemática Aplicada, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil

Resumo

Doenças transmitidas por vetores são disseminadas pela fêmea adulta de *Aedes aegypti*. A fim de modelar a dinâmica populacional, utilizamos de uma abordagem estruturada por idade e estágio, que permite investigar o comportamento da dinâmica populacional de *Aedes aegypti* e estimar sua abundância em municípios brasileiros. Existem quatro estágios, correspondentes aos ovos quiescentes, ovos não quiescentes, o estágio de desenvolvimento aquático como larva e pupa, assim como o estágio de fêmea adulta [1].

Modelos populacionais de matriz estruturada em estágios foram adequados para investigar a dinâmica populacional. Uma vantagem desse modelo foi que a estrutura de blocos produz uma matriz esparsa que governa o sistema dinâmico. Em seguida, estudamos as propriedades do modelo enquanto assumimos uma matriz de projeção independente do clima para cada cidade, com base no histórico de temperatura e precipitação, e dados de saneamento básico. Além disso, o modelo populacional de matriz permite calcular um número reprodutivo, que subsidia a análise da dinâmica assintótica da população [3].

Desenvolvemos um modelo para investigar o comportamento da dinâmica populacional de *Aedes aegypti*. Cada coordenada do vetor mosquito representa o número de indivíduos no estágio atual na mesma idade. Consideramos uma matriz de projeção populacional composta por funções de oviposição, transição e mortalidade, que dependem da temperatura média diária ou acumulada, da idade e estágio do indivíduo, bem como da precipitação diária ou acumulada e do saneamento básico de uma cidade. Semelhante a [3], construímos a matriz de projeção, onde $P_t \in \mathbb{R}^{m \times m}$ inclui blocos para as matrizes de transição e fertilidade conforme figura (6.18),

¹luana.bassani@ifmt.edu.br

²ppeixoto@usp.br

$$P_t = \begin{bmatrix} V_t & 0 & 0 & Z_t \\ S_t & X_t & 0 & 0 \\ 0 & W_t & Q_t & 0 \\ 0 & 0 & R_t & U_t \end{bmatrix}. \quad (6.18)$$

Organizamos funções da literatura e usamos experimentos biológicos para modelar e criar novas funções para o desenvolvimento de *Aedes aegypti*. Encontramos funções que envolveram temperatura, precipitação e saneamento [1]. Através de referenciais biológicos de *Aedes aegypti*, bem como dados experimentais, construímos um modelo e comparamos os resultados da simulação com dados reais coletados de armadilhas para mosquitos. As projeções permitiram validar o modelo com correlações significativas, para um período de um ano, que pode ser considerado médio prazo, mas permite a existência de várias gerações de mosquitos.

Com efeito, foi possível estimar a abundância de ovos e fêmeas adultas [1]. Essas variáveis nos permitiram verificar a interferência do clima e do saneamento básico para o desenvolvimento e manutenção da população [1].

A contribuição da abordagem do nosso modelo foi que relacionamos o clima com as características de saneamento da cidade e os estágios biológicos da população de *Aedes aegypti*. O modelo considerou o panorama do saneamento básico como uma saída de um sistema de base de regras *fuzzy*, e usou dos estágios de desenvolvimento que combinam características de ovos quiescentes, além de dados climáticos, temperatura e precipitação em média diária e acumulada.

Essas descobertas propiciaram a construção de um modelo que capturou a dinâmica populacional de cidades em diferentes regiões, calculando o parâmetro relacionado às características de saneamento básico da cidade e a média das precipitações anuais em milímetros. Assim, inserimos o histórico de temperatura e precipitação como entradas, assim como as porcentagens de população atendida com saneamento básico relatadas pelo sistema nacional. Esse modelo pode ser aprimorado usando dados reais coletados, para alimentar as entradas do sistema, e promover alertas de surtos em período de médio prazo.

Infelizmente, os esforços humanos não podem alterar diretamente as chuvas e a temperatura, enquanto o saneamento básico pode ser avaliado e melhorado. Dessa forma, a saúde pública não precisa conviver com um problema, sendo uma alternativa na previsão e prevenção de surtos.

Mentes famosas estudaram maneiras de melhorar a saúde pública por meio de melhorias no saneamento básico [4]. No entanto, no Brasil, os programas de vigilância de *Aedes* são esporádicos. Além disso, o sistema brasileiro de saneamento básico organizou recentemente informações de todos os estados em uma plataforma *online* [5]. Percebemos limitações para previsão, devido à falta de dados. Ainda há dados que contrastam as pequenas cidades das grandes cidades, especialmente ao estudar as regiões Norte e Nordeste.

Ao melhorar serviços de saneamento municipais, sistemas de dados de saneamento online, políticas governamentais, vigilância sanitária e ações humanas, podemos melhorar a saúde pública [5].

Investir em campanhas para coletar dados recentes permite melhorar a previsão futura do modelo, que por sua vez incentiva a detecção de períodos e cidades com potenciais criadouros, para obter alarmes de regiões endêmicas e períodos para intervir. O modelo construído permite acoplar a modelos preditivos de doenças disseminadas por *Aedes aegypti*. Afinal, ao prever a abundância de fêmeas, é possível estudar a dinâmica de transmissão das doenças que elas causam. Por meio da modelagem, avaliamos a flutuação de *Aedes aegypti*, o impacto das melhorias de saneamento necessárias para atingir as metas do Plano Nacional de Saneamento [2] e a importância de coletar dados mensais de regiões endêmicas urbanas, para apoiar campanhas de vigilância contínuas.

Referências

- [1] Bassani, L. T. A matrix population forecasting model for *Aedes aegypti* considering basic sanitation environment, daily weather, and its impact over the dormancy state. (Tese de Doutorado) IME/USP, 2024.
- [2] Brasil. Plansab - Plano Nacional de Saneamento Básico. Ministério do Desenvolvimento Regional, Secretaria Nacional de Saneamento, Brasília, 2019.
- [3] Cushing, J. M. and Yicang, Z. The net reproductive value and stability in matrix population models. *Natural Resource Modeling*, volume 8, number 4, pages 297-333, 1994, doi = 10.1111/j.1939-7445.1994.tb00188.x
- [4] Kone, D. Why focus on water, sanitation, and hygiene?. 2021. Bill & Melinda Gates Foundation <https://www.gatesfoundation.org/our-work/programs/global-growth-and-opportunity/water-sanitation-and-hygiene>. Online. Acessado em 10/08/2023.
- [5] SNSA. Série Histórica - Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento (SNIS). Ministério das Cidades, Secretaria Nacional de Saneamento Ambiental, 2024. Online. Acessado em 25/03/2024, <http://app4.mdr.gov.br/serieHistorica/#>.

Aplicação do Método de Homogeneização Assintótica em um problema de dinâmica populacional, com meio microheterogêneo e microperiódico

Roberto Martins da Silva Decio Junior¹, Leslie Darien Pérez-Fernández², Julián Bravo-Castillero³

³

¹Departamento de Ensino, IFMT Campus São Vicente, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil

²Departamento de Matemática e Estatística, Universidade Federal de Pelotas, Capão do Leão, Rio Grande do Sul, Brasil

³ Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas, Universidad Nacional Autónoma de México, Yucatan, Mexico

Resumo

Em [8] é apresentada a aplicação de um método de homogeneização matemática para resolver um problema de dinâmica populacional considerando um meio fortemente heterogêneo, bifásico, periódico, com separação de escalas, e o modelo de reação-difusão na equação (6.19):

$$\partial_t u^\varepsilon(x, t) = \partial_x [D(x/\varepsilon) \partial_x u^\varepsilon(x, t)] + f^\varepsilon(x, t), \quad (6.19)$$

onde ε é parâmetro pequeno que define a microescala (da heterogeneidade), u^ε é a densidade populacional na posição x e tempo t , D é a mobilidade dos indivíduos (característica do meio) e $f^\varepsilon(x, t)$ contabiliza nascimentos e mortes nessa população. De considerar as alterações espaciais existentes em um meio natural, em uma microescala, esse modelo é acrescido das seguintes condições nos pontos de interface (onde há mudança do meio):

$$D_{i+1} \partial_x u^\varepsilon(x_i^+, t) = D_i \partial_x u^\varepsilon(x_i^-, t) \quad (6.20)$$

$$u^\varepsilon(x_i^+, t) = k_i u^\varepsilon(x_i^-, t), \quad (6.21)$$

onde x_i^+ e x_i^- denotam os limites pela direita e pela esquerda no ponto de interface x_i , e k_i é uma constante que depende dos valores de D_i ($i = 1, 2$) e da probabilidade de deslocamento dos indivíduos na interface, em cada trecho desse meio, respectivamente. Na Equação 6.20, é considerado um fluxo contínuo nos pontos de interface, enquanto que para a densidade, na Equação 6.21, tem-se uma descontinuidade proporcional ao valor da própria densidade na interface.

Modelos recentes de crescimento populacional em ambientes fortemente heterogêneos mostram efeitos interessantes, os quais podem passar despercebidos em modelos que não incorporam os detalhes a nível de uma

¹decio.junior@ifmt.edu.br

²leslie.fernandez@ufpel.edu.br

³julian@mym.iimas.unam.mx

microescala [2]. Uma alternativa para trabalhar com este tipo de modelo é utilizar-se de métodos de homogeneização, dentro os quais, está o Método de Homogeneização Assintótica (MHA) [1]. O MHA considera uma aproximação assintótica da solução exata do problema original, em forma de uma série de potências de ε : $u^\varepsilon(x, t) = v_0(x, t) + \sum_{j=1}^{\infty} \varepsilon^j u_j(x, y, t)$, cujos termos são funções duas vezes continuamente diferenciáveis, e u_j são 1-periódicas em y .

Ao aplicar esta série assintótica no problema original, obtém-se uma sequência recorrente de problemas para os coeficientes das potências de ε , que darão origem a problemas locais cujas soluções serão os termos $u_j(x, y, t)$ da série assintótica, que reproduzem o comportamento local do meio. Ademais, o problema limite com $\varepsilon \rightarrow 0^+$ é o problema referente a um meio homogêneo, fisicamente equivalente ao heterogêneo original, e cuja solução é $v_0(x, t)$, que representa o comportamento macroscópico do meio. O MHA é relevante sobretudo quando o material apresenta microestrutura periódica, e permite estudar fenômenos de diversas naturezas, como pode ser observado nos seguintes trabalhos dos autores [3–7]. Pode ainda ser estendido para casos onde não se tem periodicidade, através do método de dois espaços [6].

Diante do exposto, o presente trabalho tem o objetivo de aplicar o MHA em um problema de dinâmica populacional, baseado no modelo utilizado em [8], acrescido de condições de contorno e iniciais. Para isto, se fez necessário conferir se este problema adequa-se às hipóteses do MHA, principalmente no que se refere à condição de descontinuidade na Equação 6.20. O Lema que garante a existência e unicidade das soluções dos problemas locais, demonstrado em [3], considera uma descontinuidade proporcional ao fluxo na interface, ao contrário da condição do modelo aqui discutido (Equação 6.21).

Para viabilizar esta aplicação do MHA, é necessário provar o referido lema, considerando uma condição análoga à da Equação 6.21, e considerar um meio com quatro fases, já que o coeficiente k_i é diferente para os casos de mudança da fase 1 para a 2, e vice-versa. Assim sendo, o principal resultado deste trabalho é provar um novo Lema que garanta a existência e unicidade de soluções $N(y)$, 1-periódicas, para os problemas locais da aplicação do

MHA no modelo, que terão o seguinte formato:

$$d_y [D(y)d_y N] = 0, \quad y \in (0, 1) \setminus \{c_1, c_2, c_3\} \quad (6.22)$$

$$D_{i+1}d_y N(c_i^+) = D_i d_y N(c_i^-), \quad i = 1, 2, 3 \quad (6.23)$$

$$N(c_i^+) = k_i N(c_i^-), \quad i = 1, 2, 3 \quad (6.24)$$

$$N(0) = 0, \quad (6.25)$$

onde c_1, c_2 e c_3 são os pontos de interface na célula periódica com 4 fases. Com esta demonstração, é possível garantir a obtenção dos coeficientes da assintótica que aproxima a solução original do problema em questão. Sendo assim, conclui-se que tal aplicação do MHA é viável, e deve ser aprofundada, com aperfeiçoamento do modelo (a fim que seja mais realístico) e experimentos numéricos.

Referências

- [1] Bakhvalov, N. e Panasenko, G. *Homogenisation: averaging processes in periodic media*. Kluwer, Dordrecht, 1989.
- [2] Cobbold, C. A.; Lutscher, F.; Yurk, B., Bridging the scale gap: Predicting large-scale population dynamics from small-scale variation in strongly heterogeneous landscapes, *Methods in Ecology and Evolution*, 2022. DOI: 10.1111/2041-210X.13799.
- [3] Decio Junior, R. M. S., Homogeneização matemática de meios unidimensionais microperiódicos lineares e não lineares, Dissertação de Mestrado, PPGMMat/UFPel, 2019.
- [4] Decio Junior, R. M. S.; Pérez-Fernández, L. D. ; Castillero, J. B., Exactness of formal asymptotic solutions of a Dirichlet problem modeling the steady state of functionally-graded microperiodic nonlinear rods, *Jour. of App. Math. And Comp. Mech.*, 2019. DOI: 10.17512/jamcm.2019.3.04.
- [5] Decio Junior, R. M. S.; Pérez-Fernández, L. D. ; Castillero, J. B., Effective Behavior of Nonlinear Microperiodic Composites with Imperfect Contact Via the Asymptotic Homogenization Method, *Trends in Comp. and App. Math.*, 2021. DOI: 10.5540/tcam.2021.022.01.00079.
- [6] Decio Junior, R. M. S.; Cezaro, A. D.; Pérez-Fernández, L. D., Asymptotic Homogenization and Fractional Calculus Applied to Micro-heterogeneous Media Modelling: an Introduction with the Case of a Microperiodic and Linear Functionally Graded Rod, *Vetor*, 2022. DOI: 10.14295/vetor.v32i1.13759.
- [7] Decio Junior, R. M. S.; Cezaro, A. D.; Pérez-Fernández, L. D. Asymptotic homogenization of energy-limited nonlinear microperiodic composites with imperfect interfaces to model failure of masonry structures under uniaxial compression, *Proceedings of the XLV Ibero-Latin-American Congress on Computational Methods in Engineering, ABMEC*, 2024. DOI: 10.55592/cilamce.v6i06.8116.
- [8] Yurk, B. P. e Cobbold, C., Homogenization techniques for population dynamics in strongly heterogeneous landscapes, *Jour. Biological Dynamics*, 2018. DOI: 10.1080/17513758.2017.1410238.

Métodos de Interpolação para Otimização do ContExt no Processamento de Imagens Mamográficas

Neyva Maria Lopes Romeiro¹, Rafael Palheta Tokairin², Rafael Furlanetto Casamaximo³

¹Programa de Pós Graduação em Matemática Aplicada e Computacional - PGMAC/DMA/Uel, Londrina, Paraná, Brasil

²Departamento de Computação - DC/Uel, Londrina, Paraná, Brasil, ³Programa de Pós-graduação em Ciência da Computação- DC/Uel, Londrina, Paraná, Brasil

Resumo

O câncer de mama inclui diversas malignidades nas glândulas mamárias, com os carcinomas sendo os mais comuns e os sarcomas, menos frequentes. A detecção precoce, por meio de programas de triagem, tem aumentado a identificação de casos em todas as faixas etárias, contribuindo significativamente para a redução das taxas de mortalidade, especialmente em mulheres entre 50 e 70 anos [1]. Nesse contexto, este trabalho propõe contribuir para o processamento e análise de imagens mamográficas por meio da integração de métodos de interpolação no *software* **ContExt** [1], que atualmente realiza o processamento e a extração de contornos de imagens, gerando malhas para simulações de métodos numéricos. A mamografia, Figura 6.7, é analisada por meio do *software*, inicialmente, para identificar regiões assimétricas, que podem indicar a presença de lesões que configuram o câncer de mama [4]. Para destacar possíveis lesões, a binarização das imagens foi realizada utilizando as funcionalidades já implementadas no *software*. O processo inicia com o ajuste de brilho e contraste da imagem da mamografia, Figura 6.7(a) e 6.7(b), seguido pela aplicação da técnica de limiarização. Os parâmetros brilho = -70, contraste = 1,506 e limiar = 100, foram utilizados em ambas as imagens, mama direita e esquerda, permitindo realçar características estruturais. As imagens binarizadas, obtidas pela aba *Thresholding* do **ContExt**, são apresentadas nas Figuras 6.8(a) e 6.8(b) e evidenciam a assimetria entre as mamas.

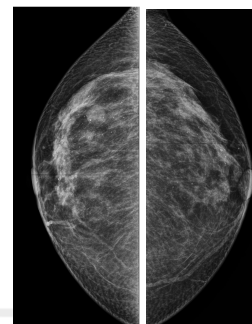


Figure 6.7: Imagens da mamografia: (a) mama direita e (b) mama esquerda.

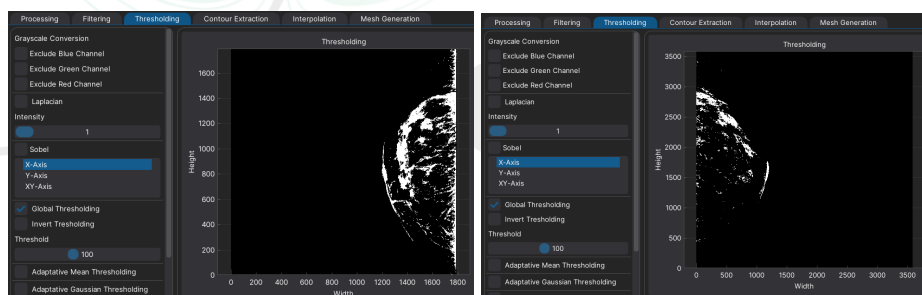


Figure 6.8: Dados utilizados na aba *Thresholding*, após a aplicação da aba *Filtering*: a) mama direita; (b) mama esquerda

Para melhor destacar a assimetria, as imagens foram sobrepostas utilizando técnicas avançadas de manipulação. A mama representada na Figura 6.8(a) foi colorida em vermelho, com 30% de opacidade, enquanto a Figura 6.8(b) foi marcada em azul, com 20% de opacidade. Em seguida, as imagens foram sobrepostas para avaliar as simetrias, conforme demonstrado na Figura 6.9, onde é possível observar tons de vermelho, azul e lilás. O

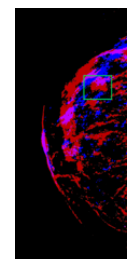


Figure 6.9: Imagens sobrepostas.

¹nromeiro@uel.br

²rafael.tokairin@uel.br

³rafael.furlanetto@uel.br

tom lilás representa as áreas simétricas entre as mamas, enquanto as regiões predominantemente vermelhas ou azuis indicam discrepâncias estruturais. A região destacada pelo retângulo, evidencia uma assimetria significativa, caracterizada pela predominância de tom vermelho, sugerindo uma variação que não ocorre de forma equivalente na outra mama. Essa discrepância pode indicar a presença de uma massa ou alteração suspeita, onde assimetrias em imagens mamográficas podem estar associadas a condições benignas ou patológicas [4].

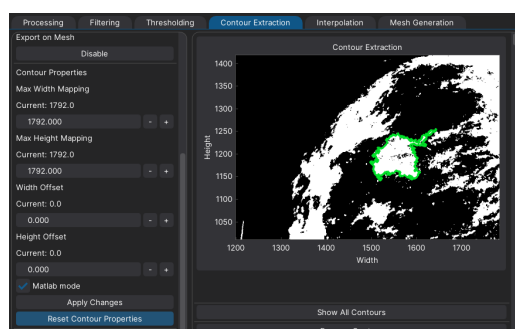


Figure 6.10: Dados utilizados na aba Contour Extraction para a imagem mama CCD, indicando o contorno da lesão.

Por fim, com o auxílio do **ContExt**, foi possível realçar e isolar a região da lesão destacada na Figura 6.9, que foi segmentada utilizando a aba *Contour Extraction*, como ilustrado na Figura 6.10. Observa-se, que a lesão segmentada pelo contorno verde não apresenta simetria, fornecendo informações diagnósticas importantes, já que tumores benignos tendem a ser mais simétricos em comparação aos malignos [6]. Além disso, a área destacada

pelo quadrado verde na Figura 6.9, juntamente com a região segmentada em verde na Figura 6.10, foi submetida à análise de uma médica radiologista, que confirmou a presença da lesão.

Identificada a região da lesão, e com o objetivo de alcançar os propósitos do trabalho, a imagem original da mama direita, Figura 6.7(a), com resolução de 3584x3584 pixels, foi reduzida em duas etapas: primeiramente para 1792x1792 pixels (1/2 da resolução original) e, em seguida, para 896x896 pixels (1/4 da resolução original). Os contornos das imagens com resoluções reduzidas foram submetidas aos métodos de interpolação: Bilinear, Bicúbico, Biquadrático e Spline Cúbica [2], para analisar o impacto de cada um na qualidade dos contornos em diversas escalas de resolução. Técnicas de recuperação de detalhes finos como remoção de nós e o algoritmo Ramer-Douglas-Peucker [3] são exploradas para melhorar a qualidade dos contornos extraídos e para tentar reduzir ruídos. Os resultados demonstram que a redução da resolução das imagens pode otimizar significativamente o tempo de processamento, especialmente ao reduzir para 1/2 da resolução original, onde o tempo de extração dos contornos caiu para 9,17 segundos, mantendo uma perda de apenas 0,60% na área das lesões e preservando a qualidade da informação clínica. No entanto, a redução para 1/4 da resolução resultou em uma perda de 10,63%, comprometendo a precisão na avaliação das lesões e afetando a fidelidade dos contornos extraídos. A análise comparativa entre os métodos de interpolação apresentou desempenhos distintos: enquanto o Bilinear demonstrou maior eficácia na manutenção da taxa de sobreposição, a Spline Cúbica apresentou menor distância média aos pontos originais, destacando-se em termos de precisão estrutural. Os resultados enfatizam a importância de equilibrar a redução de resolução com a manutenção da qualidade necessária para diagnósticos precisos, o que se reflete diretamente no desempenho do método de extração de contornos em diferentes resoluções de imagens de mamografia. Os testes foram realizados em uma máquina com processador i5-12400F, GPU RTX 4060 e 16GB de RAM (6000MHz). A comparação entre os tempos de processamento evidenciou uma troca entre desempenho e qualidade: ao reduzir a resolução para 1/2 e 1/4, o tempo de extração foi drasticamente reduzido, mas à custa de uma perda significativa de detalhes, especialmente na resolução 1/4. Desta forma a inclusão de novas funcionalidades no *software* **ContExt** permitirá o processamento avançado de contornos e malhas computacionais, possibilitando a simulação de modelos matemáticos baseados em equações diferenciais.

Agradecimentos

O segundo autor agradece ao CNPq pelo apoio financeiro concedido para a realização deste estudo.

