



# II Encontro de Biomatemática

IMECC-UNICAMP, de 21 à 23 de Fevereiro de 2018.

## Boletim Digital



[www.ime.unicamp.br/~encbiomat2018](http://www.ime.unicamp.br/~encbiomat2018)



[encbiomat@gmail.com](mailto:encbiomat@gmail.com)

### Apoio







EncBioMat

21 à 23 de Fevereiro de 2018

# II Encontro de Biomatemática



[www.ime.unicamp/~encbiomat2018](http://www.ime.unicamp/~encbiomat2018)



[encbiomat@gmail.com](mailto:encbiomat@gmail.com)

## Sumário

1	Apresentação .....	5
2	Agradecimentos .....	7
3	Comissões .....	9
<b>I</b>	<b>Minicurso</b>	
4	Minicurso .....	13
<b>II</b>	<b>Palestras</b>	
5	Palestras .....	17
<b>III</b>	<b>Comunicações Orais</b>	
6	Comunicações Orais .....	29
<b>IV</b>	<b>Pôsteres</b>	
7	Pôsteres .....	91





EncBioMat

21 à 23 de Fevereiro de 2018

# II Encontro de Biomatemática



[www.ime.unicamp/~encbiomat2018](http://www.ime.unicamp/~encbiomat2018)



[encbiomat@gmail.com](mailto:encbiomat@gmail.com)

## 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 e;
4. Divulgar os trabalhos feitos nos grupos de Biomatemática a que pertencem os participantes, fomentando demandas reais.

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 contará com 8 seções de palestras plenárias; um minicurso sobre “Ecologia espacial”, 18 comunicações orais e a sessão de pôsteres.

A Comissão Organizadora dá as Boas Vindas a todos os participantes que irão prestigiar o evento, que está em sua segunda edição, e esperamos que nosso “Encontro de Biomatemática” contribua ainda mais para o fortalecimento desta área de pesquisa.

### Realização







## 2. Agradecimentos

Ao Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica (IMECC), que está completando 50 anos em 2018. Temos o prazer de ter o II EncBioMat como primeiro evento científico realizado neste ano comemorativo no IMECC.

Ao Departamento de Matemática Aplicada (DMA), à Pró-reitoria de Pesquisa-UNICAMP e à Sociedade Brasileira de Matemática Aplicada e Computacional (SBMAC) pelo apoio ao evento.

E a todos os participantes do II Encontro de Biomatemática - II EncBioMat, por prestigiarem o evento.

EncBioMat





## 3. Comissões

### Comissão Organizadora

Prof. Dr. Hyun Mo Yang  
Prof. Dr. João Frederico da Costa Azevedo Meyer  
Prof. Dr. Rodney Carlos Bassanezi  
Prof. Dr. Wilson Castro Ferreira Junior

Roberta Regina Delboni  
Evandro Estevão Marquesone  
Felipe Alves Rubio  
Francisco Carpegiani Medeiros Borges  
Luis Pedro Lombardi Junior  
Daniel Eduardo Sanchez Ibanez

### Comissão Científica

Prof. Dr. Artur César Fassoni (UNIFEI)  
Profa. Dra. Cláudia Pio Ferreira (UNESP - Botucatu)  
Profa. Dr. Geraldo Lucio Diniz (UFMT)  
Prof. Dr. Laecio Carvalho de Barros (UNICAMP)  
Profa. Dra. Luciana Takata Gomes (UFSCAR - Sorocaba)  
Prof. Dr. Luiz Alberto Díaz Rodrigues (UFSM)  
Prof. Dr. Roberto Carlos Thomé (CEFET - RJ)  
Profa. Dra. Rosana Sueli da Motta Jafelice (UFU)  
Profa. Dra. Silvia Martorano Raimundo (USP)





# Minicurso





EncBioMat

21 à 23 de Fevereiro de 2018

# II Encontro de Biomatemática



[www.ime.unicamp/~enbiomat2018](http://www.ime.unicamp/~enbiomat2018)



[enbiomat@gmail.com](mailto:enbiomat@gmail.com)

## 4. Minicurso

### Ecologia Espacial

Roberto A. Kraenkel. Instituto de Física Teórica - UNESP. São Paulo, SP.