Referências

- [1] Casamaximo, R. F.; Romeiro, N. M.L.; Silva, P. Z.; Souza, I. P.; Silva, J. T.; Natti, P. L.; Cirilo, E. R. Algorithm for extracting points from images: irregular contours. In: XLII Ibero-Latin American Congress on Computational Methods in Engineering. *Proceedings* v. 3, n. 03, p. 1-7, 2021
- [2] Fadnavis, S. Image Interpolation Techniques in Digital Image Processing: An Overview. *International Journal of Engineering Research and Applications* (IJERA), v. 4, n. 10 (Part -1), p. 70-73, 2014.
- [3] Ramer, U. An iterative procedure for the polygonal approximation of plane curves. *Comput. Graph. Image Process*, v. 1, p. 244-256, 1972. DOI: 10.1016/S0146-664X(72)80017-0
- [4] Sickles, E. A. The spectrum of breast asymmetries: imaging features, work-up, management. *Radiologic Clinics of North America*, v. 45, n. 5, p. 765-771, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rcl.2007.06.002>
- [5] Silva, Instituto. Controle do câncer de mama - Documento de consenso. *Revista Brasileira de Cancerologia*, v. 50, p. 77-90, 2004. DOI: 10.32635/2176-9745.RBC.2004v50n2.2039.
- [6] Yang, W.; Zhang, S.; Chen, Y.; Li, W.; Chen, Y. Shape symmetry analysis of breast tumors on ultrasound images. *Computers in Biology and Medicine*, v. 39, p. 231-238, 2009. DOI: 10.1016/j.compbiomed.2008.12.007.



EncBioMat

Controlabilidade Local para um Modelo de Dinâmica Tumoral

Francis Felix Cordova Puma¹, Ana Luiza Berwanger de Souza²

^{1,2}Departamento de Matemática, Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Blumenau, Santa Catarina, Brasil

Resumo

Analizamos os equilíbrios de um modelo tumoral, que considera a competição celular e o impacto de intervenções externas. Estudamos a controlabilidade para uma perturbação do modelo de R. Gatenby [3]:

$$\begin{cases} \dot{N}_1 &= \alpha N_1 \left(1 - \frac{N_1}{k_1}\right) - \frac{a_{12} \alpha N_1 N_2}{k_1} \\ \dot{N}_2 &= \beta N_2 \left(1 - \frac{N_2}{k_2}\right) - \frac{a_{21} \beta N_1 N_2}{k_2} - u(t). \end{cases} \quad (6.26)$$

N_1 e N_2 representam, respectivamente, as células saudáveis e tumorais, com taxas de crescimento α e β e capacidades de suporte k_1 e k_2 . Os coeficientes a_{12} e a_{21} expressam a competição entre elas. A função $u(t)$ atua como controle externo para reduzir a população tumoral. Investigamos os estados de equilíbrio:

- $E_1 = (0, 0, 0)$.
- $E_2 = (k_1, 0, 0)$.
- $E_3^+(h) = (0, k_2^+(h), h)$, onde $k_2^+(h) = \frac{k_2}{2} + \sqrt{\left(\frac{k_2}{2}\right)^2 - \frac{k_2}{\beta}h}$; $h \in \left[0, \frac{k_2\beta}{4}\right]$.
- $E_3^-(h) = (0, k_2^-(h), h)$, onde $k_2^-(h) = \frac{k_2}{2} - \sqrt{\left(\frac{k_2}{2}\right)^2 - \frac{k_2}{\beta}h}$; $h \in \left(0, \frac{k_2\beta}{4}\right)$.
- $E_4^+(h) = (N_1^+(h), N_2^+(h), h)$, $a_{12} < \frac{k_1}{k_2} < \frac{1}{a_{21}}$ e $h \in \left[0, \frac{\beta(1-a_{12}a_{21})}{4k_2}R_2^2\right]$,
- $E_4^-(h) = (N_1^-(h), N_2^-(h), h)$, $a_{12} < \frac{k_1}{k_2} < \frac{1}{a_{21}}$ e $h \in \left(0, \frac{\beta(1-a_{12}a_{21})}{4k_2}R_2^2\right)$,

onde $N_1^\pm(h) = k_1 - a_{12}N_2^\pm(h)$, $N_2^\pm(h) = \frac{R_2}{2} \pm \sqrt{\left(\frac{R_2}{2}\right)^2 - \frac{k_2h}{\beta(1-a_{12}a_{21})}}$, $R_1 = \frac{k_1 - a_{12}k_2}{1 - a_{12}a_{21}}$ e $R_2 = \frac{k_2 - a_{21}k_1}{1 - a_{12}a_{21}}$.

Controlabilidade Local

Definição. Sejam $f : \mathbb{R}^n \times \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^n$ de classe C^1 e (N^*, h) um estado de equilíbrio de $\dot{N} = f(N, u)$. O sistema é **localmente controlável em torno desse equilíbrio** se, para todo número real $\varepsilon > 0$, existe um número real $\eta > 0$ tal que, para todo $a \in B_\eta(N^*) := \{N \in \mathbb{R}^n; |N - N^*| < \eta\}$ e para todo $b \in B_\eta(N^*)$, existe uma função mensurável e essencialmente limitada $u_{ab} : [0, \varepsilon] \rightarrow \mathbb{R}$ tal que $\|u_{ab} - h\|_\infty \leq \varepsilon$ e

$$(\dot{N} = f(N, u_{ab}), N(0) = a) \implies (N(\varepsilon) = b).$$

Teorema. Seja (N^*, u^*) um equilíbrio do sistema de controle $\dot{N} = f(N, u)$. O sistema em questão será localmente controlável em torno de (N^*, u^*) se as matrizes $A = \frac{\partial f}{\partial N}(N^*, u^*)$ e $B = \frac{\partial f}{\partial u}(N^*, u^*)$ satisfazem:

$$\det [B \ AB \ A^2B \ \dots \ A^{n-1}B] \neq 0. \quad (6.27)$$

Resultados

1. O Sistema (6.26) é localmente controlável em torno de $(k_1, 0, 0)$.

¹francis.cordova@ufsc.br

²ana.berwangerdesouza@gmail.com

- 2. O Sistema (6.26) é localmente controlável em torno de $(N_1^+(h), N_2^+(h), h), h \in \left[0, \frac{\beta(1-a_{12}a_{21})}{4k_2}R_2^2\right]$.
- 3. O Sistema (6.26) é localmente controlável em torno de $(N_1^-(h), N_2^-(h), h), h \in \left(0, \frac{\beta(1-a_{12}a_{21})}{4k_2}R_2^2\right)$.
- 4. Para o Sistema (6.26) com $u(t) \equiv 0$, que representa um câncer não tratado, analisamos a estabilidade no equilíbrio (N_1^*, N_2^*) e confrontamos com o correspondente equilíbrio de controlabilidade $(N_1^*, N_2^*, 0)$:

Table 6.1: Propriedades locais do Modelo de Gatenby.

$\frac{1}{a_{21}} < \frac{k_1}{k_2} < a_{12}$	Equilíbrio	Estabilidade	Controlabilidade
biologicamente improvável	$(0, 0, 0)$	Fonte / Instável	—
paciente completamente curado	$(k_1, 0, 0)$	Assintoticamente estável	localmente controlável
paciente viria à óbito	$(0, k_2, 0)$	Assintoticamente estável	—
coexistência com câncer	$(R_1, R_2, 0)$	Sela/Instável	localmente controlável

Referências

[1] Baumeister, J. e Leitao, A. *Introdução à teoria de controle e programação dinâmica*. Instituto Nacional de Matemática Pura e Aplicada, 2014. ISBN: 978-85-255-0271-5.

[2] Berwanger A. L. S. e Cordova, F. F. P. Teoria de controle aplicada a modelos matemáticos de câncer e quimioterapia, Trabalho de conclusão de Curso, UFSC, 2024.

[3] Gatenby R. A. Application of competition theory to tumour growth: implications for tumour biology and treatment. *European Journal of Cancer*. 1996. DOI: 10.1016/0959-8049(95)00658-3.

[4] Cordova, F. F. P. e Henarejos, A. W. Controlabilidade local para um modelo Lotka-Volterra. *REMAT: Revista Eletrônica da Matemática* 10.1, 2024. DOI: <https://doi.org/10.35819/remat2024v10i1id6923>.

[5] Sontag, E. D. *Mathematical control theory: deterministic finite dimensional systems*. Vol. 6. Springer Science - Business Media, 2013. DOI 10.1007/978-1-4612-0577-7.

Modelagem de taxa de parasitismo de *Drosophila suzukii* (Diptera: Drosophilidae) por *Trichopria anastrephae* (Hymenoptera: Diapriidae) e análise da distribuição de probabilidade

Pollyane Vieira da Silva¹, Alexandre Molter², Dori Edson Nava³

^{1,2}Departamento de Matemática e Estatística, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

³EMBRAPA Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

Resumo A drosófila-de-asas-manchadas, *Drosophila suzukii* (Matsumura, 1931), é uma praga de grande impacto econômico, atacando frutas de casca fina. O seu controle tem sido predominantemente realizado por métodos químicos. Contudo, visando alternativas de manejo mais sustentáveis e ecologicamente responsáveis, o endoparasitoide pupal *Trichopria anastrephae* destaca-se como promissor agente de controle biológico [3].

Este estudo tem como objetivo analisar a taxa de parasitismo de *D. suzukii* por *T. anastrephae* e a sua distribuição de probabilidade utilizando modelos não lineares. Para isso, serão comparadas três distribuições de probabilidade Log-normal, Gamma e Weibull a fim de identificar qual melhor descreve a distribuição da taxa de parasitismo.

Os dados utilizados no trabalho foram obtidos de [3]. Os autores realizaram um experimento onde avaliaram o efeito da densidade de pupas de *D. suzukii* sobre o parasitismo de *T. anastrephae*. Para tal, os parasitoides foram mantidos em gaiolas contendo diferentes quantidades de pupas de *D. suzukii* (5, 10, 15, 20, 25, 30 e 35 pupas) de 24h de idade. O parasitismo foi permitido por 24h durante 25 dias consecutivos. O experimento foi analisado em um delineamento inteiramente casualizado e foi avaliado o número de parasitoide emergidos.

A resposta funcional utilizada para representar o parasitismo é do tipo Holling II [1]. Já para descrever a taxa de parasitismo em função da densidade de hospedeiros, foram ajustados três modelos: Gamma, Log-normal e Weibull. O ajuste dos modelos foi realizado utilizando regressão não linear por mínimos quadrados, implementada na função `nls()` do *software* R [2]. Para atingir o nível máximo de parasitismo foi incluído o ponto (0, 1; 0,01) na análise. A qualidade do ajuste dos modelos foi avaliada pelos seguintes critérios estatísticos: AIC (Akaike Information Criterion), BIC (Bayesian Information Criterion) e Desvio Padrão Residual (DPR).

¹pollyane.silva@ufpel.edu.br

²alexandre.molter@ufpel.edu.br

³dori.edson-nava@embrapa.br

Table 6.2: Estimativas dos parâmetros e avaliadores da qualidade do ajuste para os modelos Gamma, Log-normal e Weibull para a taxa de parasitismo de *Trichopria anastrephae* em pupas de *Drosophila suzukii*.

Modelo	Parâmetro	Estimativa	AIC	BIC	DPR
Gamma	$\hat{\alpha}$	1,5676	-17,6887	-17,3709	0,0516
	$\hat{\beta}$	0,0547			
Log-normal	$\hat{\mu}$	4,3178	-44,0693	-43,7515	0,0099
	$\hat{\sigma}$	1,5376			
Weibull	$\hat{\beta}$	1,4259	-13,0710	-12,7532	0,0688
	$\hat{\delta}$	27,0933			

Os resultados apresentados na Tabela 1 mostraram que o modelo Log-normal foi o que melhor se ajustou aos dados de parasitismo de *T. anastrephae* em pupas de *D. suzukii*, conforme indicado pelos avaliadores de qualidade de ajuste AIC, BIC e DPR. O valor de $\hat{\mu} = 4,3178$ indica que a média do logaritmo da taxa de parasitismo é 4,3178. Em escala original, isso corresponde a $e^{4,3178} \approx 75,0$, que pode ser interpretado como a taxa média esperada de parasitismo em uma densidade de hospedeiros típica. O valor de $\hat{\sigma} = 1,5376$ indica a variabilidade do logaritmo da taxa de parasitismo em torno da média. A Figura 1 ilustra (a) a resposta funcional do parasitismo e (b) as curvas ajustadas para os três modelos em estudo.

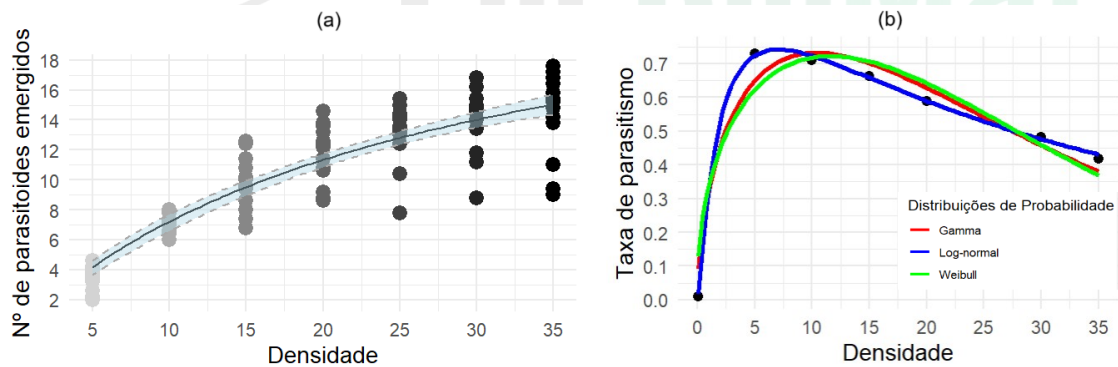


Figure 6.11: (a) Resposta funcional do parasitismo, com taxa de ataque de $0,9958\text{dia}^{-1}$ e tempo de manuseio de $0,0377\text{dia}$ e (b) Dados observados de fêmeas de *T. anastrephae* expostas a pupas de *D. suzukii* e os ajustes dos modelos Gamma, Log-normal e Weibull. Fonte: Elaborada pelos autores.

O modelo Log-normal foi o mais adequado para descrever a taxa de parasitismo de *T. anastrephae* expostas a pupas de *D. sukii*. As estimativas dos parâmetros μ e σ indicam que a taxa de parasitismo varia exponencialmente com a densidade de hospedeiros, com uma média central alta e uma variabilidade significativa.

Agradecimentos

Os autores agradecem à FAPERGS pelo apoio financeiro.

Referências

- [1] Holling, C. S. Some characteristics of simple types of predation and parasitism. *Can. Entomol.* 91, 385398, 1959.
- [2] R Core Team. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org>.
- [3] Vieira, J. G. A., Krüger, A. P., Scheuneumann, T., Speriogin, H. J., Garcia, F. R. M., Nava, D. E., Bernardi, D. Some aspects of the biology of *Trichopria anastrephae* (Hymenoptera: Diapriidae), a resident parasitoid attacking *Drosophila sukii* (Diptera: Drosophilidae) in Brazil. *Journal of Economic Entomology*, v. 113, n. 1, p. 81-87, 2020.

Soluções Fuzzy para modelos de crescimento populacional de machos albinos de tilápias do Nilo

Diogo Sampaio da Silva¹, Roberto Antonio Cordeiro Prata²,

^{1,2}Departamento de Matemática, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Amazonas, Brasil

Resumo

Equações diferenciais já constituem um campo de estudo amplamente explorado e com diversas aplicações, inclusive a Biologia. Um tópico de investigação mais recente é o de Equações Diferenciais Fuzzy [4]. Isto se dá pois a matemática Fuzzy surgiu em 1965, com o trabalho de Zadeh, que introduziu os conjuntos fuzzy, suas operações, e principalmente, o Princípio da Extensão de Zadeh, que estende funções entre conjuntos clássicos para funções que relacionam conjuntos fuzzy [7].

Isto ocorre pois os modelos clássicos são comumente determinísticos, isto é, para cada variável corresponde apenas um valor resultante, sem indicar qualquer tipo de incerteza ou variação esperada em torno do resultado. Tais incertezas e variações ocorrem naturalmente, por razões como aleatoriedade inerente ao fenômeno estudado, imprecisões nas medições, e até o simples fato de modelos abstraírem processos e fenômenos considerados pouco importantes para o modelo, mas com influência nos possíveis resultados [5].

Formalmente, um subconjunto fuzzy A de um conjunto clássico U é identificado como uma função φ_A que associa cada elemento de U a um número no intervalo $[0, 1]$, que representa o grau de pertencimento do elemento ao subconjunto fuzzy, sendo 0 para não pertencimento e 1 para pertencimento. Se U é um espaço topológico, podemos definir os α -níveis de um subconjunto fuzzy A , para $\alpha \in [0, 1]$. Se $\alpha > 0$, então definimos

$$[A]^\alpha = \{x \in U; \varphi_A(x) \geq \alpha\}, \quad (6.28)$$

e se $\alpha = 0$, então

$$[A]^0 = \overline{\{x \in U; \varphi_A(x) > 0\}}. \quad (6.29)$$

Um número fuzzy é um subconjunto fuzzy de \mathbb{R} de modo que todos seus α -níveis são intervalos compactos não vazios. Uma propriedade essencial é o fato de um número fuzzy poder ser identificado como uma coleção de intervalos compactos encaixantes, indexados no intervalo $[0, 1]$. Isto permite que sua aritmética possa ser expressa por meio da aritmética intervalar [2, 4].

¹diogo.sampaio@ufam.edu.br

²praroberto@ufam.edu.br

Em um artigo recente, foram comparados os modelos de crescimento populacional de Gompertz, Verhulst e de Von Bertalanffy para estimar o melhor modelo matemático que representa o crescimento linear de machos albinos da tilápia do Nilo [4]. Constatou-se que o modelo de Von Bertalanffy pode ser considerado como o mais adequado para descrever o crescimento médio dos exemplares analisados a partir de um experimento previamente conduzido pelo Centro de Pesquisas Ictiológicas Rodolpho Von Ihering, o qual está situado no município de Pentecostes no Ceará [1].

Estudamos, através dos dados observados, soluções fuzzy via Princípio da Extensão de Zadeh para os modelos apresentados. Assim, para expandir as soluções clássicas considerando os possíveis desvios dos modelos de Gompertz, Verhulst e de Von Bertalanffy, nossa abordagem consiste em associar a cada instante t , um número fuzzy, de modo a obter uma função cujo gráfico inclua o gráfico da solução original, mas também outros possíveis resultados antes não considerados, resultantes da incerteza em algum parâmetro, especialmente os dados empíricos que não coincidem com a solução clássica. Através dos dados presentes em [4], obtivemos soluções para os modelos baseadas nos dados experimentais, apresentadas na Tabela 7.1.

Nas soluções já apresentadas na literatura, os parâmetros adotados nas equações têm os seguintes significados: $l(t)$ caracteriza o valor do comprimento (cm) em função do tempo (meses), e assim $l_0 = l(0)$ é comprimento inicial; l_∞ é o valor assintótico do comprimento do peixe em centímetros; B significa uma constante de integração que envolve os valores do comprimento e o l_∞ , somente para Verhulst e von Bertalanffy; k mensura a taxa exponencial de aproximação ao valor assintótico, isto é, o índice de precocidade do animal, ou seja, quanto maior o índice, mais rápido amadurece sexualmente o peixe.

Em nossas soluções Fuzzy, substituímos em cada solução determinística da Tabela 7.1, isto é, a solução clássica com os dados obtidos, uma substituição de um dos parâmetros por um número fuzzy, mais especialmente um número fuzzy triangular centrado no valor obtido para o parâmetro e com raio que inclua desvios de até uma casa decimal, e utilizamos a Extensão de Zadeh na solução. No modelo de Gompertz, estendemos o comprimento inicial l_0 por meio do número fuzzy triangular $\hat{l} = [10, 9; 11; 11, 1]$. Como os modelos de Verhulst e von Bertalanffy não apresentam o parâmetro l_0 em suas soluções, estendemos o parâmetro B em cada um por meio do número

fuzzy triangular $\hat{B}_1 = [1, 181; 1, 182; 1, 183]$ para o modelo de Verhulst e $\hat{B}_2 = [0, 693; 0, 694; 0, 695]$ para o modelo de Verhulst von Bertalanffy.

Table 6.3: Soluções para os modelos.

Modelos	Solução Geral	Solução Determinística	Solução Fuzzy
Gompertz	$l(t) = l_{\infty} \left(\frac{l_0}{l_{\infty}} \right)^{e^{-kt}}$	$l(t) = 30,89 \cdot (0,356)^{e^{-0,310t}}$	$l(t) = 30,89 \cdot \left(\frac{\hat{l}}{30,89} \right)^{e^{-0,31t}}$
Verhulst	$l(t) = l_{\infty} (1 + Be^{-kt})^{-1}$	$l(t) = \frac{30,59}{1 + 1,812e^{-0,444t}}$	$l(t) = \frac{30,59}{1 + \hat{B}_1 e^{-0,444t}}$
von Bertalanffy	$l(t) = l_{\infty} (1 - Be^{-kt})$	$l(t) = 36,309 (1 - 0,694e^{-0,161t})$	$l(t) = 36,309 (1 - \hat{B}_2 e^{-0,161t})$

Em estudos posteriores, resta averiguar se as soluções fuzzy incluem todos os dados empíricos, e se o modelo de von Bertalanffy continua sendo o mais adequado, verificando se os pares da forma $(t, l(t))$ obtidos estão incluídos no gráfico das soluções fuzzy.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Referências

- [1] Araújo, J., e Márquez, R. Modelos de Von Bertalanffy e Gompertz para descrever os Parâmetros de Tamanho e Peso Médio de Tilápias. *Cadernos Do IME - Série Matemática*, 2(20): 41–50, 2008. DOI: 10.12957/cadmat.2008.11849.
- [2] Barros, L. C., Bassanezi, R. C. e Lodwick, W. A. A First Course in Fuzzy Logic, Fuzzy Dynamical Systems, and Biomathematics. In *Studies in Fuzziness and Soft Computing*. Springer, 2016. ISSN: 1434-9922.
- [3] Gomes, L. T., Barros, L. C. e Bede, B. Fuzzy differential equation in various approaches. In *SpringerBriefs in Mathematics*. SBMAC- Springer, 2015. ISSN: 2191-8198.
- [4] Trindade, W. e Prata R. A. C. Análise dos modelos Gompertz, Verhulst e de Von Bertalanffy para o crescimento linear dos machos albinos da tilápia do Nilo, *REMAT: Revista Eletrônica da Matemática*, 10: e3008, 2024. DOI: 10.35819/remat2024v10i1id6762.
- [5] Uusitalo, L., Lehtikoinen A., Helle I. e Myrberg K. An overview of methods to evaluate uncertainty of deterministic models in decision support, *Environmental Modelling & Software*, 63: 24–31, 2015. DOI: 10.1016/j.envsoft.2014.09.017.
- [6] Zadeh, L. A. Fuzzy sets, *Information and Control*, 3:338–353, 1965. DOI:10.1016/S0019-9958(65)90241-X.

Modelagem da dinâmica populacional espacial do mosquito *Aedes aegypti*

Raphael Cascelli dos Santos Souza¹, Pedro Henrique Gasparetto Lugão², Monalisa Reis da Silva³, Grigori Chapiro⁴

¹Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil

²Centro Federal de Educação Tecnológica Celso Suckow da Fonseca - Campus Petrópolis, Petrópolis, Rio de Janeiro, Brasil

³Instituto Federal do Sudeste de Minas Gerais - Campus Santos Dumont, Santos Dumont, Minas Gerais, Brasil

⁴Departamento de Matemática, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil

Resumo

O mosquito *Aedes aegypti*, principal vetor de doenças como dengue, Zika, chikungunya e febre amarela, requer modelos matemáticos precisos para compreender sua dinâmica populacional em regiões endêmicas. Embora diversos modelos tenham sido propostos para descrever sua dispersão espacial e técnicas de controle, como a liberação de machos geneticamente modificados ou aplicação de inseticidas, como visto em [2, 3], muitos enfrentam desafios, como a dependência de parâmetros de difícil medição ou complexidades matemáticas que limitam sua aplicação prática.

Neste sentido, apresentaremos um modelo baseado em Equações Diferenciais Parciais (EDPs) estendendo abordagens anteriores, em [5]. A modelagem por EDPs permite a inclusão de elementos do ambiente urbano, como parques, ruas e áreas residenciais, sendo capaz de prever uma possível interação entre áreas urbanas e a dinâmica populacional espacial do mosquito, tornando as simulações mais realistas e representativas. Neste trabalho, apresentamos avanços recentes nessa direção, vistos em [4], e discutiremos como a integração de mudanças climáticas no modelo, como em [1], permite analisar o impacto a longo prazo das alterações ambientais na dinâmica populacional do vetor, contribuindo para estratégias de controle mais eficazes.

Agradecimentos

Grigori Chapiro recebeu apoio parcial de CNPq 306970/2022-8; 405366/2021-3 e FAPEMIG APQ-00405-21.

Referências

- [1] Lugão, P. H. Modelagem e simulação da dinâmica populacional do mosquito *Aedes aegypti*, Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Juiz de Fora, 2020.
- [2] Silva, M. R., Lugão, P. H. G. and Chapiro, G. Modeling and simulation of the spatial population dynamics of the *Aedes aegypti* mosquito with an insecticide application, *Parasites & Vectors*, 13:550, 2020. DOI:10.1186/s13071-020-04426-2.
- [3] Silva, M. R., Lugão, P. H. G., Prezoto, F. and Chapiro, G. Modeling the impact of genetically modified male mosquitoes in the spatial population dynamics of *Aedes aegypti*, *Scientific Reports*, 12:9112, 2022. DOI:10.1038/s41598-022-12764-7.

¹raphael.cascelli@estudante.ufjf.br

²pedrogasparetto@ymail.com

³monalisa.silva@ifsudestemg.edu.br

⁴grigori@ice.ufjf.br

- [4] Silva, M.R. Modelagem de técnicas de controle populacional do mosquito *Aedes aegypti*, Tese de Doutorado, Universidade Federal de Juiz de Fora, 2022.
- [5] Yamashita, W. M. S., Das, S. S. and Chapiro, G. Numerical modeling of mosquito population dynamics of *Aedes aegypti*, *Parasites & Vectors*, 11:245, 2018. DOI:10.1186/s13071-018-2829-1.



Estratégias de controle populacional por liberação impulsiva em espécies competidoras

Jéssica C.S. Alves¹, Christian E. Schaerer², Sergio M. Oliva³

^{1,3}Universidade de São Paulo, Instituto de Matemática e Estatística, Departamento de Matemática Aplicada, São Paulo, SP, Brasil.

²Universidade Nacional de Asunción, Escola Politécnica, Campus UNA, San Lorenzo, Central, Paraguay.

Resumo

O controle de populações em ecossistemas torna-se particularmente relevante quando uma espécie começa a se reproduzir sem controle, ameaçando o equilíbrio ecológico. Esse problema é ainda mais significativo quando múltiplas espécies competem por recursos limitados, o que pode levar à exclusão competitiva, na qual apenas uma delas prevalece a longo prazo [6].

Diversas estratégias são empregadas para gerenciar essas dinâmicas, incluindo métodos químicos [5], mecânicos e biológicos [3]. Outra abordagem comum é a introdução de uma nova espécie, S_2 , em um ambiente previamente ocupado por S_1 , com o objetivo de regular ou reduzir sua população. Entre essas estratégias, a introdução de uma espécie competidora se destaca como uma alternativa promissora, pois aproveita interações ecológicas naturais para promover um controle sustentável da população-alvo [1].

Neste trabalho, adaptamos um modelo de interação entre duas espécies [4] para representar a competição entre S_1 e S_2 , incorporando liberações impulsivas de S_2 . Diferente dos modelos contínuos, que assumem a introdução constante de novos indivíduos, a abordagem impulsiva reflete melhor a realidade prática, considerando restrições logísticas e operacionais. A formulação utilizada neste estudo é resultante da nossa abordagem em [2], em que analisamos as dinâmicas populacionais sob intervenções impulsivas. Nosso objetivo é determinar as condições que asseguram a fixação de S_2 e analisar seu impacto na regulação da população de S_1 , investigando a eficácia das liberações periódicas como uma estratégia viável e sustentável. O sistema resultante, modelado por equações diferenciais impulsivas abaixo, possibilita a avaliação dos critérios necessários para a persistência de S_2 na região alvo e seu efeito sobre a dinâmica populacional de S_1 .

$$\begin{cases} \frac{dS_1}{dt} = S_1 \left(\psi_1 - \frac{r_1}{K_1} (S_1 + S_2) \right) \left(\frac{S_1}{K_0} - 1 \right) - \delta_1 S_1, \\ \frac{dS_2}{dt} = S_2 \left(\psi_2 - \frac{r_2}{K_2} (S_1 + S_2) \right) - \delta_2 S_2, \end{cases} \quad \text{se } t \neq k\tau, k \geq 0 \quad (6.30a)$$

$$\begin{cases} S_1(t^+) = S_1(t), \\ S_2(t^+) = S_2(t) + u_k, \end{cases} \quad \text{se } t = k\tau, k \geq 0, \quad (6.30b)$$

com condições iniciais não negativas e parâmetros positivos, em que $S_1(t)$ e $S_2(t)$ representam duas espécies competindo ao longo do tempo t .

Neste sistema de equações diferenciais impulsivas, a liberação de S_2 ocorre em instantes de tempo $t = k\tau$, com intensidade $u_k \in U$. Na prática, u_k é limitado pela disponibilidade de indivíduos de S_2 , de modo que o conjunto de possíveis liberações é dado por $U := \{0 \leq u_k \leq u_{\max}, | k \geq 0\}$, sendo que $u_{\max} \geq 0$ representa o número máximo de indivíduos que podem ser introduzidos em um dado instante. A população de S_1 imediatamente após a k -ésima liberação é dada por $S_1(k\tau^+) = \lim_{\varepsilon \rightarrow 0^+} S_1(k\tau + \varepsilon)$.

¹alvesj@ime.usp.br

²cschaer@pol.una.py

³soliva@usp.br

Além disso, assumimos que a espécie S_1 possui uma maior capacidade de sobrevivência em comparação com S_2 , ou seja, $\psi_2 < \psi_1$, $\delta_2 > \delta_1$ e $r_2 < r_1$.

Considerando o modelo de equações diferenciais impulsivas, investigamos a existência, unicidade, positividade e limitação das soluções. Além disso, analisamos o cenário de eliminação da espécie S_1 , representado pela solução $(0, \bar{S}_2)$, examinando sua estabilidade local e estabelecendo condições para sua estabilidade global. Com base nessas condições, derivamos um critério de suficiência para a quantidade mínima de indivíduos de S_2 que deve ser introduzida no ambiente a cada período τ a fim de garantir a eliminação de S_1 e a fixação de S_2 na população.

A seguir, apresentamos duas simulações que ilustram o impacto da introdução da população S_2 no ambiente. Na primeira imagem, a quantidade introduzida é insuficiente para garantir a eliminação da população S_1 , resultando em sua persistência na população. Já na segunda imagem, as condições do critério de suficiência são atendidas, levando à eliminação de S_1 e à fixação de S_2 .

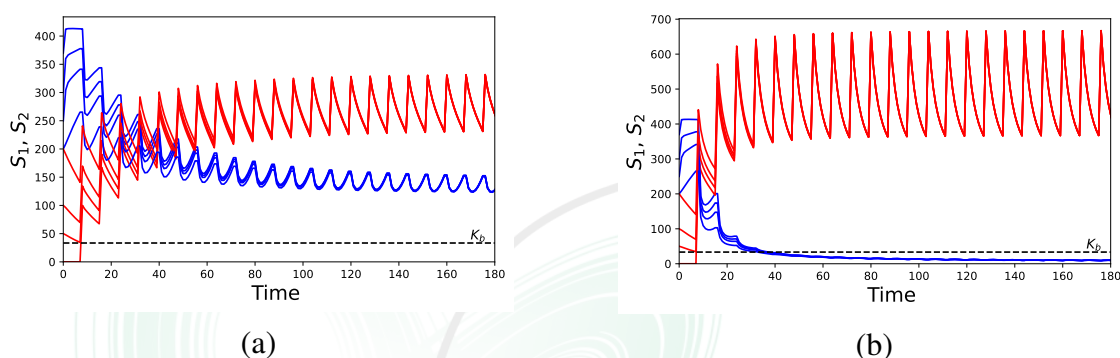


Figure 6.12: Solução impulsiva do modelo (6.30a)-(6.30b) para diferentes condições iniciais, com $\tau = 7$. A dinâmica de S_1 (azul) e S_2 (vermelho) é apresentada para dois cenários: em (a), a quantidade liberada é $u_k = 100$, enquanto em (b), $u_k = 300$.

Agradecimentos

J.C.S.A agradece à CAPES - Código de Financiamento 001.

Referências

- [1] Almeida L., Duprez M.G., Privat Y., Vauchelet N. Mosquito population control strategies for fighting against arboviruses. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 16(6):6274-6297. DOI: 10.3934/mbe.2019313.
- [2] Alves, J. C.S., Oliva, S. M., Schaerer, C. E., Optimizing Impulsive Releases in Species Competition Models. *arXiv preprint*, 2025. DOI: 10.48550/arXiv.2502.01879.
- [3] Barbosa, S., Kay, K., Chitnis, N., Hastings, I.M. Modelling the impact of insecticide-based control interventions on the evolution of insecticide resistance and disease transmission. *Parasites Vectors*, 11(482): 1-21, 2018. DOI: 10.1186/s13071-018-3025-z.
- [4] Campo-Duarte, D. E., Cardona-Salgado, D., Vasilieva, O. Establishing wMelPop Wolbachia infection among wild *Aedes aegypti* females by optimal control approach, *Applied Mathematics & Information Sciences*, 11(4):10111027, 2017. DOI:10.18576/amis/110408.
- [5] Carson, J., Erriah, B., Herodotou, S., Shtukenberg, A. G., Smith, L., Ryazanskaya, S., Ward, M. D., Kahr, B., Lees, R. S. Overcoming insecticide resistance in *Anopheles* mosquitoes by using faster-acting solid forms of deltamethrin. *Malaria Journal*, 22, 129, 2023. DOI: 10.1186/s12936-023-04554-x.
- [6] Holt, R.D. *Species Coexistence - Reference Module in Life Sciences*. Elsevier, 2017.

Dinâmica do replicador dependente de predadores ou um modelo presa-predador com dois tipos de presas e dependência da frequência

Armando G. M. Neves¹, Henrique Marques Cruz²

^{1,2}Departamento de Matemática, Universidade Federal de Minas Gerais, Brasil

Resumo

A dinâmica do replicador [3] é a dinâmica padrão para a Teoria de Jogos Evolutiva [2]. Ela se baseia em uma *matriz de pagamento* que determina, para os diversos tipos de indivíduos que compõem uma população, aptidões que dependem da *frequência* populacional desses tipos. Tipos que possuem aptidão acima da aptidão média da população têm sua frequência populacional aumentada, enquanto tipos com aptidão abaixo da média diminuem sua frequência.

Braga e Wardil [1] introduziram um modelo populacional determinístico para duas espécies de presas e uma espécie de predadores baseado em *duas* matrizes de pagamento, uma para a reprodução das presas e outra para a relação dessas com os predadores. As equações que definem o modelo são

$$\begin{cases} \frac{dA}{dt} = \left(\frac{aA+bB}{A+B} - \frac{A+B}{K} - \frac{a'A+b'B}{A+B}Y \right) A \\ \frac{dB}{dt} = \left(\frac{cA+dB}{A+B} - \frac{A+B}{K} - \frac{c'A+d'B}{A+B}Y \right) B \\ \frac{dY}{dt} = \left(-\beta + \gamma \frac{a'A+b'B}{A+B}A + \gamma \frac{c'A+d'B}{A+B}B \right) Y \end{cases} \quad (6.31)$$

$A(t)$, $B(t)$ e $Y(t)$ são respectivamente as populações no tempo t das duas espécies de presas e dos predadores. Todos os parâmetros são positivos, sendo β a taxa de mortalidade dos predadores na ausência de presas e γ uma taxa de eficiência dos predadores. As matrizes de pagamento, também com elementos positivos, são

$$\text{Reprodução: } \begin{bmatrix} a & b \\ c & d \end{bmatrix}, \quad \text{Predação: } \begin{bmatrix} a' & b' \\ c' & d' \end{bmatrix}.$$

Finalmente, o parâmetro K regula a capacidade de suporte para os dois tipos de presas. Na ausência de predadores e presas do tipo B , a população de equilíbrio das presas A é igual a Ka . Similarmente, a capacidade de suporte para as presas do tipo B é Kd .

Braga e Wardil mostraram que é possível entender o modelo como uma dinâmica do replicador em que as entradas de uma única matriz de pagamento dependem da população de predadores, o que explica o título do artigo por eles publicado. A justificativa para o modelo, segundo seus autores, é a de entender espécies como o pavão, em que as cores fortes e o grande tamanho das caudas dos machos são, ao mesmo tempo, uma vantagem na disputa pelas fêmeas e uma desvantagem, pois tendem a atrair os predadores.

Na dinâmica do replicador usual para dois tipos de indivíduos (A e B) há quatro cenários dinâmicos possíveis: dominação de A , dominação de B , codominância e coexistência estável de A e B . No modelo de Braga e Wardil, como são duas as matrizes de pagamento, o número de cenários dinâmicos possíveis é 4^2 , o que confere ao modelo uma grande riqueza de comportamentos possíveis.

Neste trabalho, vamos mostrar que, além de uma dinâmica do replicador dependente de predadores, o modelo pode ser visto de forma complementar como um modelo Lotka-Volterra

¹aneves@mat.ufmg.br

²henriquemarquescruz766@gmail.com

presa-predador com um único tipo de presas, *limitação logística* para o crescimento da população total de presas, e coeficientes de reprodução e predação *dependentes da frequência* populacional dos tipos de presas.

O parâmetro K possui um papel especial. Ao variá-lo, dependendo de qual dos 16 cenários é determinado pelas matrizes de pagamento, encontramos interessantes sequências de bifurcações. Tipicamente, para valores pequenos de K , os predadores são levados à extinção por falta de presas, mas aumentando K podemos passar por regiões de coexistência dos predadores com somente um dos dois tipos de presas, ou coexistência assintoticamente estável dos três tipos. Em alguns cenários, a coexistência estável dos três tipos não é possível. Aparentemente existem também ciclos limites estáveis: soluções periódicas não constantes com coexistência estável dos três tipos de indivíduos.

Nosso objetivo é o de realizar uma exposição do modelo, exemplificar algumas de suas soluções e enunciar resultados rigorosos sobre a existência de equilíbrios positivos e sua estabilidade ou instabilidade. Particularmente, descrevemos condições para a existência – em alguns dos cenários – de equilíbrios com os três tipos de indivíduos. Mostraremos ainda as dificuldades para obter resultados mais gerais além dos cálculos numéricos.

Agradecimentos

AGMN é parcialmente apoiado pelo Edital Universal da Fapemig APQ-01784-22. HMC possui bolsa de Iniciação Científica pelo PIBIC/CNPq.

Referências

- [1] Braga, I. e Wardil, L. The predator-dependent replicator dynamics, *J. Phys. A: Math. Theor.* 55 (2022) 025601, DOI:10.1088/1751-8121/ac40e4.
- [2] Hofbauer, J. e Sigmund, K. *Evolutionary Games and Population Dynamics*. Cambridge University Press, Cambridge, 1998.
- [3] Taylor, P. D. e Jonker, L. Evolutionary stable strategies and game dynamics. *Math. Biosci.* (1978), 40:145–156, DOI: 10.1016/0025-5564(78)90077-9.

EncBioMat

Modelagem matemática do parasitismo da mosca-das-frutas *Anastrepha fraterculus* por *Doryctobracon brasiliensis*

Matheus Moro Moutinho¹, Alexandre Molter², Dori Edson Nava³

^{1,2}Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática (PPGMMat/UFPEL), Pelotas, RS, Brasil

³Embrapa Clima Temperado Pelotas, RS, Brasil

Resumo

A mosca-das-frutas sul-americana, *Anastrepha fraterculus* (Wiedemann, 1830)(Diptera, Tephritidae) é considerada a principal praga da fruticultura de clima temperado e sub-tropical. Atualmente está entre as espécies que mais atenção tem recebido pelo impacto negativo que causam na produção e comercialização de frutos. O parasitoide *Doryctobracon brasiliensis* (Szepligeti, 1911) (Hymenoptera, Braconidae) é uma das espécies promissoras para o controle biológico aplicado desta praga, e utiliza larvas como hospedeiro para sua multiplicação. O entendimento detalhado da interação entre *A. fraterculus* e seu parasitoide é fundamental para prever o comportamento populacional e desenvolver estratégias visando o controle biológico. Assim, a modelagem matemática no estudo do parasitismo é uma ferramenta essencial para compreender esta dinâmica.

O objetivo deste trabalho é propor um modelo matemático para descrever a interação entre *A. fraterculus* e *D. brasiliensis*. O modelo proposto consiste em um sistema hospedeiro-parasitoide, com três equações diferenciais ordinárias.

As populações consideradas no modelo são: x_1 , que representa densidade de larvas da mosca-das-frutas, x_2 , que representa densidade de moscas-da-fruta adultas, e x_3 , que representa a densidade de parasitoides. O modelo que representa a dinâmica dessas populações é dado em (6.32).

$$\frac{dx_1}{dt} = rx_2 \left(1 - \frac{x_1}{k}\right) - \mu_1 x_1 - \gamma x_1 - \frac{ax_1 x_3}{1 + ahx_1}, \quad \frac{dx_2}{dt} = \alpha_1 \gamma x_1 - \mu_2 x_2, \quad \frac{dx_3}{dt} = \delta \alpha_2 \frac{ax_1 x_3}{1 + ahx_1} - \mu_3 x_3, \quad (6.32)$$

onde μ_i , $i = 1, 2, 3$, representam as taxas de mortalidade natural de cada população. γ e δ representam as conversões das larvas em moscas adultas e em parasitoides, respectivamente. Os parâmetros α_j , $j = 1, 2$, representam as frações de fêmeas. O parâmetro a representa a taxa de captura instantânea e o parâmetro h representa o tempo de manipulação do parasitismo. A capacidade de suporte é indicada por k e r representa a quantidade de ovos por mosca por dia. A partir do sistema (6.32) foram encontrados três pontos de equilíbrio, são eles:

$$P_1 = (\bar{x}_1; \bar{x}_2; \bar{x}_3) = (0, 0, 0), \quad P_2 = (\bar{x}_1; \bar{x}_2; \bar{x}_3) = \left(\frac{k}{r\alpha_1 \gamma} S, \frac{k}{r\mu_2} S, 0 \right), \quad (6.33)$$

$$P_3 = (\bar{x}_1; \bar{x}_2; \bar{x}_3) = \left(\frac{\mu_3}{aV}, \frac{\alpha_1 \gamma \mu_3}{\mu_2 aV}, \frac{\alpha_2 \delta}{\mu_2 aV^2} \left(VS - \frac{r\alpha_1 \gamma \mu_3}{ak} \right) \right), \quad (6.34)$$

onde $S = r\alpha_1 \gamma - \mu_2(\mu_1 + \gamma)$ e $V = \alpha_2 \delta - h\mu_3$.

O primeiro ponto de equilíbrio encontrado, P_1 , representa a extinção das três populações. O segundo, P_2 , representa o sistema livre da população de parasitoides. O terceiro ponto, P_3 , representa a coexistência das três populações. O ponto P_1 é sempre viável biologicamente, P_2 é

¹matheus.thiago.moro@gmail.com

²alexandre.molter@ufpel.edu.br

³dori.edson-nava@embrapa.br

viável biologicamente apenas quando $S > 0$, já P_3 será viável biologicamente quando $V, S > 0$ com $VS \geq \frac{r\alpha_1\gamma\mu_3}{ak}$.

A análise da estabilidade local destes pontos é feita a partir da matriz jacobiana (6.35) do sistema (6.32), dada por,

$$J = \begin{bmatrix} \frac{-rx_2}{k} - \mu_1 - \gamma - \frac{ax_3(1+ahx_1) - a^2hx_1x_3}{(1+ahx_1)^2} & r(1 - \frac{x_1}{k}) & \frac{-ahx_1}{1+ahx_1} \\ \alpha_1\gamma & -\mu_2 & 0 \\ \frac{\alpha_2\delta ax_3}{1+ahx_1} - \frac{\alpha_2\delta a^2x_1x_3h}{(1+ahx_1)^2} & 0 & \frac{\alpha_2\delta ax_1}{1+ahx_1} - \mu_3 \end{bmatrix}, \quad (6.35)$$

onde se verificou que os pontos de equilíbrio P_1 e P_2 são instáveis. O ponto P_1 será estável quando $S < 0$, já o ponto P_2 será estável quando $G < 0$ com $G = \frac{\alpha_2\delta akS}{r\alpha_1\gamma + ahkS} - \mu_3$, independentemente dos valores dos parâmetros (visto que são sempre positivos). Da análise de estabilidade do ponto P_3 observou-se que também há condições a serem satisfeitas utilizando o critério de Routh-Hurwitz. Porém, estas não serão apresentadas neste trabalho.

Os valores considerados para os parâmetros são os seguintes: $r = 0,1$; $k = 1000$; $\mu_1 = 0$; $\mu_2 = 0,009$; $\mu_3 = 0,048$; $\gamma = 0,033$; $a = 2,69$; $h = 0,08$; $\alpha_1 = 0,5$; $\alpha_2 = 0,35$ e $\delta = 0,6$; obtidos de dados experimentais. A viabilidade biológica para esses valores de parâmetros está satisfeita para o ponto de equilíbrio P_3 , bem como as condições do critério de Routh-Hurwitz para a estabilidade.

Na figura 6.13 são apresentadas as trajetórias temporais para as populações num período de 14 dias (1) e 70 dias (2). A oferta inicial nas simulações é de 500 larvas, 10 moscas adultas e 5 parasitoides, foram realizadas no *software* Scilab.

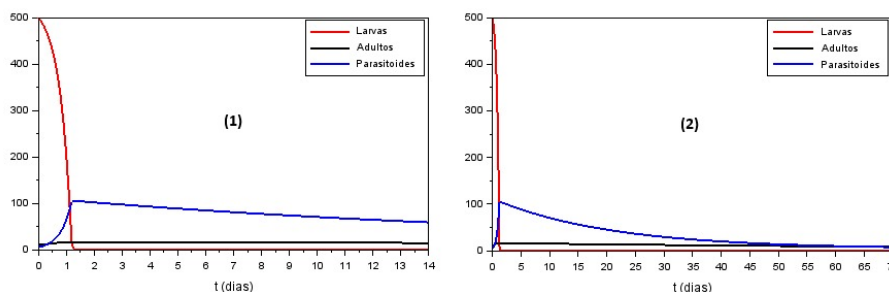


Figure 6.13: Trajetórias temporais do sistema hospedeiro-parasitoide (6.32) para 14 e 70 dias

Da figura 6.13 é possível observar que o parasitoide obteve significativa eficiência em controlar a população das moscas, isto porque a modelagem do parasitismo foi considerada para um ambiente controlado, com a população de larvas sendo ofertadas diretamente aos parasitoides. Todas populações irão à extinção, sendo a de larvas a primeira. Os parasitoides permanecem por mais tempo no sistema, pois seu tempo de vida é maior do que o das larvas. Além disso, uma vez que nascem das larvas, só aparecem no sistema após a morte delas. Do sistema modelado pretende-se analisar outras situações em que o parasitoide é menos eficiente havendo necessidade de incluir funções de controle.