#### Resumo

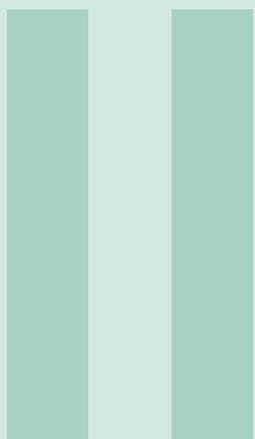
O curso aborda a dinâmica de populações no tempo e no espaço. A abordagem se fará através de equações diferenciais parciais envolvendo difusão e não-linearidade. Serão também discutidas as aplicações dos resultados no contexto ecológico.

1. A equação de Fisher-Kolmogorov.
2. Domínios finitos e o problema do tamanho crítico de um habitat.
3. Equações de reação-difusão.
4. Espécies interagentes em domínios finitos.
5. Métodos de aproximação para equações de reação-difusão.

#### Referências

- [1] J. D. Murray, Mathematical Biology I and II (Springer, Berlin, 2001).
- [2] M.A. Lewis, S.V. Petrovskii e J.R. Potts, The Mathematics Behind Biological Invasions (Springer, Berlin, 2016).
- [3] A. Okubo e S.A. Levin, Diffusion and Ecological Problems (Springer, Berlin, 2001).





# Palestras





EncBioMat

21 à 23 de Fevereiro de 2018

# II Encontro de Biomatemática



[www.ime.unicamp/~encbiomat2018](http://www.ime.unicamp/~encbiomat2018)



[encbiomat@gmail.com](mailto:encbiomat@gmail.com)

## 5. Palestras

### Modelos de Redes de Mapas Acoplados para problemas de Manejo Integrado de Pragas

Diomar C. Mistro<sup>1</sup>, Luiz Alberto Díaz Rodrigues<sup>2</sup>, Laura Dalmolin<sup>3</sup>,  
Henrique Bevilaqua Cerezer<sup>4</sup>

<sup>1,2</sup>Departamento de Matemática, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS

<sup>3,4</sup>Programa de Pós-Graduação em Matemática, UFSM, Santa Maria, RS

#### Resumo

O uso crescente de pesticidas em plantações e o aumento da resistência de insetos a estes produtos químicos têm se tornado uma das grandes preocupações da atualidade. Preocupação justificada pelos danos causados ao ambiente e à saúde humana provocados pelo uso indiscriminado de tais produtos. Neste contexto, visando a minimização destes problemas, surgiu um novo conceito de controle de pragas denominado Manejo Integrado de Pragas (MIP). Segundo [2], o MIP consiste no uso de diversas técnicas de controle, aplicadas isoladamente ou associadas simultaneamente, numa estratégia de manejo baseada em análises custo/benefício que levam em consideração o interesse e/ou impacto nos produtores, sociedade e ambiente.

A modelagem matemática tem sido uma importante ferramenta de análise de métodos propostos pelo MIP, pois através destes modelos podemos descrever diversos tipos de interações entre espécies e explorar diferentes estratégias de controle da população de

<sup>1</sup>dcmistro@ufsm.br

<sup>2</sup>ladiazrodrigues@gmail.com

<sup>3</sup>lauradalmolin3@gmail.com

<sup>4</sup>henriquecereser@gmail.com

insetos-praga. As Redes de Mapas Acoplados (RMA) [1], em particular, oferecem grande flexibilidade pois, como o tempo e o espaço são variáveis discretas, permitem incorporar diferentes comportamentos de movimentação e tratar de uma grande variedade de situações.

Nesta palestra, apresentamos modelos descritos via RMA para analisar diferentes estratégias de controle de pragas na agricultura.