Agradecimentos

Os autores agradecem à UFPel, à Fundação Getúlio Vargas/EMAp e à FAPERGS, pelo apoio financeiro.

Referências


- [1] Holling, C. S. *Some characteristics of simple types of predation and parasitism..* The Canadian Entomologist, v. 91, pp 385398, 1959.
- [2] Poncio, S ; Nunes, AM; Gonçalves, RDS; Lisboa, H; Maica-Berto, R ; Garcia, MS; Nava, DE. *Strategies for establishing a rearing technique for the fruit fly parasitoid: Doryctobracon brasiliensis (Hymenoptera: Braconidae).* Journal of Economic Entomology, v. 111, p. 1087-1095, 2018 .
- [3] T. Royama. *A comparative study of models for predation and parasitism* . Researches on Population Ecology, 1971.



IV

Pôsteres

7	Pôsteres	87
	Uma breve análise sobre alguns modelos matemáticos para o estudo da epilepsia	
	Numerical modeling of the population dynamics of the <i>Aedes aegypti</i> mosquito in the northern coastal regions of Peru with the application of insecticide	
	Utilização de Métodos Estatísticos para Estimativa da Idade Gestacional em Éguas da Raça Crioula	
	Matemática Aplicada no Saneamento Básico de Garantã do Norte, Sinop, Cuiabá e região	
	Modelagem Matemática do <i>Aedes aegypti</i> com a utilização da bactéria <i>Wolbachia</i> no controle de arboviroses	
	Comparação entre as métricas diárias de espermatozoides em Cavalos Crioulos	
	Impacto das Mudanças Climáticas na Disponibilidade Hídrica em Pelotas-RS	
	Regressão não linear quantílica para descrição de dados de crescimento da planta do milho	
	Mudanças no Uso do Solo e seus Efeitos no Curve Number na Bacia Hidrográfica do Rio Piratini: Uma Análise Temporal	
	Modelos de crescimento populacional através de Equações Diferenciais Ordinárias Fuzzy	
	Um estudo sobre internações hospitalares por doenças respiratórias no estado de São Paulo via ajuste de curvas e modelos autorregressivos	
	Ajuste de Curva Epidêmica com Minimização de Quadrados Acoplada ao Pacote <i>ode45</i> do Matlab	
	A Lógica Fuzzy no diagnóstico de arboviroses	
	Análise da Estabilidade Local para Modelos Discretos Lotka-Volterra	
	Modelagem Sazonal para Dinâmica Populacional	
	A Review of Mean-Field Theory Applied to the Modeling of Performance Estimates of Algorithms for the Common Target Problem in Robotic Swarms	






6º ENCONTRO DE BIOMATEMÁTICA

LOCAL:
UFMT - CUIABÁ / MT

DATA:
27 a 30 de Maio de 2025

SIGA O EncBioMat

 /encbiomat  @encbiomat




7. Pôsteres

Uma breve análise sobre alguns modelos matemáticos para o estudo da epilepsia

Patrícia Friedrich Lima¹,

¹Graduanda em Bacharelado em Matemática, Universidade Internacional (UNINTER), Pólo Porto Alegre, Brasil

Resumo Este trabalho consiste na etapa inicial de uma pesquisa, buscando identificar modelos matemáticos que possam simular o funcionamento de neurônios. O objetivo final da pesquisa maior, que motiva este trabalho, é encontrar um modelo matemático que se aproxime ao máximo possível do funcionamento de um neurônio biológico, com a finalidade de mitigar as dificuldades de diagnóstico e tratamento da epilepsia. A epilepsia é uma desordem que afeta 50 milhões de pessoas no mundo, sendo gerada por um hypersincronismo repetitivo das sinapses neuronais [1]. Há uma superexcitabilidade por parte dos neurônios, levando a disparos caóticos, o que pode desde reduzir a qualidade de vida do paciente ou até leva-lo à morte, podendo afetar pessoas de quaisquer idade. A epilepsia ocorre por diversos fatores atuando em conjunto ou de forma isolada, que podem variar muito de um paciente para outro. Há um padrão nos disparos sucessivos das sinapses, mas não há uma compreensão clara do mecanismo pelo qual os fatores internos e externos modificam a dinâmica cerebral que geram as convulsões crônicas que caracterizam a epilepsia. A modelagem matemática pode quantificar a entrada e saída de alguns estímulos neuronais e buscar um padrão na formação das sinapses e sua transmissão na rede neuronal do cérebro. Ainda não se conhece um modelo que compreenda toda a dinâmica neuronal, mas existem alguns, e o objetivo deste trabalho é fazer uma breve análise da dinâmica das variáveis de três modelos matemáticos utilizados para interpretação do comportamento dos neurônios. O potencial de ação (PA) é um sinal neural que percorre de um neurônio a outro. A modelagem matemática é aplicável aqui, porque o PA de um neurônio somente acontecerá se o limiar de excitabilidade for superado, ou seja, não há meio PA, o que se assemelha à lógica do código binário. Essa semelhança viabiliza que a matemática possa representar esses fenômenos, de forma que possam ser implementados por métodos computacionais. Encontrando os padrões através dos quais se desencadeiam os PAs, pode-se simular o comportamento neuronal inclusive para o estudo da epilepsia. Temos

¹patiflima73@gmail.com

aproximadamente 86 bilhões de neurônios no nosso corpo, sendo 16 bilhões destes localizados no cérebro [1]. Sabe-se que os neurônios se comunicam entre si através de sinapses elétricas e químicas, geradas por um PA, formando padrões. Cada neurônio faz milhares de conexões, e não se sabe por que se comunicam com alguns e com outros não. Contudo, esses padrões não são lineares, nem previsíveis, dificultando o tratamento da epilepsia. Para compreender melhor o fenômeno dos PAs e suas consequências, alguns pesquisadores formularam modelos matemáticos. Este trabalho apresenta três desses modelos:

Modelo de FitzHugh-Nagumo(FH)[4], equações(1) e (2):

$$\frac{dv}{dt} = D(\Delta v) - v(v - \alpha)(v - 1) - \omega + I, \quad (7.1)$$

$$\frac{d\omega}{dt} = \varepsilon(v - \gamma\omega), \quad (7.2)$$

neste modelo, os neurônios são considerados como populações, onde as variáveis representam as concentrações de íons de potássio, sódio e cloro, que geram a corrente elétrica desencadeadora do PA. Observa-se que a variável v é a variável rápida e representa a variação do potencial da membrana; ω é a variável lenta, determina a capacidade da célula para retornar ao seu potencial de repouso; I define o estímulo externo aplicado ao neurônio; α é positivo e corresponde ao limiar de potencial, enquanto D representa uma constante de difusão; γ e ε são positivos e representam a velocidade de atuação da variável de recuperação, e I é a função do estímulo externo. O modelo FH considera a relação entre os neurônios como um circuito elétrico. Pode ser implementado pelo Método de Runge-Kutta usando métodos computacionais, com o método explícito na coordenada temporal e Métodos Miméticos de Diferenças Finitas com malhas estruturadas sobre o domínio espacial.

Modelo de Rulkov(R)[3], equações (3) e (4):

$$x(t+1) = f(x(t), x(t-1), y(t) + \beta(t), \quad (7.3)$$

$$y(t+1) = y(t) - \mu(x(t) + 1) + \mu\tau(t), \quad (7.4)$$

onde $x(t)$ é o potencial da membrana do neurônio; $y(t)$ é a variável auxiliar de evolução lenta, já que μ , tendo o valor fixo igual a 0,005, é bem menor

do que 1; β e τ representam as correntes externas. No modelo R, as equações (3) e (4) e no modelo de Kuramoto, a equação (5), são baseadas em sincronicidade, ou seja, no fato de que a comunicação entre os neurônios depende da relação entre os instantes dos disparos do PA. Dessa forma, os neurônios são considerados como osciladores acoplados, formando uma rede e modelados na forma de equações diferenciais, como em FN, com o diferencial de que cada equação descreve a fase de um oscilador ao longo do tempo.

Modelo de Kuramoto(K)[2], equação (5):

$$\dot{\theta}_n = \omega_n + K \sum_{(n,m)} \sin(\theta_m - \theta_n), \quad (7.5)$$

onde n e m correspondem aos primeiros vizinhos do oscilador; n e ω_n são frequências naturais distribuídas a partir de uma função de distribuição de probabilidades $g(\omega)$; K se refere ao acoplamento. Nos modelos de K e R, as variáveis dizem respeito às fases dos movimentos oscilatórios dos neurônios.

No caso do estudo da epilepsia, qualquer um dos três modelos pode ser aplicado, uma vez que a desordem é uma consequência tanto das diferenças de concentrações iônicas, que levam a disparos sinápticos anômalos, quanto da hipersincronicidade que afeta os neurônios, levando a uma perturbação da rede neuronal. Esta pode acontecer por diversos fatores, tanto externos, como luzes, sons, cheiros, sabores e sensações físicas, quanto internos, como alterações na disponibilidade iônica. Assim, o modelo ideal poderia ter em suas variáveis todos esses fatores, porém tal complexidade dificultaria uma modelagem mais simples para o problema. Seria interessante encontrar formas de incluir o cálculo dos fatores externos acima citados, talvez colocando coeficientes para a intensidade com que afetam cada indivíduo, de forma que possam ser aplicados a pessoas diferentes e alcançassem tratamentos e diagnósticos mais exatos.

Referências

- [1] Gallucci N.J., Marchetti R.L. Aspectos epidemiológicos e relevância dos transtornos mentais associados à epilepsia. Rev Bras Psiquiatr. 2005;27:323-8
- [2] Mahseni, A., Gharibzadeh, S., Bakouie, F. The role of driver nodes in managing epileptic seizures: Application of Kuramoto model, PubMed, 2017. DOI: 10.1016/j.jtbi.2017.02.013
- [3] N.R. Rulkov, Modeling of spiking-bursting neural behavior using two-dimensional map, 2002. DOI: 10.1103/PhysRevE.65.041922

- [4] Mercedes,C.E.R., Verão G.B. Simulação numérica da dinâmica unidimensional da população de neurônios via o sistema FitzHugh-Nagumo, Arquivos CNMAC, 2024. DOI: <https://doi.org/10.5540/03.2025.011.01.0478>



Numerical modeling of the population dynamics of the *Aedes aegypti* mosquito in the northern coastal regions of Peru with the application of insecticide

Oswaldo Alonso Ruesta Morales¹, Grigori Chapiro², Ángel Enrique Ramírez Gutiérrez³

^{1,3}Applied mathematics laboratory, Institute of Mathematics and Related Sciences (IMCA), National University of Engineering, Lima, Lima, Peru

²Laboratory of Applied Mathematics (LAMAP), Federal University of Juiz de Fora, Juiz de Fora, MG, Brazil

Abstract

In light of the rising incidence of the dengue virus, a febrile and systemic illness characterized by various stages and endemic to numerous countries, there has been a heightened interest in examining the population dynamics of the *Aedes aegypti* mosquito, the primary vector of the disease in tropical and subtropical regions, including specific urban areas in Latin America, particularly in certain regions of Peru. Comprehending these dynamics is essential for public health in locales susceptible to the proliferation of this disease, prompting the development of new research models concerning mosquito populations in urban settings.

The following work investigates the numerical modeling of the population dynamics of the *Aedes aegypti* mosquito using partial differential equations in an urban neighborhood of a city, employing the finite volume method. One of the models considered is the one presented in [1], which is expressed as follows:

$$\begin{cases} \frac{\partial M}{\partial t} = \nabla \cdot (D \nabla M) + \gamma A - \mu_1 M \\ \frac{\partial E}{\partial t} = rM - eE \\ \frac{\partial A}{\partial t} = e \left(1 - \frac{A}{k}\right) E - (\mu_2 + \gamma)A \end{cases}, \quad (7.6)$$

where the constants and variables are explained in [1]. The process of estimating the parameter values of the model is explained based on experimental data available in the literature (for instance, in [1] and [2]), refining the model into a new framework based on ordinary differential equations, and utilizing the analytical results of these new equations for

¹oruestam@uni.pe

²grigorichapiro@gmail.com

³aramirezg@uni.edu.pe

estimation purposes. This model also facilitates the incorporation of external factors and topographical data, which has been successfully validated with data from Brazil. We applied the same methodology in the city of Piura, Peru, to investigate the optimal frequency of insecticide application, aiming to obtain the coefficients derived from experiments conducted in this city, and substituting the values into equation 7.6.

Referências

- [1] Silva, M., Lugão, P. H. G., Chapiro, G.. *Modeling and simulation of the spatial population dynamics of the Aedes aegypti mosquito with insecticide application*. Parasit. Vectors 13550, 113. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04426-2> (2020).
- [2] Yamashita, W. M., Das, S. S., Chapiro, G.. *Numerical modeling of mosquito population dynamics of Aedes aegypti*. Parasit. Vectors 11, 245. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-2829-1> (2018).



Utilização de Métodos Estatísticos para Estimativa da Idade Gestacional em Éguas da Raça Crioula

Régis Sperotto de Quadros¹, Aline de Souza Muniz², Bruna da Rosa Curcio³, Isadora Paz Oliveira dos Santos⁴, Clarissa Fernandes Fonseca⁵

^{1,2}Instituto de Física e Matemática, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

^{3,4,5}Faculdade de Veterinária, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

Resumo

No Rio Grande do Sul tem-se uma predominância de cavalos da raça Crioula. Esses animais surgiram originalmente no sul da América Latina e se tornaram um símbolo da cultura gaúcha [2]. Com o crescimento da raça, surgiu por parte dos criadores, uma preocupação com o bem-estar desses animais para garantir a melhoria na produção. Tratando-se de éguas prenhes, é necessário um monitoramento adequado da gestação para assegurar a nutrição, manejo e conforto da égua próximo ao parto, garantindo assim também o bem-estar do potro ao nascer. Para isso é necessário uma previsão dos meses de gestação. Nas etapas iniciais, até cerca de 70 dias, é viável empregar exames de palpação para avaliar o desenvolvimento do feto e obter indícios da idade gestacional, porém, conforme o feto cresce, desce pela cavidade abdominal, impossibilitando a identificação do tamanho e assimetria uterina [3]. Uma maneira amplamente utilizada para fazer a estimativa da idade gestacional é através da medida da órbita ocular fetal. O exame que possibilita a obtenção dessa medida é conhecido como ultrassonografia trans-retal, que utiliza um transdutor linear [3]. Neste procedimento, os animais são contidos em um local específico e o reto é esvaziado manualmente. É relevante observar que a aplicação dessa técnica requer tempo e equipamentos específicos. Diante disso, nota-se a importância da utilização de modelos matemáticos que sejam capazes de estimar com precisão os meses de gestação.

Conforme as pesquisas de Hartwig *et al.* [3], as medidas da órbita fetal em relação aos meses de gestação se mostraram com um comportamento linear, porém analisando os pontos, concluiu-se que um modelo cúbico descreve de maneira mais adequada esta relação. Portanto, através de um código descrito em linguagem Python, foi realizado um ajuste aos dados reais utilizando o modelo cúbico, e objetivando criar um intervalo de confiança ao redor da curva ajustada, foi utilizado o método estocástico Monte Carlo. As simulações foram replicadas 1000 vezes para reduzir o impacto dos parâmetros na obtenção do melhor ajuste. Com essas simulações foram geradas diversas amostras, visando aplicar o método Percentil, para estabelecer os limites de confiança da função cúbica gerada.

Mais especificamente, em relação aos experimentos, um conjunto de dados contendo 14 éguas Crioulas, coletados entre 2020 e 2022, foi utilizado como base para essa pesquisa. Esses dados foram obtidos em colaboração com alunos e docentes da Faculdade de Veterinária da Universidade Federal de Pelotas (UFPEL). Para analisar a adequação do modelo matemático não-linear em relação aos dados experimentais, foram empregados o desvio médio absoluto (DMA), o desvio padrão (DP) e o coeficiente de determinação (R^2). Segundo Muniz [6], O desvio médio absoluto mede a variabilidade das diferenças entre os valores observados e a média dos dados, enquanto o desvio padrão, que é a raiz quadrada da variância, avalia a dispersão dos dados e a confiabilidade das medições, sendo que valores próximos de zero indicam que o modelo é confiável para utilização. O coeficiente de determinação (R^2) avalia a precisão de um modelo de regressão linear, mostrando a porcentagem da variabilidade total nos dados e como a variável dependente pode ser prevista pela variável independente. O valor do R^2 varia de 0 a 1, onde quanto mais próximo de 1 indica

¹quadros99@gmail.com

²alinesm48@gmail.com

³curciobruna@hotmail.com

⁴isadorapazoliveirasantos@gmail.com

⁵clarissaffonseca1@gmail.com

que melhor o modelo descreve os dados reais, sendo confiável para utilização [5]. O Método de Monte Carlo (MMC) é uma abordagem estocástica que utiliza um conjunto de números aleatórios, gerando diversos cenários possíveis [7]. No MMC, um conjunto de amostras \hat{y}^* é gerado a cada nova iteração, ao adicionar ruído aleatório aos dados observados, assumindo uma distribuição normal com desvio padrão baseado nos resíduos do modelo ajustado. É frequentemente utilizado quando existem incertezas nos dados, como nesse caso, onde ocorrem erros de medições.

O método Percentil é amplamente utilizado para gerar intervalos de confiança a partir de simulações de Monte Carlo. Uma vantagem desse método em relação a outros, é sua aplicabilidade a qualquer tipo de distribuição, independente se o conjunto de dados possui distribuição normal ou não [4]. Segundo De Paula [1], pode-se obter uma aproximação para o intervalo de confiança $100(1 - \alpha)\%$ por meio dos percentis $\alpha/2$ e $1 - \alpha/2$. Nessa pesquisa, o intervalo de confiança aplicado foi de 95%, obtido a partir dos percentis 2,5% e 97,5% da distribuição de inicialização (*bootstrap*), gerada pelo método de Monte Carlo, conforme a Equação (1):

$$[\hat{y}_{\text{inf}}, \hat{y}_{\text{sup}}] = [\hat{y}_B^{*(\alpha/2)}, \hat{y}_B^{*(1-\alpha/2)}], \quad (7.7)$$

onde $\hat{y}_B^{*(\alpha/2)}$ e $\hat{y}_B^{*(1-\alpha/2)}$ são os percentis que definem os limites inferior e superior do intervalo de confiança de $100(1 - \alpha)\%$, respectivamente, o valor de $\alpha = 0,05$ e o índice B representa o número de iterações da distribuição *bootstrap* geradas pelo MMC, na qual foram utilizadas 1000 iterações.

Após as simulações, foram obtidos os resultados para o desvio médio e desvio padrão, que correspondem a 0,005 e 0,006, respectivamente. Os valores estão próximos de 0, indicando que as incertezas nas estimativas são estáveis. O coeficiente de determinação R^2 encontrado foi de 0,999, o que está próximo de 1, possibilitando interpretar um bom ajuste aos dados reais. Também foram gerados os intervalos de confiança via Monte Carlo e em seguida os limites inferior e superior para cada mês de gestação, através do método Percentil. Os resultados obtidos podem ser observados na Figura 7.1.

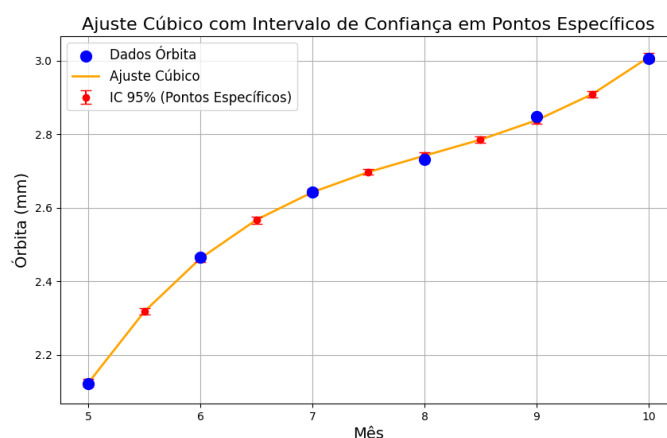


Figure 7.1: Ajuste cúbico com intervalo de confiança de 95%.

A partir das análises realizadas, conclui-se que o modelo cúbico se ajusta muito bem aos dados reais, modelando de forma adequada a relação entre o crescimento da órbita fetal e os meses de gestação. Neste caso, a equação de predição deste modelo é descrita por $p(x) = 0,01x^3 - 0,31x^2 + 2,60x - 4,67$, representando o melhor ajuste matemático para esta relação.

Referências

- [1] De Paula, J. C. G. Avaliação da probabilidade de cobertura do intervalo de confiança bootstrap percentílico para proporção em comparação ao usual intervalo de confiança de Wald, Monografia, Universidade Federal de Minas Gerais UFMG, 2020.
- [2] FERTILI. Criação de cavalos Crioulos. Online. Acessado em: 30/01/2025, <https://fertilis.com.br/criacao-de-cavalos-crioulos>.
- [3] Hartwig, F. P.; Antunez, L.; Dos Santos, R. S.; Lisboa, F. P.; Pfeifer, L. F. M.; Nogueira, C. E. W.; Curcio, B. R. *Determining the gestational age of Crioulo mares based on a fetal ocular measure*. Journal of Equine Veterinary Science, v. 33, n. 7, p. 557–560, 2013. Elsevier. DOI: 10.1016/j.jevs.2012.08.203
- [4] McMurray, A.; Pearson, T.; Casarim, F. *Guía para aplicar el enfoque Monte Carlo al análisis de incertidumbre en la contabilidad forestal y de gases de efecto invernadero*. Winrock Internacional, 2017.
- [5] Montgomery, D. C.; Peck, E. A.; Vining, G. G.. *Introduction to linear regression analysis*. Hoboken: Wiley, 2012.
- [6] Muniz, S. R. Introdução à análise estatística de medidas. Em: *Fundamentos da Matemática II*, capítulo 14, páginas 227-245. USP/Univesp, 2014.
- [7] Yoriyaz, H. *Método de Monte Carlo: princípios e aplicações em Física Médica*. Revista Brasileira de Física Médica, v.3, n.1, p.141-149, 2009. DOI: 10.29384/rbfm.2009.v3.n1.p141-149.



EncBioMat

Matemática Aplicada no Saneamento Básico de Guarantã do Norte, Sinop, Cuiabá e região

Luana Tais Bassani¹, Ana Karoline de Alcantara ², Bianca Peretto da Silva³, Julia dos Santos Wormsbeker⁴

^{1,2,3,4} Departamento de Ensino, Instituto Federal de Mato Grosso, Guarantã do Norte, Mato Grosso, Brasil

Resumo

Metrópoles usualmente retratam serviços de saneamento básico superiores com relação às demais cidades em estados brasileiros. Através delas, pode-se identificar estratégias que tiveram sucesso, a fim de melhorar a gestão de investimentos, bem como a qualidade de vida e a saúde pública de todos os brasileiros [1].

Com efeito, selecionamos cidades mato-grossenses para desenvolver o projeto, pela proximidade à Guarantã do Norte e aos campi da instituição IFMT. Nesse contexto, notamos que apesar da população atendida, divulgada por dados recentes (2014-2022), verifica-se uma grande parcela da população desabastecida de serviços, o que retrata uma realidade diferente dos objetivos do Plansab (Plano Nacional de Saneamento Básico), onde a universalização dos serviços deve ser alcançada com ações a curto e médio prazo [2].