## Referências

- [1] H. M. Comins, M. P. Hassell and R. M. May, The Spatial Dynamics of Host-Parasitoid Systems. *Journal of Animal Ecology*. Volume 61, 735-748, 1992.
- [2] Kogan, M. Integrated pest management: historical perspectives and contemporary developments. *Annual review of entomology*, volume 43, 243-270, 1998.



---

## A Modelagem Fuzzy no Auxílio na Tomada de Decisão

Elaine Cristina Catapani Poletti<sup>1</sup>, Laura Beatriz Alvez<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Professora na Divisão de Ambiental, FT-UNICAMP, Limeira-SP

<sup>2</sup>Doutoranda no Programa de Pós-graduação em Tecnologia, FT-UNICAMP, Limeira-SP

### Resumo

A modelagem fuzzy desde o seu surgimento com Loft Zadeh, em 1965, tem se desenvolvido e possibilitado uma série de estudos de fenômenos e auxílios na tomada de decisão que vão de setores da área de humanas à área de exatas ou biológicas propiciando modelamentos que constituem avanços que vêm se mostrando interessantes e produtivos. Desta forma, a proposta aqui é apresentar um estudo de avaliação e classificação de amostras de leite cru no tocante à sua regularidade. É sabido que, não obstante, alterações em amostras de leite são constatadas com o objetivo, comumente, aumento de ganhos ligados à venda do produto. Tais adulterações comprometem a qualidade do produto e sua composição e podem apresentar consequências graves, inclusive no âmbito da saúde. Assim sendo, desenvolveu-se uma técnica de análise de composição do leite sem interferência em propriedades físico-químicas a partir de um modelamento fuzzy como um sistema de apoio à decisão, utilizando-se de alguns coeficientes tais como coeficiente de atenuação e velocidade de propagação de ondas do produto, sob diversas diluições, medidos através de um equipamento de ultrassom. Os resultados das experimentações alimentaram um sistema de apoio à decisão baseado em regras fuzzy e possibilitaram o desenvolvimento de um método alternativo de análise e verificação de regularidade do produto.

### Referências

- [1] Centro Integrado de Monitoramento da Qualidade dos Alimentos. CQuali Leite. 2014.
- [2] EMBRAPA. Gado de Leite. Panorama do leite. 2013.
- [3] L. C. Barros, R. C. Bassanezi, *Tópicos de Lógica Fuzzy e Biomatemática*. Campinas-SP. UNICAMP. IMECC. 2006.
- [4] L. A. ZADEH. *Fuzzy Sets. Information and Control*, 1965.
- [5] Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Brasil. RIISPOA. 1952.

---

<sup>1</sup>elainec@ft.unicamp.br

<sup>2</sup>mbernardes@uftpr.edu.br

## **Alguns usos de modelos em estudos de ecologia de populações de plantas**

Flavio Antonio Maës dos Santos,  
Departamento de Biologia Vegetal, IB, UNICAMP.

### **Resumo**

O desenvolvimento e aprimoramento de modelos em estudos de ecologia de populações de plantas tem crescido a cada ano. Os modelos possibilitam a descrição do comportamento passado de populações e a predição de comportamentos futuros dados alguns cenários. O objetivo é discutir alguns usos e limitações com base em estudos sendo desenvolvidos no Laboratório de Ecologia Vegetal.



---

## Acoplamento de diferentes métodos e técnicas para o estudo de problemas em Biomatemática

Graciele P. Silveira<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Física, Química e Matemática, Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, Brasil.

### Resumo

Nas últimas décadas, em diversas áreas inclusive da saúde, problemas cada vez mais complexos têm surgido e desafiado a humanidade à tentar solucioná-los e à oferecer respostas complexas, em tempo menor.

O desejo e a necessidade de resolver esses problemas impulsionaram o desenvolvimento da tecnologia dos computadores, tanto em velocidade de processamento, quanto em capacidade de armazenamento de informações, o que favoreceu sua utilização na modelagem de sistemas multivariáveis.

Em muitos modelos propostos, a interdisciplinaridade surge por meio do acoplamento de diferentes métodos do saber científico, colaborando para a incorporação das informações selecionadas como essenciais. Por exemplo, a utilização de ferramentas matemáticas clássicas, como as equações diferenciais e processos estocásticos, juntamente com ferramentas não clássicas como a lógica fuzzy, tem demonstrado grande aplicabilidade em muitos problemas, como os epidemiológicos [1].

O objetivo aqui é discutir sobre diferentes formas de interdisciplinaridade, que vêm sendo empregadas em problemas de Biomatemática. Desse modo, pretende-se apresentar um levantamento de pesquisas que abordam o acoplamento de metodologias na modelagem matemática de problemas biológicos, processo este que envolve a formulação das equações diferenciais, a escolha dos métodos numéricos apropriados, mecanismos para se optar por diferentes métodos no mesmo problema e a definição de meios para a estimativa de parâmetros (como estocásticos ou fuzzy) [2], [3].

### Referências

- [1] E. Massad, N. R. S. Ortega, L. C. Barros, and C. J. Struchiner. *Fuzzy logic in action: Applications in epidemiology and beyond*. Springer, Berlin, 2008.
- [2] G. P. Silveira and L. C. Barros, Analysis of the dengue risk by means of a Takagi-Sugeno-style model, *Fuzzy Sets and Systems*, 2013. DOI: 10.1016/j.fss.2015.03.003.
- [3] G. P. Silveira and L. C. Barros, Numerical methods integrated with fuzzy logic and stochastic method for solving PDEs: An application to dengue, *Fuzzy Sets and Systems*, 2013. DOI: 10.1016/j.fss.2013.04.003.

---

<sup>1</sup>graciele@ufscar.br

## Dinâmica do vírus varicella-zoster

Lucy T. Takahashi <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade Federal de Juiz de Fora, UFJF, Juiz de Fora, MG.

### Resumo

O vírus varicella-zoster é o agente causador da varicela, doença popularmente conhecida como catapora, e da herpes-zóster, conhecida como cobreiro, no Brasil. A varicela resulta da infecção primária do vírus, que pode ser transmitido pelo contato direto entre indivíduos suscetíveis e infecciosos ou de secreções respiratórias. Já o cobreiro é causado pela reativação do vírus que ficou latente na raiz ganglionar dorsal, ocorre, em geral, quando o sistema imunológico está menos efetivo devido a alguma doença e, ou, a idade.

No Brasil a varicela é uma doença endêmica, típica da infância e da adolescência, e com surtos mais acentuados durante o inverno, ocorrendo com periodicidade de 3 a 4 anos. O ritmo acelerado da vida moderna diminui a qualidade de vida das pessoas e as tornam mais vulneráveis, contribuindo assim, com um aumento dos casos de varicela e de herpes-zoster. Tanto a varicela quanto a herpes-zóster não são consideradas doenças letais, mas dependendo das condições dos hospedeiros as internações hospitalares fazem-se necessárias, o que gera um alto custo para a recuperação destes, além do risco de morte.

Nossos questionamentos nesse estudo foram: Em que se baseia a dinâmica desse vírus para se fazer presente na população, sendo o homem o seu único hospedeiro? A vacinação é um tipo de controle viável? Buscando responder a esses questionamentos, num primeiro momento, propomos modificações no modelo apresentado em Vieira & Takahashi [2], visando uma formulação mais realística para a dinâmica da varicela e da herpes-zóster. Verificamos assim a ocorrência de bifurcações de Hopf, utilizando as técnicas apresentadas em [4]. A existência dessa bifurcação é uma explicação matemática para a permanência do vírus na população e para o surgimento dos surtos periódicos. Num segundo momento ao inserir a vacinação, no modelo, verificamos uma redução no número de infectados, mostrando a sensibilidade do modelo em relação a esta forma de controle. No entanto, uma questão que levamos em consideração no contexto de vacinação é o custo total (com a vacinação e com o tratamento dos infectados) quando se realiza esse controle ou não. Verificamos que a vacinação da população é uma medida de controle eficaz e minimiza o custo total.