Sabemos que municípios na região tem considerável índice de população rural, e que nem todas as decisões executadas em metrópoles se tratam de ações factíveis para cidades periféricas.

De acordo com o marco nacional de saneamento básico, na prestação de serviços, verifica-se a necessidade de priorizar a inclusão das áreas informais e zonas rurais nos projetos e contratos futuros [3].

Nesse sentido, estudamos os dados de saneamento básico das cidades próximas à Guarantã do Norte, com objetivo de comparar realidades, identificar boas práticas, projetar as metas e sugerir melhorias. Para isso, utilizamos de diferentes metodologias, com destaque para organização de dados em planilhas, cálculos de percentuais, construção de gráficos, ajustes lineares e coeficiente de determinação do modelo. O projeto ainda prevê executar a etapa de coleta de dados por meio de questionário respondido pela comunidade escolar das cidades. Assim, comparamos as cidades aos

¹luana.bassani@ifmt.edu.br

²a.alcantara@estudante.ifmt.edu.br

³bianca.s@estudante.ifmt.edu.br

⁴j.wormsbeker@estudante.ifmt.edu.br

longo dos anos, projetamos o futuro e as expectativas com as metas do Plansab e de cursos nacionais online, promovidos pelo governo [4].

Após a análise dos dados reportados no SNIS (Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento [5]), foram identificadas práticas executadas, que podem ser viabilizadas também em cidades próximas. Divulgar o resultado da pesquisa pode incentivar ações com a finalidade de inspirar agentes do poder público a investir em alternativas e conscientizar os estudantes de que podem fazer parte da mudança.

O estudo da região propiciou ações factíveis, e pode ser compreendido por meio de diagnósticos, que retratam uma tendência, tanto pelos gráficos de dados e comparativos entre cidades, como pelos questionários. Reforçar o diagnóstico dos aspectos sociais através da promoção da participação dos consumidores é identificado na literatura como ação que permite ampliar as soluções adequadas para a cobertura universal do acesso e a qualidade dos serviços de saneamento básico [3].

Em Guarantã do Norte, cidade que integra a Amazônia legal, percebe-se que mais da metade da população foi atendida em 2022 com serviços de abastecimento de água e coleta de resíduos sólidos, enquanto que uma minoria recebeu serviços de esgotamento sanitário [5]. Apesar do crescimento populacional, a extensão da rede de água e os serviços de abastecimento de água e esgotamento sanitário estão distantes da universalização [5].

Na construção de gráficos, foi possível observar que o percentual de população atendida com água em Guarantã do Norte apresentou *outliers* em 2014, 2019 e 2022 [5]. Os picos acarretaram um coeficiente de determinação do modelo linear de $R^2 \approx 0,01$ que pode comprometer a análise. O motivo da queda entre 2015-2018 é desconhecido, visto que na extensão da rede não foi registrada grande queda [5]. Com efeito, sugerimos consulta à comunidade com questionários. As flutuações podem sugerir uma instabilidade no fornecimento de água, gerando dúvidas sobre a busca pela universalização, ou a consistência dos dados [5].

Guarantã do Norte tem aprimorado o serviço de estações de tratamento de água [5]. Dados revelaram o crescimento estável no volume de água tratada, sem significativas quedas na prestação de serviço ($R^2 \approx 0,83$) [5]. A extensão de água sugeriu a manutenção da rede, sem grande ampliação da estrutura [5]. Por outro lado, observou-se a necessidade de investimentos em esgotamento, uma vez que apresentou um crescimento linear, com ($R^2 \approx 0,97$) e em 2022 atendeu cerca de 30% da população, distante

das metas [2, 5].

Nova Guarita, por sua vez, não ampliou a rede de água recentemente, enquanto que Alta Floresta ampliou com tendência linear crescente, e coeficiente de determinação do modelo $R^2 \approx 0,91$. Uma iniciativa recente de Alta Floresta foi a cessão de barracão e caminhão para coletas de lixo [5].

O volume de água tratada em Cuiabá oscila com o passar dos anos de 2014 a 2022, havendo picos distantes de um ano para o outro $R^2 \approx 0,49$ [5]. O esgotamento sanitário de Cuiabá foi destaque, com aproximadamente 80% de atendimento em 2022 e $R^2 \approx 0,94$ [5]. Destacamos que Cuiabá incentiva com cesta básica mensal, atendimento médico e vacinas, Programa qualifica Cuiabá, banheiros químicos, etc [5].

Sinop e Cuiabá estenderam a rede de água linearmente, com $R^2 \approx 0,71$ e $0,97$, respectivamente, no período 2014 a 2022 [5]. Enquanto a população sinopense cresceu, ampliaram alguns serviços, o que inclui incentivo aos catadores de resíduos com cesta básica mensal e campanha de vacinas [5]. Contracenando a isso, relatou-se em 2022 o atendimento de esgoto de cerca de 50% da população sinopense [5].

Apesar da consciência de que números são importantes para gerir recursos, houve dados que não foram alimentados pelas prefeituras [5]. O fornecimento de serviços deve envolver diversos setores, que inclui parcerias público-privadas, ou ainda, parcerias público-públicas [3], momento que o poder público pode estar representado pela iniciativa do IFMT - Campus Garantã do Norte, em divulgar tendências e alternativas.

Além disso, estimamos que o estudo matemático de dados incentive a tomada de decisões e direcionamento de recursos. A gestão de políticas públicas pode contribuir na prevenção, a fim de melhorar a estrutura do saneamento básico, realizar e acompanhar programas de vigilância, coletas e tratamento.

O tratamento inadequado ao meio ambiente pode ser uma postura adotada por gestores em diversas cidades brasileiras, pela dificuldade de gerir recursos escassos, e acarreta em gastos futuros para controlar as consequências da má gestão - como leitos de hospital, inseticidas, contenção de enchentes e incêndios de matas. Enquanto a estrutura não for reparada e universalizada, há sempre metas a atingir [1].

Estimamos melhorias da gestão, visto que o panorama demanda ações efetivas, caso contrário as metas de universalização dos serviços podem não ser contempladas no prazo determinado pelo Plansab [2].

Referências

- [1] Bassani, L. T. A matrix population forecasting model for *Aedes aegypti* considering basic sanitation environment, daily weather, and its impact over the dormancy state. (Tese de Doutorado) IME/USP, 2024.
- [2] Brasil. Plansab - Plano Nacional de Saneamento Básico. Ministério do Desenvolvimento Regional, Secretaria Nacional de Saneamento, Brasília, 2019.
- [3] ENAP. Novo marco regulatório do saneamento básico. Brasília, DF, 2021. Acessado em 15/04/2024, <https://www.escolavirtual.gov.br/curso/492>.
- [4] EVG. Catálogo de cursos. 2024. Acessado em 25/03/2024, <https://www.escolavirtual.gov.br/catalogo>.
- [5] SNSA. Série Histórica - Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento (SNIS). Ministério das Cidades, Secretaria Nacional de Saneamento Ambiental, 2024. Acessado em 25/03/2024, <http://app4.mdr.gov.br/serieHistorica/#>.



Modelagem Matemática do *Aedes aegypti* com a utilização da bactéria *Wolbachia* no controle de arboviroses

Jônatas Roberto de L. Eduardo¹, Roberto C. A. Thomé²

¹Departamento de Engenharia Eletrônica, CEFET-RJ, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil

²Departamento de Matemática, CEFET-RJ, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil

Resumo

Originalmente restrito às florestas da África subsaariana, o *Aedes aegypti* adaptou-se ao ambiente urbano, expandindo significativamente sua distribuição para regiões tropicais e subtropicais. Dessa forma, o mosquito passou a ser um vetor fundamental na transmissão de doenças como dengue, febre-amarela e chikungunya, representando, assim, uma ameaça global à saúde pública [3].

Diante desse cenário, as estratégias convencionais de controle, baseadas na redução da população de mosquitos ou na diminuição da transmissibilidade viral, têm-se mostrado insuficientes para conter a propagação e os surtos dessas arboviroses [1]. Com isso, investiga-se a introdução de mosquitos infectados com a bactéria *Wolbachia*, que, embora não esteja presente nativamente no *Aedes aegypti*, inibe a transmissão de vírus como os da dengue, zika e chikungunya, demonstrando um potencial promissor para o controle dessas doenças [2].

Este trabalho tem como objetivo desenvolver e analisar um modelo matemático da dinâmica populacional do mosquito *Aedes aegypti*, incorporando uma intervenção biológica por meio da bactéria *Wolbachia*. Diferentemente dos modelos estudados anteriormente, o presente trabalho foi concebido para capturar detalhadamente as quatro fases do ciclo de vida do mosquito: ovo, larva, pupa e adulto, utilizando compartimentos específicos para cada estágio. Assim, para a população selvagem, utiliza-se a notação $E(t)$ para ovos, $L(t)$ para larvas, $P(t)$ para pupas, $I(t)$ para fêmeas imaturas, $F(t)$ para fêmeas fertilizadas e $M(t)$ para machos adultos. Para a população infectada com *Wolbachia*, as variáveis correspondentes recebem o subscrito w para diferenciá-las.

A dinâmica populacional é regida por parâmetros que incluem taxas de mortalidade (μ para mosquitos selvagens e d para os infectados), taxas de transição entre fases (γ para os selvagens e σ para os infectados) e taxas de oviposição (φ para os selvagens e φ_w para os infectados). Além disso,

¹jonatas.eduardo@aluno.cefet-rj.br

²roberto.thome@cefet-rj.br

as proporções de fêmeas que atingem a fase adulta (r para os selvagens e r_w para os infectados) e as taxas de acasalamento (β) desempenham papéis essenciais na dinâmica reprodutiva das populações. O modelo também incorpora taxas de liberação dependentes do tempo (α) que simulam a introdução artificial de indivíduos infectados com *Wolbachia* em diferentes estágios do ciclo de vida e um parâmetro para representar a capacidade do meio ambiente (C).

O modelo utilizado como base é o sistema de equações diferenciais ordinárias apresentado na tese de doutorado *Mathematical modeling of the interaction between wild and Wolbachia-infected Aedes Aegypti mosquitoes* [1]. A principal modificação proposta é a subdivisão da fase aquática em três compartimentos distintos: ovo, larva e pupa. No modelo original, essas fases eram representadas de maneira agregada dentro de um único compartimento aquático. Essa abordagem refinada permite uma descrição mais precisa da dinâmica populacional do mosquito, capturando transições específicas entre cada estágio do ciclo de vida. Como consequência, o modelo, que anteriormente era composto por oito equações diferenciais, passou a contar com doze, proporcionando uma representação mais detalhada da evolução das populações de *Aedes aegypti* selvagens e infectadas com *Wolbachia*. Essa escolha foi motivada pela necessidade de um modelo mais realista, capaz de incorporar estratégias de controle que afetam diferentes fases do desenvolvimento do mosquito.

EncBioMat

$$\left\{ \begin{array}{l}
 \dot{E} = \varphi \left(1 - \frac{E + E_w}{C} \right) F - (\gamma_L + \mu_E) E \\
 \dot{E}_w = \alpha_E + \varphi_w \left(1 - \frac{E + E_w}{C} \right) F_w - (\gamma_{L_w} + \mu_{E_w}) E_w \\
 \dot{L} = \gamma_L E - (\gamma_P + \mu_L) L \\
 \dot{L}_w = \gamma_{L_w} E_w - (\gamma_{P_w} + \mu_{L_w}) L_w \\
 \dot{P} = \gamma_P L - (\gamma + \mu_P) P \\
 \dot{P}_w = \gamma_{P_w} L_w - (\gamma_w + \mu_{P_w}) P_w \\
 \dot{I} = r\gamma P - \frac{\beta_1 M I}{M + M_w} - \frac{\beta_0 M_w I}{M + M_w} - \mu_I I \\
 \dot{I}_w = \alpha_I + r_w \gamma_w P_w - \frac{\beta_2 M I_w}{M + M_w} - \frac{\beta_3 M_w I_w}{M + M_w} - \mu_{I_w} I_w \\
 \dot{F} = \frac{\beta_1 M I}{M + M_w} - \mu_F F \\
 \dot{F}_w = \alpha_F + \frac{\beta_2 M I_w}{M + M_w} + \frac{\beta_3 M_w I_w}{M + M_w} - \mu_{F_w} F_w \\
 \dot{M} = (1 - r)\gamma P - \mu_M M \\
 \dot{M}_w = \alpha_M + (1 - r_w)\gamma_w P_w - \mu_{M_w} M_w
 \end{array} \right. \quad (7.8)$$

Neste trabalho, pretende-se implementar computacionalmente o modelo para simulações numéricas, empregando principalmente o método de Runge-Kutta na resolução das equações diferenciais que descrevem a dinâmica populacional do *Aedes aegypti*. As simulações serão conduzidas no MATLAB, explorando diferentes cenários de introdução da bactéria. Além disso, será realizada uma análise de sensibilidade, variando os parâmetros do modelo para identificar os de maior influência. Também serão calculados os pontos de equilíbrio do sistema para compreender sua evolução a longo prazo. Por fim, os resultados serão comparados com dados da literatura, permitindo avaliar a eficácia do método e contribuir para estratégias de controle mais eficientes.

Referências

- [1] ALPÍZAR, G. Y. Mathematical modeling of the interaction between wild and Wolbachia-infected *Aedes Aegypti* mosquitoes. Tese de doutorado. Unicamp, 2020.

- [2] LOPES, L. E. Modelagem matemática da competição entre mosquitos *Aedes aegypti* selvagens e infectados pela bactéria *Wolbachia* sob o efeito da temperatura. Dissertação de mestrado. USP, 2022.
- [3] POWELL, J. R. e TABACHNICK, W. J. History of domestication and spread of *Aedes aegypti* - A Review. Em: Memórias do Instituto Oswaldo Cruz (2013). Aceito. doi: 10.1590/0074- 0276130395.



Comparação entre as métricas diárias de espermatozoides em Cavalos Crioulos

Régis Sperotto de Quadros¹, André Machado da Silva² Bruna da Rosa Curcio³ Isadora Paz Oliveira do Santos⁴ Renata Konradt Güths⁵ Tatiane Leite Almeida⁶

^{1,5} Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil.

^{2,3,4,6} Programa de Pós-Graduação em Veterinária, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil.

Resumo

De acordo com a Associação Brasileira de Criadores de Cavalos Crioulos (ABCCC) [1], até novembro de 2024, a movimentação econômica relacionada à raça Crioula atingiu um valor de R\$ 110 milhões, resultante da comercialização de aproximadamente 5 mil animais. Destaca-se que cerca de 85% dessas transações ocorreram no estado do Rio Grande do Sul, onde se concentra aproximadamente 85% da população de cavalos crioulos em âmbito nacional. Considerando a importância econômica do cavalo Crioulo para a economia sul-rio-grandense, a avaliação das medidas testiculares e da produção diária de espermatozoides (DSO), realizadas neste estudo, mostra-se pertinente para melhor análise biométrica.

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de uma Central de Reprodução Equina no estado do Rio Grande do Sul, Brasil (Latitude 31° 46' e 34" Sul; 52° 21' 34" Oeste, Altitude de 9m). Abrangendo a biometria testicular de 170 observações provenientes de 72 garanhões da raça Crioula. Para esta análise, foram consideradas amostras coletadas no período de 12 meses, do mês de agosto de 2021 a agosto de 2022. As medições biométricas foram realizadas por dois métodos distintos: ultrassonografia e paquímetro, permitindo a obtenção dos valores da DSO por ambas as técnicas de medição.

A distribuição desses dados pode ser analisada na Figura 7.7, gerada por meio da linguagem Python. Observa-se que os valores da produção diária de espermatozoides estimada via ultrassonografia (DSO2UL) apresentam maior concentração de espermatozoides no intervalo entre 5,0 e 7,0. Por outro lado, os valores estimados pelo paquímetro (DSO2paq) exibem uma

¹quadros99@gmail.com

²andremsjr11@gmail.com

³curciobruna@hotmail.com

⁴isadorapazoliveirasantos@gmail.com

⁵renatak8@gmail.com

⁶tatianeleitealmeida@gmail.com

distribuição mais ampla, variando entre 5,0 e 10,0. Adicionalmente, os valores referentes à produção diária total, obtidos a partir do espermograma, demonstram uma distribuição ainda mais dispersa em comparação com as demais medições.

Utilizando as medidas obtidas, as medições foram associadas a um polinômio de grau 5, conforme descrito na equação (7.9). A partir do ajuste de curvas, determinando os coeficientes, empregando o método dos mínimos quadrados não linear, cujos coeficientes do ajuste DSO2UL $a = 3.05 \times 10^{-9}$, $b = -6.80 \times 10^{-7}$, $c = 5.56 \times 10^{-5}$, $d = -1.84 \times 10^{-3}$, $e = 1.78 \times 10^{-2}$, $f = 3.29 \times 10^{-1}$, para DSO2paq $a = 4.02 \times 10^{-9}$, $b = -7.09 \times 10^{-7}$, $c = 4.68 \times 10^{-5}$, $d = -1.28 \times 10^{-3}$, $e = 9.43 \times 10^{-3}$, $f = 4.84 \times 10^{-1}$ e para Total spz $a = 1.51 \times 10^{-8}$, $b = -2.65 \times 10^{-6}$, $c = 1.71 \times 10^{-4}$, $d = -4.98 \times 10^{-3}$, $e = 5.93 \times 10^{-2}$, $f = 1.54 \times 10^{-1}$.

$$f(x) = ax^5 + bx^4 + cx^3 + dx^2 + ex + f \quad (7.9)$$

Para avaliar a qualidade do ajuste do modelo, utilizamos a Raiz do Erro Quadrático Médio (RMSE) [3], essa métrica mede a diferença entre os valores previstos pelo modelo e os valores reais observados. O RMSE expressa o erro em unidades semelhantes às dos dados originais. Outra métrica utilizada foi o Erro Padronizado de Teste (STE), que permite normalizar o erro de previsão considerando a variabilidade dos dados observados.

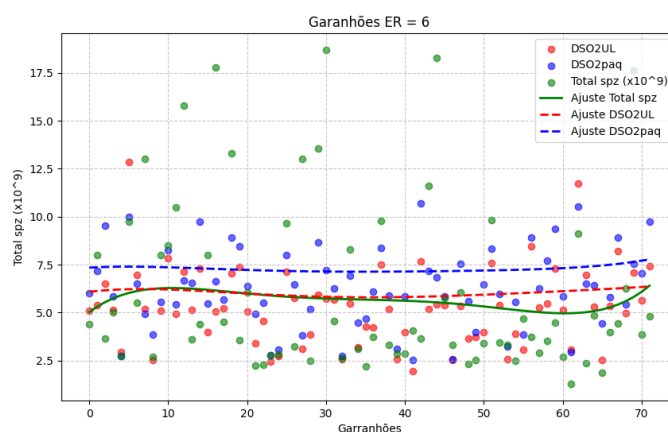


Figure 7.2: Ajuste do polinômio de grau 5.

Através da figura 7.7 se pode observar que o ajuste real está entre o ajuste de DSO2UL e o ajuste de DSO2paq, sendo em alguns pontos o ajuste de DSO2UL é sobreposto ao ajuste de Ttal spz, indicando uma boa

aproximação aos dados reais. Após realização das simulações foi obtido resultados de RMSE e STE para DSO2UL sendo 0,1759 e 0,1951, enquanto para DSO2paq foram 0,2496 e 0,2575 para Total spz sendo 0,2469 e 0,2644, respectivamente. Estes resultados mostram que o STD é próximo ao valor de RMSE, e portanto significa que a dispersão dos erros é homogênea e o ajuste é estável, evidenciando então que a medição via ultrassom consegue capturar com mais estabilidade a quantidade de espermatozoides do que a medição via paquímetro.

Este estudo evidenciou a relevância da análise biométrica para a avaliação da produção diária de espermatozoides (DSO) em cavalos da raça Crioula, considerando sua importância econômica, especialmente no estado do Rio Grande do Sul. Ao comparar os métodos de medição por ultrassonografia e paquímetro, observou-se que ambos apresentaram bom ajuste aos dados reais quando modelados por um polinômio de quinto grau. No entanto, a ultrassonografia demonstrou maior estabilidade e menor dispersão dos erros, como evidenciado pelos menores valores de RMSE e STE. Isso indica que esse método é mais confiável para estimar a DSO, o que pode auxiliar em decisões mais precisas em programas de reprodução equina. Assim, a utilização de técnicas matemáticas e estatísticas no contexto veterinário reforça a importância da interdisciplinaridade na produção de conhecimento científico aplicado.

Referências

- [1] Cavalus. *Cavalo Crioulo movimenta R\$ 400 milhões na economia em 2024*. Cavalus, 3 de dezembro de 2024. Disponível em: <https://cavalus.com.br/racas/crioulo/cavalo-crioulo-economia/>. Acesso em: 11 de fevereiro de 2025.
- [2] Curcio, B. R., Wendt, C. G., Moraes, B. S. S., Santos, I. P. O., Almeida, T. L., Patten, R. D., e Nogueira, C. E. W. *Embryo transfers in Criollo horses: what is known about economic impacts*. Journal of Equine Veterinary Science, v. 89, p. 103084, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2020.103084>.
- [3] Hodson, T. O. "Root-mean-square error (RMSE) or mean absolute error (MAE): when to use them or not", *Geosci. Model Dev.*, 15, 54815487, 2022. DOI: <https://doi.org/10.5194/gmd-15-5481-2022>.
- [4] Manousopoulos, P. e Michalopoulos, M. "Comparison of non-linear optimization algorithms for yield curve estimation." *ResearchGate*, 2009. Acessado em 28/02/2025: https://www.researchgate.net/publication/23648154_Comparison_of_non-linear_optimization_algorithms_for_yield_curve_estimation.
- [5] Santos, J. S. F., Silva, L. F. L., Silva, R. C. M., Lima, T. P., e Costa, A. A. *Perfil de testosterona e parâmetros seminais de garanhões da raça Mangalarga Marchador dentro e fora da estação reprodutiva*. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de

Viçosa, 2023. Disponível em: <https://locus.ufv.br/server/api/core/bitstreams/990707ea-e10e-4278-bcca-c85eaaefc229/content>.



Impacto das Mudanças Climáticas na Disponibilidade Hídrica em Pelotas-RS

Daniela Buske¹, Leonidas A.A. Baltazar², Régis S. Quadros³, Claus Haetinger⁴ Diuliana Leandro⁵

^{1,5} PPG em Ciências Ambientais, CEng, UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

^{1,2,3,4} PPG em Modelagem Matemática, IFM, UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

Resumo

O planeta está passando por alterações climáticas que desequilibram os ecossistemas e afetam a disponibilidade de água para seus diferentes usos, sendo necessária a realização de estudos para implementar medidas de mitigação destes efeitos. Neste contexto, objetivou-se avaliar a disponibilidade de água atual em Pelotas, no Rio Grande do Sul (RS), com informações da estação meteorológica local disponível no Banco de Dados do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), realizando projeções com cenários de mudanças climáticas SSP126, SSP370, SSP585, simulados por quatro modelos climáticos, a saber: IPSL-CM6A-LR, HADGEM3-GC31-MM, CMCC-ESM2 e ACCESS-ESM1-5 do CMIP6 para o século XXI, da Plataforma Projeções Climáticas no Brasil-INPE (<http://pclima.inpe.br/analise/>).

Pelotas é um município situado no sudeste do RS, que possui uma área de 1.610,08 km² e uma população de 343.132 habitantes [4]. O uso de solo é de agricultura (5,6%), vegetação arbórea (14,1%), solo exposto (0,5%), pousio (70,6%), território urbano (3,9%) e água (5,3%) [5]. A Figura 7.3 mostra o mapa de localização do estudo.

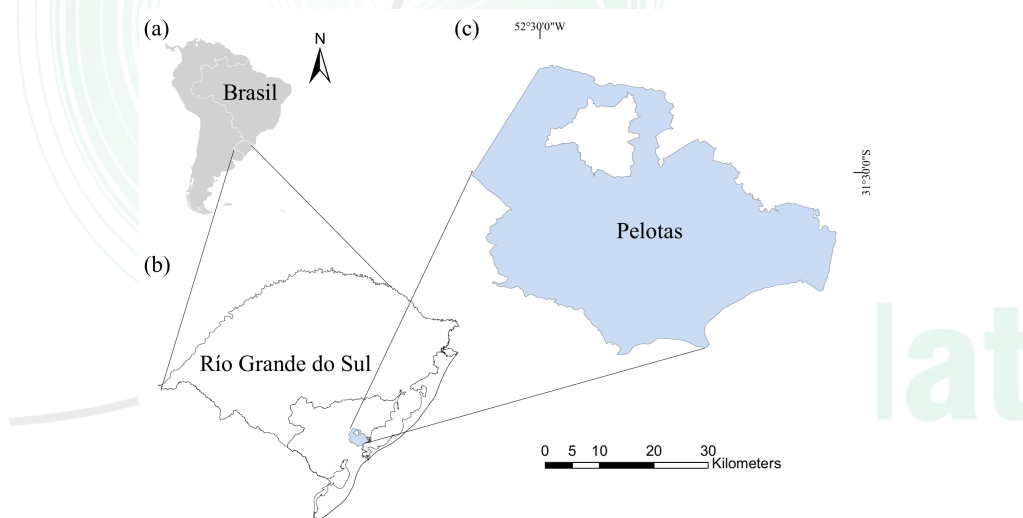


Figure 7.3: (a) Localização da área de estudo no Brasil e na América do Sul, (b) no RS, (c) no município de Pelotas. Fonte: Dos Autores.

Foram analisadas as informações meteorológicas de precipitação e temperaturas médias, máximas e mínimas mensais do período atual (1990-2020) para Pelotas, calculada sua precipitação para cada ano hidrológico (setembro-outubro) e sua evapotranspiração potencial (ET_0), segundo os trabalhos de [1], [3] e [6], através da fórmula simplificada $ET_0 = 0,0023 \times (T_{med} + 17,78)R_0 \times$

¹daniela.buske@ufpel.edu.br

²leonidasariasb@gmail.com

³quadros99@gmail.com

⁴claus.haetinger@gmail.com

⁵diuliana.leandro@gmail.com

$(T_{max} - T_{min})^{0,5}$, em que T_{med} indica a temperatura média, R_0 representa a radiação solar extraterrestre (tabulada), T_{max} é a temperatura máxima, e T_{min} indica a temperatura mínima, todos em mm/mes . Por sua vez, a evapotranspiração real ET (do solo e da vegetação) foi estimada segundo o estudo de [2] para o RS, obtendo-se um coeficiente de evapotranspiração de $Kc = 0,77$, sendo este o valor utilizado para o presente estudo ($ET = Kc \cdot ET_o$).

Para os últimos 30 anos (1990-2020), a disponibilidade hídrica média para o período atual foi deduzida a partir dos valores mensais e anuais de precipitação e evapotranspiração, segundo a Equação $ET_{anual} = P_{anual} - D_{anual}$ (balanço hídrico anual para o ano hidrológico (outubro-setembro)), sendo ET_{anual} a evapotranspiração real anual, P_{anual} a precipitação média anual, e D_{anual} a disponibilidade hídrica anual, todas em mm/ano .

O mesmo procedimento foi utilizado para o período futuro (2021-2100), avaliando-se, por meio dos testes estatísticos NSE, Pbias, R^2 e KGE, as informações meteorológicas projetadas, comparando-se a *baseline* dos modelos com os dados observados de precipitação e temperaturas no período 1995-2014 e projetados até o ano de 2100. Considerou-se, a partir dos dados estatísticos, o modelo CMCC-ESM2 como o mais indicado para este trabalho, com sub cenário de emissões alto SSP370.

Do balanço hídrico anual, os resultados obtidos (Figura 7.4) mostram que, no período de 2021-2040 e 2041-2060, com precipitação menor ($-7,4\%$ e $-5,4\%$), a disponibilidade hídrica será menor ($-13,7\%$ e $-9,2\%$). Já no final do século XXI (2081-2100), com precipitação menor ($-14,2\%$), a disponibilidade hídrica para Pelotas será extremamente menor ($-41,4\%$), permanecendo quase estável a evapotranspiração ($-4,1\%$ a $0,1\%$) no século. O estudo realizado fornece informações úteis às autoridades para tomada de decisões na gestão dos recursos hídricos.

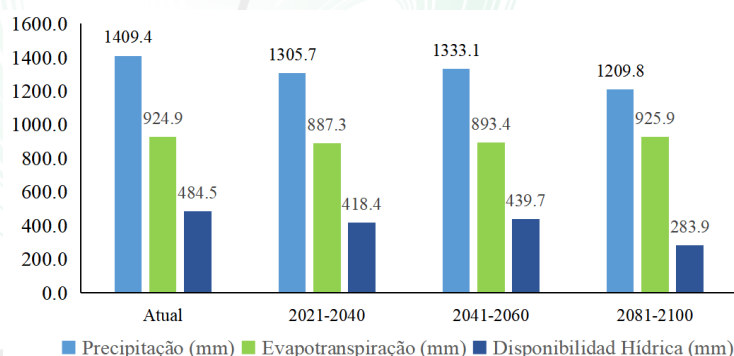


Figure 7.4: Disponibilidade hídrica atual e futura em Pelotas. Fonte: Dos Autores.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao suporte financeiro da FAPERGS e do CNPq.

Referências

- [1] Allen, R.G.; L. S. Pereira; D. Raes y Smith, M. (1998). - Crop evapotranspiration - Guidelines for computing crop water requirements - FAO Irrigation and drainage paper 56. Acessado em: 02 mar de 2025. Disponível em: <http://www.fao.org/3/x0490s/x0490s00.htm>.
- [2] Dos Santos, E.J.. Análise mensal da evapotranspiração para o Rio Grande do Sul usando o modelo complementar de Morton. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Pelotas - Mestrado em Meteorologia, 2004.
- [3] Hargreaves, G.H.; Samani, Z.A., 1985. Reference crop evapotranspiration from temperature. *Applied Eng. in Agric.*, 1(2): 96-99.

- [4] IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2020. Estimativa populacional 2020 IBGE. Acessado em: 01 mar 2025. Disponível em: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/rs/pelotas/panorama>.
- [5] Koiti, M.A. et al. Detecção de mudanças no uso das terras no município de Pelotas (RS, Brasil), no período de 1985 a 2007, por meio de Processamento Digital de Imagens. Anais XIV Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto, Natal, Brasil, 25-30 abril 2009, INPE, p. 5997-6004.
- [6] Samani, Z. (2000). - Estimating Solar Radiation and Evapotranspiration Using Minimum Climatological Data. *Journal of Irrigation and Drainage Engineering*, Vol. 126, No. 4, pp. 265-267.



Regressão não linear quantílica para descrição de dados de crescimento da planta do milho

Pollyane Vieira da Silva¹, Taciana Villela Savian²

¹Departamento de Matemática e Estatística, Instituto de Física e Matemática, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

²Departamento de Ciências Exatas, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brasil

Resumo

O embasamento estatístico no estudo de crescimento de plantas é muito importante, pois fornece informações sobre as diferentes fases do seu desenvolvimento. Muitos estudos utilizam modelos de regressão não linear para descrever o crescimento de plantas, cujos parâmetros são, geralmente, estimados pelo método de mínimos quadrados apresentando informações sobre os dados em termos médios.

A regressão quantílica é uma alternativa eficaz para solucionar possíveis problemas com valores extremos e heterogeneidade de variâncias, além de não ter suposição de normalidade sobre o termo de erro e permitir estimativas dos parâmetros do modelo em diferentes quantis. A regressão quantílica utiliza quantis condicionais, ajustando a relação entre o tempo e quantis da variável dependente, o que torna possível a obtenção de mais informações de localização, tais como na cauda inferior ou superior, e forma modelos mais robustos em relação à falta de homogeneidade da variância residual [2, 3].

As curvas que representam modelos de crescimento não possuem pontos extremos, máximos ou mínimos, mas alguns pontos são considerados importantes do ponto de vista fisiológico. O estudo desses pontos é realizado através das derivadas das equações do modelo em relação ao tempo [4]. Segundo [6] as abscissas e ordenadas dos pontos críticos estimados fornecem informações que auxiliam na tomada de decisões relacionadas ao desenvolvimento da cultura analisada.

O objetivo deste artigo é analisar os pontos críticos dos modelos de crescimento por meio do estudo de suas derivadas, aplicar técnicas de regressão não linear e regressão não linear quantílica, e propor duas estatísticas a correlação dos quantis e a soma ponderada dos quadrados dos desvios (SPQD) para avaliar a qualidade do ajuste dos modelos de regressão não linear quantílica a dados reais de altura de pés de milho. Além disso, utiliza-se o critério de informação de Akaike (AIC) e a medida de não linearidade pela curvatura intrínseca para complementar a avaliação da qualidade do ajuste.

A correlação dos quantis quantifica a qualidade do ajuste ao calcular a correlação de Pearson entre os valores observados e preditos para diferentes quantis. Já a SPQD mede a variação entre valores observados e preditos, ponderada pelo número de observações em cada quantil, sendo que menores valores indicam melhor ajuste do modelo. Todas as análises estatísticas foram realizadas no *software* R [5].

Os dados foram adaptados de [1] e referem-se a altura da planta de milho do híbrido transgênico 30F35 Y (Yieldgard). O experimento foi conduzido no município de Votuporanga-SP, em área experimental do Pólo Regional Noroeste Paulista da Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA), no ano agrícola 2011/2012. Em cada dia de avaliação, foi medida a altura de 58 plantas em centímetros, com auxílio de uma régua, sendo esta medida da base da planta (solo) até o ápice da última folha expandida do cartucho. A primeira medição da altura da planta de milho foi realizada 15 dias após a semeadura, e as medições seguintes ocorreram com 30, 40, 50 e 122 dias, respectivamente, após a semeadura. Neste trabalho, foram aplicados três modelos não lineares, logístico, Gompertz e Chanter. Esses modelos seguem a mesma parametrização apresentada em [7]

¹pollyane.silva@ufpel.edu.br

²tvsavian@usp.br

e são descritos nas equações (7.10)-(7.12):

Modelo logístico:

$$y_i = \frac{\beta_1}{1 + \exp(-\beta_2 - \beta_3 x_i)} + \varepsilon_i \quad (7.10)$$

Modelo Gompertz:

$$y_i = \beta_1 \exp \{ -\exp [-\beta_2 (x_i - \beta_3)] \} + \varepsilon_i \quad (7.11)$$

Modelo Chanter:

$$y_i = \frac{\beta_1 \beta_2}{\beta_1 + (\beta_2 - \beta_1) \exp \left\{ -\frac{\beta_3}{\beta_4} [1 - \exp(-\beta_4 x_i)] \right\}} + \varepsilon_i \quad (7.12)$$

Tanto no modelo logístico quanto no modelo Gompertz, o parâmetro β_1 representa uma assíntota superior à direita. O modelo logístico é simétrico e o modelo Gompertz é assimétrico em relação aos seus respectivos pontos de inflexão. O modelo Chanter foi proposto por Dennis Osborne Chanter em 1976, possui quatro parâmetros e segundo [7] seus parâmetros têm as seguintes condições: $\beta_1, \beta_2, \beta_3 \in \mathbb{R}_+^*$, $\beta_4 \in \mathbb{R}^*$ e $\beta_2 > \beta_1$.

Com base no estudo das derivadas, [4] apresentam o ponto de aceleração máxima (PAM) e o ponto de desaceleração máxima (PDM) para os modelos logístico e Gompertz. A análise das derivadas do modelo Chanter revelou que β_1 representa o intercepto da curva, indicando a medida da característica em estudo no tempo inicial ($x = 0$), enquanto β_2 refere-se à assíntota superior, atingida quando β_4 é negativo, refletindo o limite de estabilização do crescimento.

Na avaliação da qualidade dos ajustes, o modelo Chanter apresentou os menores valores de AIC em todos os quantis analisados. A medida de não linearidade intrínseca (IN) de Bates e Watts foi a menor para o modelo Chanter, indicando um comportamento mais próximo ao linear. Em relação às estatísticas de correlação dos quantis e $SPQD_\tau$, o modelo Chanter destacou-se no quantil 0,1. Os valores de correlação dos quantis para todos os modelos foram elevados e positivos, sugerindo um bom ajuste geral. A Figura 1 ilustra os ajustes do modelo Chanter aos dados de altura de pés de milho para diferentes quantis e MQO.

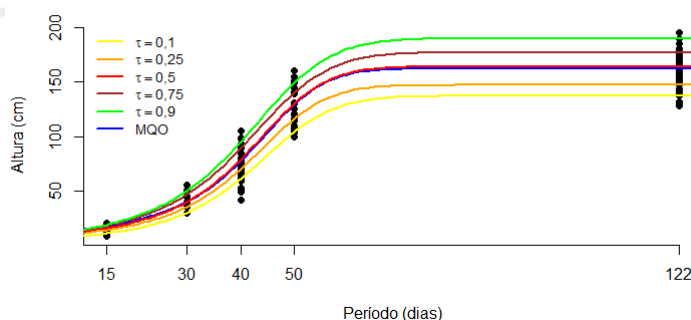


Figure 7.5: Ajuste do modelo Chanter aos dados de altura de pés de milho em diferentes quantis e MQO.

Para concluir, os modelos não lineares ajustaram-se bem aos dados de altura do milho transgênico 30F35 (Yieldgard), destacando-se o modelo Chanter pelo melhor ajuste segundo o AIC e a curvatura intrínseca. O crescimento variou entre 137 cm e 190 cm na maturação, com altura inicial entre 5,16 cm e 8,76 cm aos 15 dias.

Referências

- [1] Crosariol Netto, J. Infestação de dados e *Dichelops melacanthus* (Dallas, 1851) (Heteroptera: Pentatomidae) em híbridos transgênicos e convencionais de milho, submetidos ao controle químico. Dissertação (Mestrado) Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, campus Jaboticabal, 2013.
- [2] Hao, L.; Nainman, D. Q. *Quantile Regression*. Sage Publications, 2007.
- [3] Koenker, R. *Quantile Regression*. Cambridge University Press, v. 1, 2005.
- [4] Mischan, M. M.; Pinho, S. Z. *Modelos não lineares*. Cultura Acadêmica, 2014.
- [5] R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2022. Disponível em: <http://www.R-project.org/>.
- [6] Silva, E. M. et al. Evaluation of the critical points of the most adequate nonlinear model in adjusting growth data of green dwarf coconut fruits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 43, p. e-726, 2021.
- [7] Silva, P. V.; Savian, T. V. Chanter model: nonlinear modeling of the fruit growth of cocoa. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.49, 2019.

The logo for EncBioMat features a stylized, light green graphic of a plant or leaf on the left, with the text 'EncBioMat' in a bold, light green sans-serif font to its right.

EncBioMat

Mudanças no Uso do Solo e seus Efeitos no Curve Number na Bacia Hidrográfica do Rio Piratini: Uma Análise Temporal

Luciana Cardoso Neta¹ Diuliana Leandro² Samuel Beskow³ Tamara Leitzke Caldeira Beskow⁴

^{1,3,4}Programa de Pós-Graduação em Recursos Hídricos da Universidade Federal de Pelotas, (UF-Pel), Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

² Centro de Engenharia da Universidade Federal de Pelotas (UFPel), Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

Resumo

A relação entre as mudanças no uso e cobertura do solo e o Curve Number (CN) é crucial para entender as respostas hidrológicas nas bacias hidrográficas. O CN, foi desenvolvido pelo Serviço de Conservação dos Solos do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (SCS, 1986) [2], que estima o escoamento superficial com base em características como o tipo de solo, a vegetação e as condições climáticas. Modificações no uso do solo, como a urbanização e a intensificação da agricultura, alteram esses fatores, aumentando o CN e, consequentemente, o escoamento superficial [2,5]. Neste contexto, este estudo analisa a relação entre o uso e a cobertura do solo, os tipos de solo e o Curve Number (CN) da Bacia Hidrográfica do Rio Piratini (BHRP), localizada no sul do Rio Grande do Sul (RS), no período 1985 a 2023. O estudo busca entender como diferentes formas de uso e cobertura do solo, como áreas urbanas, agrícolas e de vegetação natural, influenciam o comportamento hidrológico da bacia [5].

A BHRP desempenha um papel de destaque na dinâmica hidrológica local, uma vez que o Rio Piratini, um de seus principais corpos d'água, é um afluente do Canal São Gonçalo, uma importante via navegável que conecta a Lagoa dos Patos à Lagoa Mirim, favorecendo a integração e o transporte de água entre essas duas grandes massas hídricas [3]. Neste trabalho foram utilizados dados do MapBiomass, coleção 9.0 [1] abrangendo o período de 1985 a 2023, com uma análise temporal nos anos de 1990, 2000, 2010 e 2020, para calcular o CN e avaliar os impactos das mudanças na cobertura do solo. A pesquisa revelou que a urbanização e a intensificação da agricultura, especialmente o cultivo de soja, aumentaram o CN, resultando em maior escoamento superficial e menor capacidade de infiltração nas áreas modificadas.

A relação entre o tipo de solo e a variabilidade do CN foi destacada em estudos, como o de [6], que apontaram que diferentes grupos hidrológicos influenciam as estimativas de escoamento. Além disso, a classificação dos solos do SCS, baseada em sua permeabilidade, presença de lençol d'água e camadas restritivas. Os valores para o CN variam de 1 a 100 e estão associados a diversos parâmetros fisiográficos como cobertura vegetal, umidade do solo antecedente ao evento e classe do solo [2]. Os solos foram agrupados em quatro categorias : A, B, C e D. Solos dos grupos A e B, com maior capacidade de infiltração, são favoráveis à conservação da água, enquanto os solos dos grupos C e D, mais impermeáveis, contribuem para o aumento do escoamento superficial, afetando negativamente os recursos hídricos e a qualidade ambiental [2,3]. A conversão de áreas naturais em áreas agrícolas tem piorado esses problemas na BHRP, especialmente devido ao cultivo extensivo de soja e à urbanização das regiões adjacentes aos corpos d'água.

A área de estudo, apresenta uma grande diversidade geográfica e hidrológica, com clima tropical do tipo Aw, conforme a classificação de Köppen, caracterizado por invernos secos e verões quentes e chuvosos [3] e características de solos variáveis. Esse clima favorece diferentes tipos de uso do solo, o que resulta em impactos significativos na dinâmica hidrológica, como o aumento do escoamento superficial, especialmente em períodos de chuvas intensas.

¹lcneta@gmail.com

²diuliana.leandro@gmail.com

³samuelbeskow@gmail.com

⁴tamaraleitzkecaldeira@gmail.com

No entanto, a transformação do uso do solo não afeta apenas o regime hidrológico, mas também tem implicações profundas na qualidade da água. O aumento do escoamento superficial, causado pela conversão de vegetação nativa em áreas agrícolas e urbanas, contribui para o assoreamento de rios e a contaminação das águas por sedimentos e poluentes, prejudicando os ecossistemas aquáticos. As áreas urbanas e agrícolas, ao reduzir a cobertura vegetal e impermeabilizar o solo, exacerbam esses problemas, como observado na pesquisa de [4], que ressaltou a importância de restaurar as margens dos corpos hídricos para melhorar a qualidade da água e reduzir os riscos de enchentes.

A pesquisa também destaca que fatores como as mudanças climáticas e o crescimento urbano podem ter influenciado as variações nas vazões dos rios, não sendo possível atribuir exclusivamente a expansão agrícola às reduções observadas nas vazões médias mensais. Isso sugere que o regime hidrológico da BHRP é afetado por uma combinação de fatores, incluindo as práticas de uso do solo, alterações climáticas e o crescimento populacional nas áreas urbanas da região.

Para este trabalho a análise temporal de 1985 a 2023 revelou 12 classes de uso e cobertura do solo na bacia, destacando a expansão agrícola, especialmente a soja, e o crescimento da silvicultura. A partir de 2008, observou-se um aumento significativo nas áreas agrícolas e florestais, o que poderia sugerir uma relação com a alteração do regime hidrológico. No entanto, os resultados deste estudo mostram que a expansão agrícola não está diretamente correlacionada à redução das vazões dos rios monitorados. A redução das vazões médias mensais do Rio Piratini a partir de 2003 não coincide com a expansão agrícola, sugerindo que outros fatores também podem estar influenciando a dinâmica das vazões.

Em conclusão, o estudo sublinha a importância de práticas de manejo sustentável no uso da terra para mitigar os impactos hidrológicos negativos e garantir a conservação dos recursos hídricos e a proteção dos ecossistemas aquáticos. A preservação e restauração da vegetação ripária, o controle da erosão, a adoção de práticas agrícolas sustentáveis e o uso de tecnologias de monitoramento são ações cruciais para a gestão dos recursos naturais da BHRP. Essas medidas são essenciais para promover a sustentabilidade ambiental e garantir a qualidade de vida das populações que dependem desses recursos.

Referências

- [1] MapBiomas - Plataforma de Dados sobre Uso e Cobertura da Terra. Acessado em 10/11/2024. Disponível em: <https://brasil.mapbiomas.org/>.
- [2] Mello, C. R. de; Silva, A. M. e; Beskow, S. *Hidrologia de superfície: Princípios e Aplicações*. 2ª ed. Lavras, MG: 2020.
- [3] Perini, A. B.; Marcuzzo, F.F.N. Mapeamento de área suscetível a inundação no rio Piratini (sub-bacia 88) utilizando diferentes MDE. In: XX SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS HÍDRICOS, 2013, Bento Gonçalves - RS. Anais...
- [4] Sartori, A.; Genovez, A. M. Critérios para classificação hidrológica de solos tropicais brasileiros. XIX Simpósio Brasileiro de Recursos Hídricos, 2011. Disponível em: https://files.abrhidro.org.br/Eventos/Trabalhos/153/2f9a668592daa891f7e7ffe586c87d58_35843b5f83145bfa2820e4bcd0d81ea5.pdf
- [5] Tucci, C. E. M. *Hidrologia: Ciência e Aplicação*. 4. ed. Porto Alegre: UFRGS, 2012.
- [6] Valério, D. A.; Tres, A.; Tetto, A. F.; Soares, R. V.; Wendlin, W. T. Classificação do estado do Rio Grande do Sul segundo o sistema de zonas de vida de Holdridge. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 28, n. 4, p. 1776-1788, 2018.

Modelos de crescimento populacional através de Equações Diferenciais Ordinárias Fuzzy

Diogo Sampaio da Silva¹, Roberto Antonio Cordeiro Prata²,

^{1,2}Departamento de Matemática, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Amazonas, Brasil

Resumo

Uma abordagem clássica ao modelar o comportamento de populações através do tempo é representar a população como uma função real de uma variável dependente do tempo, e por meio de informações sobre sua variação em relação ao tempo, estudar Equações Diferenciais Ordinárias (EDOs) que representem a população [2, 4].

No entanto, ao comparar os modelos resultantes através de EDOs como conhecemos, estes se caracterizam como modelos determinísticos, isto é, dado um instante t , o modelo indica exatamente um único valor possível para a população.. No entanto, ao testarmos empiricamente os modelos, o resultado são apenas dados que se aproximam da previsão.

Na microbiologia preditiva, estudos indicam que certos modelos clássicos de EDOs perdem a capacidade de prever o comportamento populacional de alguns micro-organismos quando submetidos a variações de temperatura [5]. Dentre os modelos estudados, optamos por estudar os modelos logístico modificado (LMZ) e de Gompertz modificado (GOM). Tais modelos se caracterizam por Problemas de Valor Inicial (PVI) através de EDOs. Nossa metodologia utiliza números fuzzy em instantes específicos para representar possíveis desvios nos resultados do modelo. A matemática Fuzzy surge com o trabalho de Zadeh em 1965, através dos conjuntos fuzzy, suas operações, e principalmente, o Princípio da Extensão de Zadeh, que estende funções entre conjuntos clássicos para funções relacionando conjuntos fuzzy [7].

Essencialmente, a Matemática Fuzzy consiste em uma generalização da Matemática clássica, substituindo a dualidade em conceitos como pertinência por gradualidade. Assim, elemento em um conjunto fuzzy possui graus de pertinência ao invés de apenas pertencer ou não. Um número fuzzy, conseqüentemente, generaliza o conceito de número real por meio de gradualidade, indicando não apenas o tamanho dos possíveis desvios de um modelo, mas também até mesmo a possibilidade de ocorrência de tal desvio.

Formalmente, um subconjunto fuzzy A de um conjunto clássico U é

¹diogo.sampaio@ufam.edu.br

²praroberto@ufam.edu.br

identificado como uma função φ_A que associa a cada elemento de U um número no intervalo $[0, 1]$, representando seu grau de pertencimento do elemento ao subconjunto fuzzy, de modo que 0 indica não pertencimento e 1 indica pertencimento total. Se U é um espaço topológico, podemos definir os α -níveis de um subconjunto fuzzy A , para $\alpha \in [0, 1]$. Se $\alpha > 0$, então $[A]^\alpha$ é o conjunto de elementos $x \in U$ com $\varphi_A(x) \geq \alpha$, e se $\alpha = 0$, então $[A]^0$ é o fecho do conjunto de elementos $x \in U$ com $\varphi_A(x) > 0$. Um número fuzzy é um subconjunto fuzzy de \mathbb{R} de modo que todos os seus α -níveis são intervalos compactos não vazios. Uma propriedade essencial é o fato de um número fuzzy poder ser identificado como uma coleção de intervalos compactos encaixantes, indexados no intervalo $[0, 1]$. Isto permite que sua aritmética possa ser expressa por meio da aritmética intervalar [1, 4].

Assim, estudamos os modelos LMZ e GOM apresentados na literatura [5, 6], onde se destacam os valores dos parâmetros μ_{\max} e λ , que ao serem substituídos por números fuzzy, são exemplos do que se chamam números fuzzy f -correlacionados [3]. Através do Princípio de Extensão de Zadeh, expandimos as funções resultantes para funções fuzzy, isto é, funções que associam números reais a números fuzzy. Isto caracteriza nossos modelos como Equações Diferenciais Ordinárias Fuzzy.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Referências

- [1] Bassanezi, R. C. e Barros, L. C. *Tópicos de Lógica Fuzzy e Biomatemática*. UNICAMP/IMECC, Campinas, 2010.
- [2] Bassanezi, R. C. *Modelagem matemática – teoria e prática*. Contexto, São Paulo, 2015.
- [3] Cabral V. M., Prata R. A. C., e Barros, L. C. Operações com números fuzzy f -correlacionados, *Biomatemática*. 23: 15–32, 2013. DOI: (to appear).
- [4] Gomes, L. T., Barros, L. C. e Bede, B. Fuzzy differential equation in various approaches. In *SpringerBriefs in Mathematics*. ISSN: 2191-8198.
- [5] Longhi, D. A., Dalcanton F., Aragão G. M. F. Carciofi, B. A. M. e Laurindo, J. B. Assessing the prediction ability of different mathematical models for the growth of *Lactobacillus plantarum* under non-isothermal conditions, *Journal of Theoretical Biology*, 335:88–96, 2013. DOI: 10.1016/j.jtbi.2013.06.030.
- [6] Longhi, D. A., Dalcanton F., Aragão G. M. F., Carciofi B. A. M. e Laurindo, J. B., Microbial growth models: A general mathematical approach to obtain μ_{\max} and λ parameters from sigmoidal empirical primary models. *Brazilian Journal of Chemical Engineering*. 34: 369–375, 2017. DOI: 10.1590/0104-6632.20170342s20150533

- [7] Zadeh, L. A. Fuzzy sets, *Information and Control*, 3:338–353, 1965. DOI:10.1016/S0019-9958(65)90241-X.



Um estudo sobre internações hospitalares por doenças respiratórias no estado de São Paulo via ajuste de curvas e modelos autorregressivos

Bruna Santos Silva¹, Raphael de Oliveira Garcia², Graciele P. Silveira³

^{1,2}Departamento de Ciências Atuariais, Universidade Federal de São Paulo, Osasco, São Paulo, Brasil

³Departamento de Física, Química e Matemática, Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, São Paulo, Brasil

Resumo

A saúde pública no Brasil enfrenta desafios significativos para garantir a universalização do atendimento e a sustentabilidade do Sistema Único de Saúde (SUS), desde o amplo suporte para a população, até os desafios estruturais que ameaçam sua manutenção. Questões como o subfinanciamento crônico, a desigualdade na distribuição de recursos, a crescente demanda decorrente do envelhecimento populacional e os impactos de eventos externos e/ou inesperados são centrais para se compreender as dificuldades enfrentadas pelo sistema.

Extratos distintos podem ser observados, como as internações decorrentes de doenças do aparelho respiratório, que representam uma parcela significativa dos atendimentos hospitalares no Brasil. Essas patologias, muitas vezes sazonais, são agravadas por fatores ambientais, como poluição e mudanças climáticas, além de apresentarem maior incidência entre grupos vulneráveis, como idosos e crianças.

O objetivo deste estudo foi analisar a evolução dos custos das internações hospitalares por doenças respiratórias, no estado de São Paulo, entre os anos de 2002 e 2020, e prever tendências futuras por meio de técnicas de modelagem estatística. Para isto, foram implementados ajustes de curvas via método dos mínimos quadrados combinando funções polinomiais e trigonométricas, e técnicas estatísticas de séries temporais, a saber, modelos Autorregressivos Integrados de Média Móvel com Sazonalidade (SARIMA ou ARIMA sazonal).

Os dados foram coletados no Sistema de Informações Hospitalares do SUS (SIH/SUS), disponibilizados pelo DATASUS [1], que desde 1984 reúne informações sobre internações hospitalares ocorridas no Brasil. Foram consideradas as Autorizações de Internação Hospitalar (AIHs) pagas por

¹bruna.santos29@unifesp.br

²rogarcia@unifesp.br

³graciele@ufscar.br

local de internação no estado de São Paulo, referentes a diagnósticos de CID-10, isto é, doenças do aparelho respiratório. A Figura 7.6 mostra os valores de internações pagos pelas AIHs, processadas mensalmente entre os anos de 2002 a 2020.

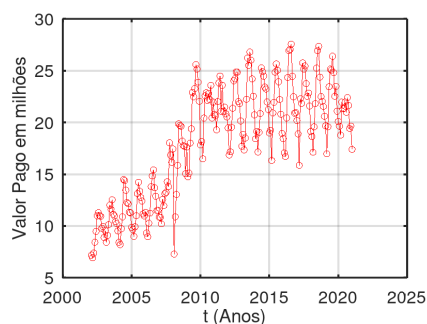


Figure 7.6: Custo mensal, em Reais, com internações por doenças respiratórias em São Paulo. Fonte: Autores.

A partir de uma base polinomial [3], unida com funções trigonométricas, obteve-se a curva apresentada na Figura 7.7, à esquerda. Os dados estão em vermelho, o ajuste de uma parábola em azul (Ajuste 1) e em preto (Ajuste 2) a base completa, isto é, polinomial com *senos* e *cosenos*. Na Figura 7.7 à direita, há uma previsão até 2025 (se não tivesse havido uma pandemia neste intervalo). Os ajustes foram feitos no *Octave*.

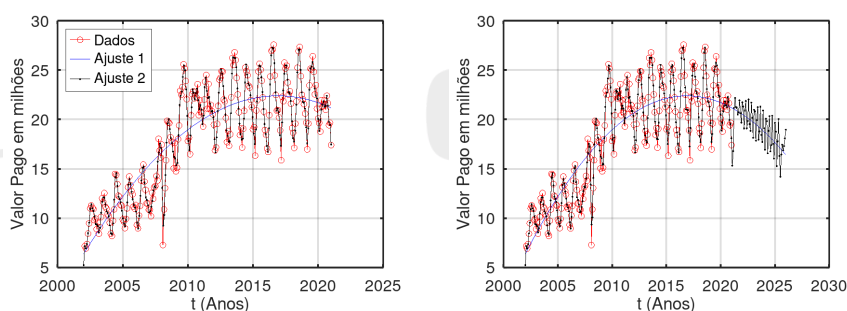


Figure 7.7: Ajuste de Curvas via Método dos Mínimos Quadrados. Fonte: Autores.

Na linguagem *R* foi usado o pacote ARIMA [2], cuja estrutura possui componentes não sazonais e sazonais. As componentes não sazonais incluem um termo autorregressivo, que considera a dependência entre os valores atuais e os períodos imediatamente anteriores; uma diferenciação simples, utilizada para transformar a série em estacionária ao remover a tendência de longo prazo e dois termos de média móvel, para os efeitos

dos erros residuais de períodos anteriores. Já os componentes sazonais incorporam um termo autorregressivo sazonal, para capturar dependências anuais; uma diferenciação sazonal e um termo de média móvel sazonal, que modela as flutuações nos erros sazonais. Assim, o modelo foi capaz de capturar tanto as tendências gerais da série quanto as oscilações sazonais recorrentes, aperfeiçoando a extensão dos dados, conforme mostra a Figura 7.8. Vale ressaltar que o próximo passo da pesquisa consiste em obter as informações do período pandêmico, para que a modelagem seja ampliada de forma a contemplar eventos extremos, como os que foram vivenciados pela sociedade. Testes serão realizados a fim de encontrar um ajuste adequado.

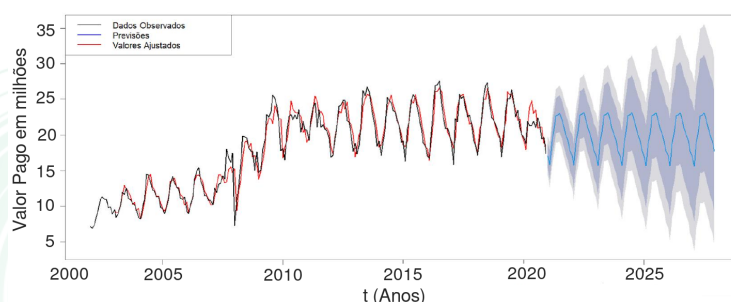


Figure 7.8: Previsão via modelo ARIMA sazonal. Fonte: Autores.

Referências

- [1] DATASUS. Ministério da Saúde do Brasil. Online. Acessado em 14/03/2025, <https://datasus.saude.gov.br/>.
- [2] Morettin, P. A., e Toloi, C. M. C.. *Análise de Séries Temporais: Modelos Lineares Univariados*. Blucher, São Paulo, 2018.
- [3] Ruggiero, M. A. G., e Lopes, V. L. R.. *Cálculo Numérico: Aspectos Teóricos e Computacionais*. Pearson, São Paulo, 2000.

Ajuste de Curva Epidêmica com Minimização de Quadrados Acoplada ao Pacote *ode45* do Matlab

Evandro Estevão Marquesone¹, Luiz Fernando de Souza Freitas²

¹Departamento de Acadêmico de Matemática, Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Cornélio Procopio, Cornélio Procopio, Paraná, Brasil

²Departamento de Ciências da Natureza, Matemática e Educação, Universidade Federal de São Carlos - Campus Araras, Araras, São Paulo, Brasil

Resumo

Ajustar a solução de um modelo matemático epidemiológico aos dados, é uma tarefa muito comum de se encontrar entre modeladores(as). Sobretudo no que diz respeito aos parâmetros envolvidos. Neste trabalho propomos uma minimização de quadrados do erro, entre os dados observados (reais) e a solução do sistema de equações diferenciais que descreve a dinâmica de uma doença infecciosa. A doença em questão é um surto de Influenza, que aconteceu em um internato britânico em 1978, conforme o boletim [2]. Segundo [1], a taxa de infecção e a taxa de recuperação podem ser ajustadas via *método dos quadrados mínimos*. O que faremos a seguir é propor um modelo SIR para descrever a doença, e ajustar a solução desse modelo aos dados, com o intuito de obter valores próximos dos obtidos pelos respectivos autores.

Consideremos então que o surto de influenza pode ser modelado pela lei de ação das massas. Assim um indivíduo suscetível, S , se torna infectado, I , ao entrar em contato com um indivíduo desta classe, a uma taxa β , e que um indivíduo da classe infectado se recupera a uma taxa ν . Com isso, temos o seguinte modelo:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta IS, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - \nu I, \\ \frac{dR}{dt} = \nu I. \end{cases} \quad (7.13)$$

Tal sistema de equações será resolvido com o pacote *ode45* do Matlab [3], que é uma versão do método Runge-Kutta. Para fazer isso, as etapas são as seguintes:

¹marquesone@utfpr.edu.br

²luizfsf@ufscar.br

- entrar com os dados de casos de infectados;
- estipular os valores iniciais para β e v . Digamos β_0 e v_0 ;
- utilizar a função *fminsearch*, do Matlab, para otimizar os parâmetros β e v . O objetivo é minimizar a diferença entre os valores observados de infectados e os valores obtidos pelo modelo SIR, ao ajustar esses parâmetros;
- calcular a soma dos quadrados dos erros entre os dados observados e a solução do modelo SIR;
- resolver novamente as equações diferenciais do modelo SIR utilizando o pacote *ode45*, agora com os valores dos parâmetros obtidos no ajuste;
- plotar o gráfico da solução do modelo obtido da etapa anterior, com os dados observados.

Ao propor os valores iniciais de $\beta_0 = v_0 = 1 \times 10^{-5}$, a solução do sistema de equações (7.13) calculada nos valores observados, está disponível na Figura 7.9.

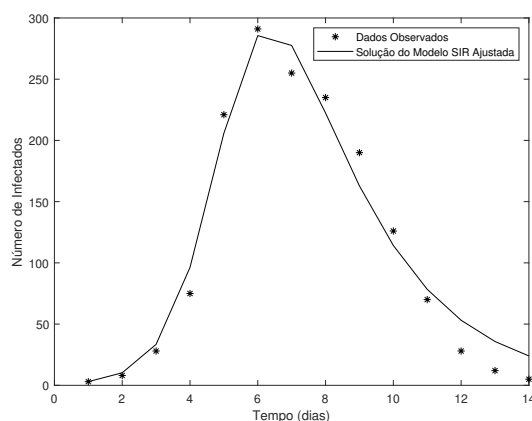


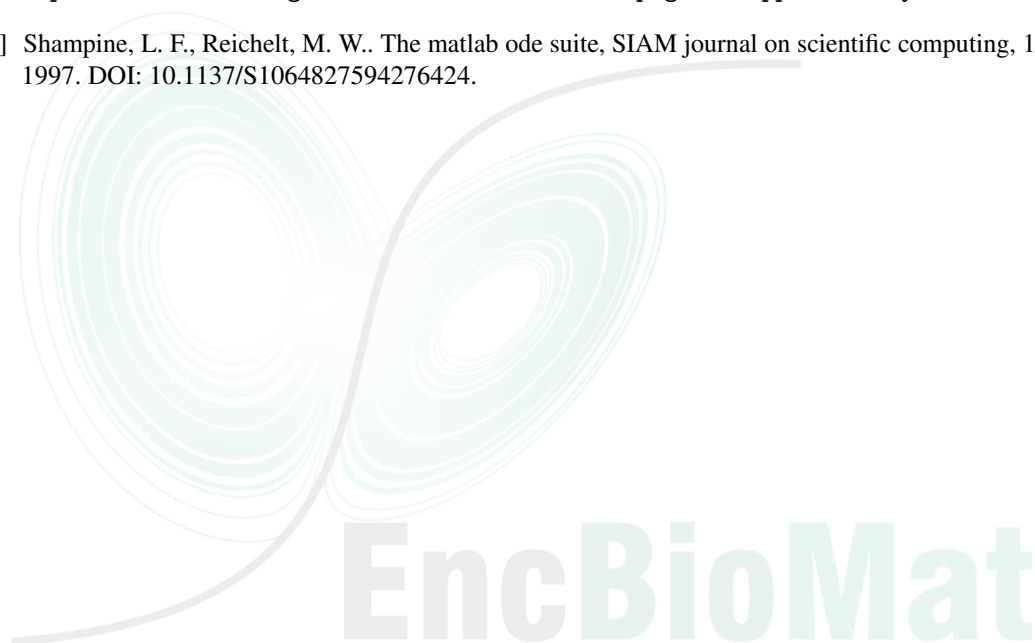
Figure 7.9: Casos de influenza ajustados à solução de infectados do modelo SIR, ao otimizar β e v .

Os valores obtidos pelo programa implementado, ao seguir o roteiro exposto anteriormente, foram $\beta = 0,0022$ e $v = 0,4507$. Já os obtidos em [1] foram $\beta = 0,00217$ e $v = 0,4545\dots$. Podemos observar que os valores obtidos pelo método aqui tratado, são análogos aos obtidos pelo autores citados. Vale chamar a atenção para os valores iniciais. Sua escolha pode resultar em uma solução com valores mais próximos ou mais distantes dos valores em questão. Por esse motivo, o próximo passo deste trabalho é investigar especificamente como a condição inicial afeta no erro quadrático

entre os dados observados e a solução do modelo SIR, e portanto, os valores de β e ν . Na metodologia que desenvolvemos, os valores dos respectivos parâmetros são obtidos para o menor erro entre os dados reais e a solução do modelo SIR, dada uma condição inicial. Mas não há uma garantia de que não haja uma outra condição inicial que minimize ainda mais este erro. Esta é a pergunta a ser respondida em estudos futuros.

Referências

- [1] Keeling, M. J., Rohani, P..*Modeling infectious diseases in humans and animals*. Princeton University Press, Princeton, 2008.
- [2] NEWS AND NOTES. Site do British Medical Journal. Online. Acessado em 08/03/2024, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC1603269/?page=2#supplementary-material1>.
- [3] Shampine, L. F., Reichelt, M. W.. The matlab ode suite, SIAM journal on scientific computing, 1–22, 1997. DOI: 10.1137/S1064827594276424.



A Lógica Fuzzy no diagnóstico de arboviroses

Verônica Aparecida Furlaneto¹, Anna Lígia Oenning Soares², Moiseis dos Santos Ceconello³

¹Graduanda em Matemática-Licenciatura, Universidade Federal do Mato Grosso, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil

^{2,3}Departamento de Matemática, Universidade Federal do Mato Grosso, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil

Resumo

O presente trabalho visa elaborar um diagnóstico de arboviroses, em específico, dengue, chikungunya e zika, através de um controlador Fuzzy. Com o intuito de indicar qual doença corresponde-se da melhor maneira diante do quadro de sintomas apresentado pelo paciente, utilizando recursos tecnológicos para facilitar na elaboração dessas observações.

As doenças estudadas pertencem ao grupo de arboviroses, onde caracterizam-se por serem transmitidas por vetores artrópodes, sendo o seu principal vetor no Brasil a fêmea do mosquito *Aedes aegypti*. A proliferação do vetor é causada por fatores como a urbanização, o crescimento populacional descontrolado, a falta de infraestrutura de saneamento e as condições climáticas que criam um ambiente propício, influenciando, dessa forma, diretamente na transmissão desses arbovírus [1].

Adiante, analisou-se as particularidades de cada doença. Em primeira pesquisa evidencia-se a dengue que é uma doença febril aguda, de caráter sistêmico, dinâmico e debilitante, porém autolimitada. A maioria dos pacientes se recupera, mas alguns podem evoluir para formas graves, podendo até resultar em óbito [3]. Em seguida, têm-se a chikungunya, esta é uma arbovirose causada pelo vírus chikungunya (CHIKV), da família *Togaviridae* e do gênero *Alphavirus*. Os sinais e sintomas são clinicamente parecidos aos da dengue febre de início agudo, dores articulares e musculares, cefaleia, náusea, fadiga e exantema. A principal manifestação clínica que a difere são as fortes dores nas articulações, que muitas vezes podem estar acompanhadas de edema [5]. Por último, examinou-se a infecção pelo vírus Zika que pode ser assintomática ou sintomática. Quando sintomática, pode apresentar quadro clínico variável, desde manifestações brandas e autolimitadas até complicações neurológicas e malformações congênitas. Além da manifestação clínica exantemática febril leve da infecção pelo ZIKV, o

¹veronica.furlaneto@sou.ufmt.br

²anna.soares@ufmt.br

³moiseis.ceconello@ufmt.br

prurido é um sintoma importante durante o período agudo, podendo afetar as atividades cotidianas e o sono [4]. Com essas análises em específico, possibilitou-se encontrar os sintomas presentes em cada uma delas, respectivamente, dengue, chikungunya e zika, evidenciando as indicações mais decorrentes, a fim de aplicar no controlador Fuzzy.

A metodologia adotada refere-se ao Controlador Fuzzy, baseado em um sistema de entradas crisp (ponto de R^n) e saídas crisp (ponto de R^m), seguindo algumas etapas para a construção dessa função: fuzzificação, base de regras, inferência fuzzy e defuzzificação [2].

Inicialmente, têm-se o módulo de fuzzificação, onde são formulados os conjuntos fuzzy das entradas com seus respectivos domínios. Neste processo, desenvolve-se as funções de pertinência de cada conjunto fuzzy, utilizou-se termos linguísticos para as variáveis e cada uma delas corresponde a uma função de pertinência do tipo triangular [2]. A seguir, observa-se as entradas e os intervalos pertencentes:

- Febre: baixa, média e alta; [37.3, 40]
- Dor de cabeça: não e sim; [0, 10]
- Dor muscular: baixa, média e alta; [0, 10]
- Dores nas articulações: baixa, média e alta; [0, 10]
- Edema nas articulações: não e sim; [0, 10]
- Exantema: não e sim; [0, 10]
- Conjuntivite: não e sim; [0, 10]

Em seguida, criou-se uma base de regras, composta por 432 proposições fuzzy e cada uma destas proposições é descrita de forma linguística, conforme o estudo realizado. Abaixo pode-se analisar algumas regras elaboradas:

- R106 - SE a febre é baixa E a dor de cabeça é não E a dor muscular é média E a dores nas articulações é alta E o edema nas articulações é sim E o exantema é não E a conjuntivite é sim ENTÃO a dengue é não, a chikungunya é não, a zika é não.
- R333 - SE a febre é alta E a dor de cabeça é sim E a dor muscular é baixa E a dores nas articulações é média E o edema nas articulações é não E o exantema é sim E a conjuntivite é não ENTÃO a dengue é não, a chikungunya é sim, a zika é não.

A próxima etapa consiste em “traduzir” matematicamente cada proposição fuzzy, ou seja, permite o cálculo da variável de resposta (saída) com base nos valores das variáveis de entrada. Isso ocorre porque os graus de pert-

inência das variáveis de entrada são utilizados para determinar o grau de pertinência da variável de saída [2]. No estudo deste trabalho obteve-se em empregar o método de inferência de Mandani.

Dessa forma, obtêm-se um subconjunto fuzzy, para que a saída seja crisp é necessário fazer uma defuzzificação deste subconjunto, nesse caso fez-se a partir do centro de gravidade que representa a média das áreas de todas as figuras que correspondem aos graus de pertinência de um subconjunto fuzzy [2].

Logo, têm-se uma experimentação do modelo, dadas as entradas: febre (38), dor de cabeça (2), dor muscular (5), dores nas articulações (8), edema nas articulações (6), exantema (9) e conjuntivite (7). Assim, o diagnóstico apresentado é: dengue (2.5079), chikungunya (2.5079) e zika (7.4921).

Referências

- [1] BRASIL. Ministério da saúde. Guia de Vigilância em Saúde. Arboviroses urbanas causadas por vírus transmitidos pelo Aedes: dengue, chikungunya e Zika. Brasília, 2022. 5 ed. Disponível em: <http://plataforma.saude.gov.br/anomalias-congenitas/guia-vigilancia-saude-5ed-rev-actual.pdf>. Acesso em: 15. mar. 2025.
- [2] DE BARROS, Laécio Carvalho; BASSANEZI, Rodney Carlos. Tópicos de lógica fuzzy e biomatemática. Grupo de Biomatemática, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica (IMECC), Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), 2010.
- [3] GOVERNO FEDERAL. Ministério da Saúde. Dengue diagnóstico e manejo clínico: adulto e criança. Online. Acessado em 17/02/2025, <https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/svsa/dengue/dengue-diagnostico-e-manejo-clinico-adulto-e-crianca/view>.
- [4] GOVERNO FEDERAL. Ministério da saúde. Zika Vírus Ministério da Saúde. Disponível em: Zika Vírus Ministério da Saúde. Online. Acessado em 17/02/2025, <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/z/zika-virus>.
- [5] MINISTÉRIO DA SAÚDE. Chikungunya: manejo clínico. Online. Acessado em 17/02/2025, https://bvsmis.saude.gov.br/bvs/publicacoes/chikungunya_manejo_clinico.pdf.

Análise da Estabilidade Local para Modelos Discretos Lotka-Volterra

Mireya Mendiguren Mager¹, Francis Félix Cordova Puma²,

^{1,3} Licencianda de Matemática, Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Blumenau, Brasil

² Departamento de Matemática, Universidade de Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Blumenau, Brasil

Resumo

Este estudo desenvolvido em torno de casos aplicados da interação trófica entre duas espécies (predador-presa), visando aplicar equações em diferenças para modelar e analisar o comportamento dinâmico de sistemas biológicos, com foco no modelo discreto de Lotka-Volterra. A pesquisa teórica, fundamentada em obras clássicas e contemporâneas, como [1], [2] e [3], forneceu os alicerces essenciais para a análise de estabilidade. Como aplicação, consideramos um ecossistema onde predadores e presas interagem, exemplificando como as equações descrevem oscilações populacionais e condições de coexistência. O principal resultado de nosso trabalho é a formulação de condições suficientes para garantir a estabilidade local em torno de pontos de equilíbrio, os quais representam tanto a extinção da espécie predadora quanto a coexistência das duas espécies. Ao adotar uma abordagem de modelagem discreta, este estudo contribui para a divulgação científica, enriquecendo o processo educacional e promovendo uma compreensão mais profunda dos conceitos matemáticos aplicados à biologia.

Modelo Discreto Lotka-Volterra

O modelo discreto de Lotka-Volterra é utilizado para descrever a interação entre duas populações: presas (x_n) e predadores (y_n). O modelo assume que, na ausência de predadores, a presa apresenta um crescimento logístico, enquanto a população de predadores decai exponencialmente na ausência de presas. O sistema é descrito pelas seguintes equações:

$$\begin{cases} x_{n+1} = x_n \left[1 + r \left(1 - \frac{x_n}{K} \right) \right] - b x_n y_n \\ y_{n+1} = (1 - c) y_n + d x_n y_n \end{cases} \quad (7.14)$$

onde r é a taxa de crescimento da presa, K é a capacidade de suporte, b e d são parâmetros de interação entre as espécies, e c é a taxa de decaimento dos predadores. Todos os parâmetros bióticos são estritamente positivos.

Estados de Equilíbrio e Estabilidade Local

A noção de estado de equilíbrio é central para a dinâmica de sistemas discretos. Em áreas como biologia, economia e engenharia, é crucial que as soluções de um sistema converjam para um equilíbrio estável, onde pequenas perturbações não levem a desvios indefinidos. Para analisar a estabilidade de sistemas não lineares, uma abordagem comum é a linearização em torno dos pontos de equilíbrio, que simplifica a análise ao aproximar as equações não lineares por equações lineares. Essa técnica é essencial para entender o comportamento local do sistema e sua capacidade de retornar a um estado previsível.

¹mireya.mendiguren@grad.ufsc.br

²francis.cordova@ufsc.br

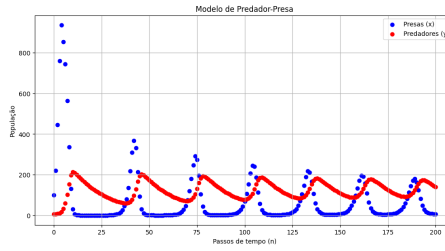


Figure 7.10: Oscilações populacionais predador-presa. Fonte: Elaboração dos autores (2025).

Um elemento \mathbf{E} do domínio da função $f \in C^1$ (continuamente diferenciável num conjunto aberto) é dito ponto ou estado de equilíbrio para o sistema $x_{n+1} = f(x_n)$ se

$$\mathbf{E} = f(\mathbf{E}) \quad (7.15)$$

Definição: Seja \mathbf{E} um ponto de equilíbrio do sistema $x_{n+1} = f(x_n)$.

1. \mathbf{E} é denominado um equilíbrio estável se, dado $\varepsilon > 0$, existe $\delta = \delta(\varepsilon) > 0$ tal que, se $\|x_0 - \mathbf{E}\| < \delta$ então $\|x_n - \mathbf{E}\| < \varepsilon; \forall n \in \mathbb{N}$.
2. \mathbf{E} é denominado equilíbrio instável se não é estável.
3. Um equilíbrio estável \mathbf{E} é denominado equilíbrio assintoticamente estável se existe $\eta > 0$ tal que, se $\|x_0 - \mathbf{E}\| < \eta$ então $\lim_{n \rightarrow \infty} \|x_n - \mathbf{E}\| = 0$.

Teorema de Estabilidade: Sejam X um subconjunto aberto de \mathbb{R}^k e $\mathbf{E} \in X$ um ponto fixo de uma função $f : X \rightarrow X \in C^1$, e seja $J_f(\mathbf{E})$ a matriz jacobiana de f avaliada em \mathbf{E} . Então, as seguintes afirmações são válidas:

1. Se o raio espectral $\rho(J_f(\mathbf{E}))$ for menor que 1, então o sistema $x_{n+1} = f(x_n)$ é um sistema assintoticamente estável.
2. Se $J_f(\mathbf{E})$ for invertível e todo autovalor de $J_f(\mathbf{E})$ tiver módulo maior que 1, então o sistema $x_{n+1} = f(x_n)$ é instável (repulsor).

Demonstração. Ver [1].

Resultados

A estabilidade do sistema é analisada em torno dos pontos de equilíbrio. Utilizamos a linearização do sistema para estudar a estabilidade local. A estabilidade de cada ponto de equilíbrio é determinada pela análise dos autovalores da matriz Jacobiana do sistema. Concluimos que, sob certas condições, o sistema pode ser assintoticamente estável ou instável, dependendo dos parâmetros do modelo. esses resultados são descritos a seguir:

- $\mathbf{E}_1 = (0, 0)$: Extinção de ambas as espécies.
 $c \in (2, +\infty) \implies$ O sistema é instável em torno da origem.
- $\mathbf{E}_2 = (K, 0)$: Extinção dos predadores e presas atingindo a capacidade de suporte.
 - (i) $r \in (0, 2)$ e $c - dK \in (0, 2) \implies$ O sistema é assintoticamente estável em torno do equilíbrio.
 - (ii) $r \in (2, +\infty)$ e $c - dK \in (-\infty, 0) \cup (2, +\infty) \implies$ O sistema é instável em torno do equilíbrio.
- $\mathbf{E}_3 = (\frac{c}{d}, \frac{r}{Kb}(K - \frac{c}{d}))$ e $K \in (\frac{c}{d}, +\infty)$: Coexistência das duas espécies.

$0 < \frac{rc}{dK} \leq 2$ e $K < \frac{c+1}{d} \implies$ O sistema é assintoticamente estável em torno do equilíbrio de coexistência.

Referências

- [1] Krabs, W. e Pickl, S. *Dynamical Systems: Stability, Controllability and Chaotic Behavior*. Springer, 2010.
- [2] Saber, E. *An Introduction to Difference Equations*. Springer, 2005.
- [3] Saber, E. N. *Discrete Chaos: With Applications in Science and Engineering*. CRC Press, 2007.



Modelagem Sazonal para Dinâmica Populacional

Joanny Gonçalves da Rosa¹, Anna Lígia Oenning Soares²

^{1,2}Departamento de Matemática, Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, Mato Grosso, Brasil

Resumo

Este trabalho apresenta modelos de crescimento populacional que contempla a sazonalidade, propondo uma abordagem mais realista do comportamento populacional de espécies que são afetados pelos efeitos das mudanças climáticas no ambiente conforme o período do ano em que se encontra. A compreensão desta dinâmica é de suma importância para o estudo da modelagem da propagação de doenças transmitidas por vetores em que o crescimento populacional tem padrões que se repetem de tempos em tempos, em intervalos específicos. A sazonalidade é incorporada na taxa de crescimento intrínseca dos modelos clássicos de Malthus e de Verhulst, considerando uma função periódica composta por seno e cosseno.

O modelo de Malthus sazonal é dado pelo sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} &= (\alpha_1 \cos(\alpha_2 t + \alpha_3) + \alpha_4 \sin(\alpha_5 t + \alpha_6) + \alpha_7)P \\ P(0) &= P_0 \end{cases} \quad (7.16)$$

cuja solução é dada por $P(t) = P_0 e^{\left(\frac{\alpha_1}{\alpha_2}(\sin(\alpha_2 t + \alpha_3) - \sin(\alpha_3)) - \frac{\alpha_4}{\alpha_5}(\cos(\alpha_5 t + \alpha_6) - \cos(\alpha_6)) + \alpha_7 t\right)}$.

Note que, para $\alpha_7 = 0$ temos que a solução é uma função periódica desde que a razão entre os períodos das funções seno e cosseno seja um número racional. Ademais, para $\alpha_7 > 0$, a população $P(t)$ tende ao infinito para t suficientemente grande, indicando um crescimento ilimitado da população e para $\alpha_7 < 0$, a população $P(t)$ tende a zero para t suficientemente grande, o que representa a extinção da população. Os gráficos da Figura 1 (a) e (b) ilustram o comportamento periódico da solução, sendo que na Figura 2 a solução possui diferentes valores de máximos locais, os valores dos parâmetros para as simulações estão explicitados na Tabela 1.

Table 7.1: Valores dos parâmetros e condição inicial.

Figura	α_1	α_2	α_3	α_4	α_5	α_6	α_7	P_0	k
1 (a)	0	1	1.4	-0.7	0.3	-2.2	0	80	-
1 (b)	2	1	0.5	2.5	0.9	0.7	0	80	-
2 (a)	0.8	1	1.4	-0.7	0.3	-2.2	0	1	10
2 (b)	0.8	1	1.4	-0.7	0.3	-2.2	0.1	1	10

O modelo de Verhulst sazonal é dado pelo sistema de equações diferenciais:

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} &= (\alpha_1 \cos(\alpha_2 t + \alpha_3) + \alpha_4 \sin(\alpha_5 t + \alpha_6) + \alpha_7) \left(1 - \frac{P}{k}\right)P \\ P(0) &= P_0 \end{cases} \quad (7.17)$$

¹joannygoncalves1000@gmail.com

²anna.soares@ufmt.br

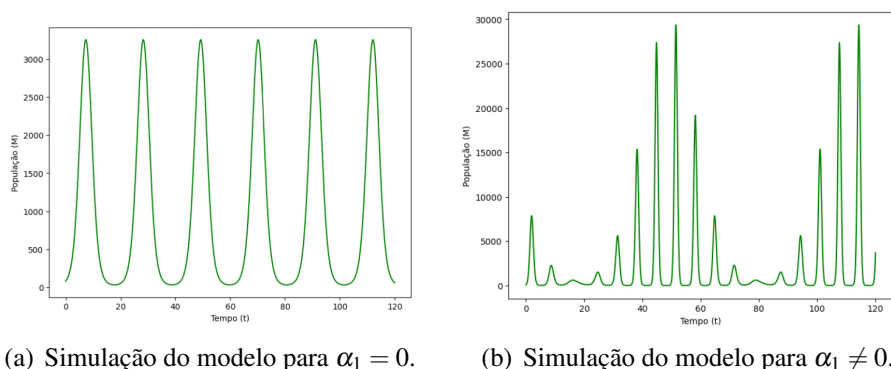


Figure 7.11: Solução do Modelo de Malthus Sazonal

em que a solução é dada por
$$P(t) = \frac{kP_0}{P_0 + (k - P_0)e^{\left(\frac{\alpha_1}{\alpha_2}(\sin(\alpha_2 t + \alpha_3) - \sin(\alpha_3)) - \frac{\alpha_4}{\alpha_5}(\cos(\alpha_5 t + \alpha_6) - \cos(\alpha_6)) + \alpha_7 t\right)}}.$$

De maneira análoga, para $\alpha_7 = 0$ a solução do modelo é periódica desde que a razão entre os períodos das funções seno e cosseno seja racional, para $\alpha_7 > 0$ a população tende a capacidade suporte a medida que o tempo aumenta, refletindo uma adaptação do sistema às limitações de recursos e para $\alpha_7 < 0$ a população tende a zero para o tempo suficientemente grande implicando na extinção da populacional. Os gráficos da Figura 2 ilustram o comportamento da solução do modelo de Verhulst sazonal, os valores dos parâmetros estão exposto na Tabela 1.

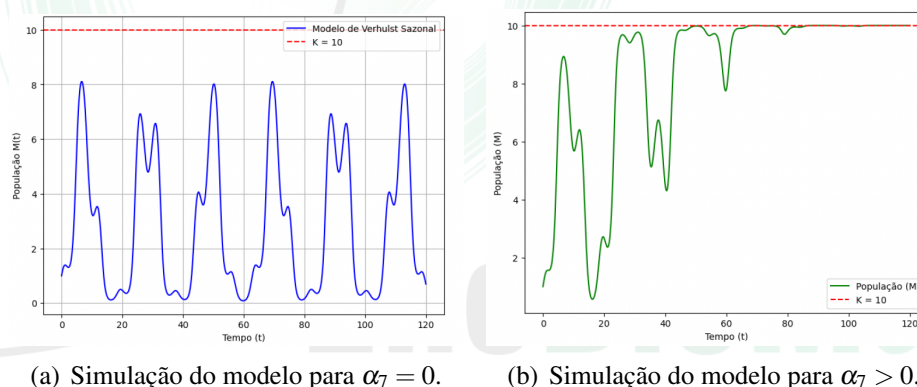


Figure 7.12: Solução do Modelo de Verhulst Sazonal

Referências

- [1] Reis, C. J. Simulação da Dinâmica do Aedes aegypti com Gnumeric: Uma Proposta Interdisciplinar para o Ensino de Progressões e Gráficos de Funções, Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Goiás, 2016.
- [2] Silva, E. S.; Santos, J. M.; Silva, P. S. Modelos de crescimento populacional considerando efeitos sazonais em sistemas do limiar da extinção: uma investigação numérica. Revista de Matemática, v.2 pp:80-93, 2020.
- [3] Tavoni, R. Os Modelos de crescimento populacional de Malthus e Verhulst uma motivação para o ensino de logaritmos e exponenciais. 2013. Dissertação de Mestrado, Universidade Estadual Paulista Júlio De Mesquita Filho, 2013.

- [4] Vilches, T.N.; Ferreira, C.P. Um Modelo para a Dengue com Influência Sazonal. *Tema*, 14, N.3, p. 280-288, 2013.
- [5] Zill, D. G.; Cullen, M. R. *Equações Diferenciais*, Pearson Makron Books, São Paulo, 2001.



A Review of Mean-Field Theory Applied to the Modeling of Performance Estimates of Algorithms for the Common Target Problem in Robotic Swarms

João Victor Neves de Souza Nunes¹, Yuri Tavares dos Passos²,

^{1,2}Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia, Brasil

Abstract

This study presents a literature review centred on the application of Mean-Field Theory (MFT) for modelling performance estimates of algorithms addressing the common target problem in robotic swarms. By employing theoretical approaches related to the many-body problem, this research investigates how MFT, alongside disciplines such as graph theory, chaos theory, and dynamic games, can be harnessed to develop a framework for predicting robots arrival and departure times at a shared common target [4]. Through an review of existing literature and a thorough analysis of various control algorithms, this work aims to refine and enhance performance estimation methods grounded in MFT, thereby making significant contributions to robotic swarms and its practical applications. The anticipated outcomes include a deeper understanding of optimising swarm behaviour, [5] improving task efficiency, and addressing the complexities inherent in multi-agent systems. [3] The deployment of swarm techniques in robotic systems has attracted considerable interest over the past two decades. Large groups of robots, known as swarms, collaborate to tackle complex tasks. A major challenge in this field is developing modelling and control strategies that scale effectively with swarm size. Viewing the swarm as a continuum offers one approach to this challenge. MFT is a powerful method for modelling and managing collective behaviours in robotic swarms, drawing on modelling techniques utilised across the natural sciences, such as fluid dynamics, statistical mechanics, and biology. [1] The theory suggests that the behaviour of an individual agent can be approximated from the average behaviour of all agents in the system.

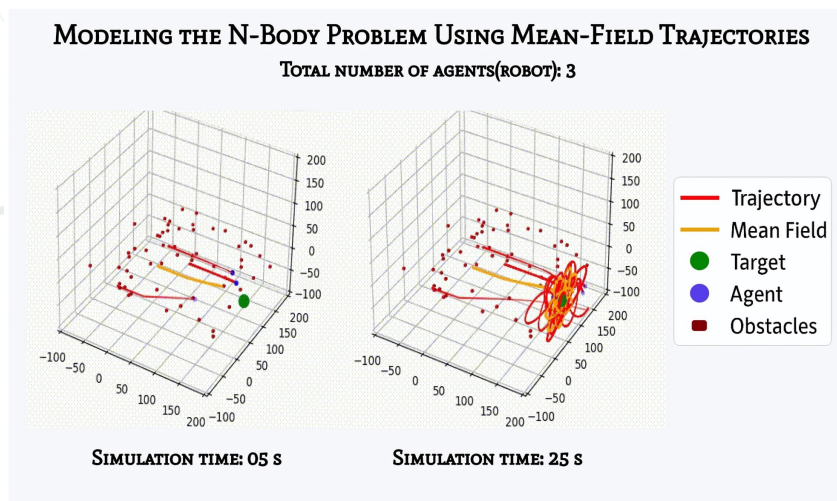


Figure 7.13: Many-body problem. source: Created by the authors.

This theoretical review places significant emphasis on exploring congestion [4], a scenario in which multiple robots compete for an identical endpoint or target as depicted in the figure (7.13), resulting in

¹tiookarin@aluno.ufrb.edu.br

²yuri.passos@ufrb.edu.br

drawbacks such as delayed timelines and heightened energy usage shown in the equation (7.18). Mean field models [2] address this by forecasting the distribution of robots and optimizing group strategies to alleviate these drawbacks. Swarm intelligence algorithms, drawing inspiration from the behaviors of natural organisms, [1] enhance this process. Notably, Lévy flights, [5] mimicking the food-seeking paths of animals like albatrosses, bumblebees, and deer, [3] have been incorporated into these algorithms to boost performance. Extending beyond mere Brownian motion, the study investigates the impact of Lévy flights on collective swarm behavior. To model these intricate phenomena, fractional calculus is employed as a pivotal mathematical tool. This enables the incorporation of 'memory' effects and non-local interactions, thereby refining mean field equations to more accurately represent anomalous diffusion and swarm exploration.

• SWARM DYNAMICS AND COST TO BE MINIMISED

Consider a robot $i \in \{1, \dots, N\}$ at position $r_i(t) = (r_{ix}(t), r_{iy}(t), r_{iz}(t))$ at time t , $\dot{r}_i = \frac{dr_i}{dt}$, $\ddot{r}_i = \frac{d\dot{r}_i}{dt}$, $F_A(T)$ is a force to attract the robot toward a target located at T and F_R is the repulsive force applied to avoid bumping into other robots. The working and target areas are circles with radius D and ε , respectively, centered at T with $D > \varepsilon$. Let t_{ti} and t_{fi} be the time to reach the target area and leave the working region, respectively, and $t_i = t_{ti} + t_{fi}$. After a robot leaves the working area, it heads to a new target located at N_i . All the robots are assumed to be circles of radius d_r . Hence, they have to stay apart from each other by at least $2d_r$. We seek to obtain the maximum time between all robots, that is, $\max_{i \in \{1, \dots, N\}} t_i$ from the following cost equation:

$$J = \max_{i \in \{1, \dots, N\}} (t_{ti} + t_{fi}) + \int_{t_0}^{t_{ti}} \phi_1 \cdot \dot{r}_i dt + \int_{t_0}^{t_{fi}} \phi_2 \cdot \dot{r}_i dt \quad (7.18)$$

with

$$\phi_1 = K_{res} \frac{F_A(T) + F_R}{\|F_A(T) + F_R\|} - K_{dp} \dot{r}_i(t) \quad (7.19)$$

and

$$\phi_2 = K_{res} \frac{F_A(N_i) + F_R}{\|F_A(N_i) + F_R\|} - K_{dp} \dot{r}_i(t) \quad (7.20)$$

subject to

$$\forall i \in \{1, \dots, N\} : \|r_i(t_{ti}) - T\| = \varepsilon, \quad \|r_i(t_{fi}) - T\| = D \quad (7.21)$$

and

$$\forall j \in \{1, \dots, N\}, j \neq i : \|r_i - r_j\| \geq 2d_r. \quad (7.22)$$

The coefficient K_{res} determines the magnitude of the resultant force obtained by the attractive and repulsive forces, while K_{dp} governs motion dissipation, reducing oscillations and smoothing trajectories as the robots move towards their targets.

Referências

- [1] Couzin, I., Krause, J., Franks, N. et al. Effective leadership and decision-making in animal groups on the move. *Nature* 433, 513516 (2005). doi: <https://doi.org/10.1038/nature03236>
- [2] Elamvazhuthi K, Berman S. Mean-field models in swarm robotics: a survey. *Bioinspir Biomim*. 2019 Nov 6;15(1):015001. doi: <https://doi.org/10.1088/1748-3190/ab49a4>. PMID: 31574492.
- [3] Li, Y., & Tan, C. (2019). A survey of the consensus for multi-agent systems. *Systems Science & Control Engineering*, 7(1), 468482. doi: <https://doi.org/10.1080/21642583.2019.1695689>
- [4] Passos, Y. T. Congestion control of robotic swarms in the common target problem: theory and algorithms. *Swarm Ad Hoc Follower*, 2023. doi: <https://doi.org/10.17635/lancaster/thesis/2184>.
- [5] Hüseyin Haki, Harun Uuz, A novel particle swarm optimization algorithm with Levy flight, *Applied Soft Computing*, Volume 23, 2014, Pages 333-345, ISSN 1568-4946, doi: <https://doi.org/10.1016/j.asoc.2014.06.034>.