### Referências

- [1] E. M. Ferreira, *Controle Ótimo: custos no controle de propagações populacionais*. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora - MG, 2015.
- [2] A. L. Vieira e L. T. Takahashi, A Sobrevivência do Vírus varicela-zoster, *Bio-matemática*, v. 19, p. 109-124, 2009.
- [3] A. L. Vieira. *Bifurcação de Hopf em um Modelo para a Dinâmica do Vírus varicela-zoster*, Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2011.

---

<sup>1</sup>lucy.takahashi@ice.ufjf.br

- 
- [4] J. M. Sotomayor Tello, L. F. Mello, D. B. Santos e D. C. Braga, Bifurcation analysis of a model for biological control, *Mathematical and Computer Modelling*, v. 48, p. 375-387, 2008.
- [5] B. Shulgin and L. Stone, Z. Agur, Pulse vaccination strategy in the SIR epidemic model. *Bulletin of Mathematical Biology*. v. 60, n. 6, p. 1123-1148, 1998.



## **Quimioimunoterapia para a leucemia linfocítica crônica: um modelo matemático simples**

Diego Samuel Rodrigues e Paulo Fernando de Arruda Mancera  
UNESP, Botucatu, SP.

### **Resumo**

Um modelo matemático de equações diferenciais ordinárias é considerado para analisar condições de cura neoplásica via imunoterapia e quimioterapia para a leucemia linfocítica crônica. A combinação de ambas terapias pode ser efetiva se a quimioterapia não for um fator limitante para a eficácia da imunoterapia.



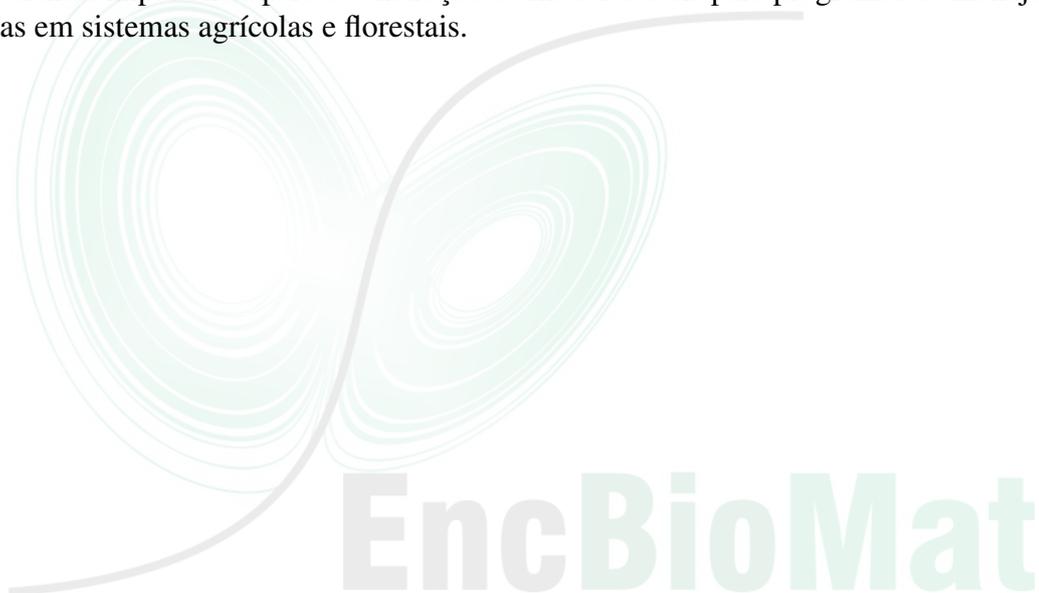
---

## **Perspectivas em modelagem ecológica aplicada à entomologia agrícola**

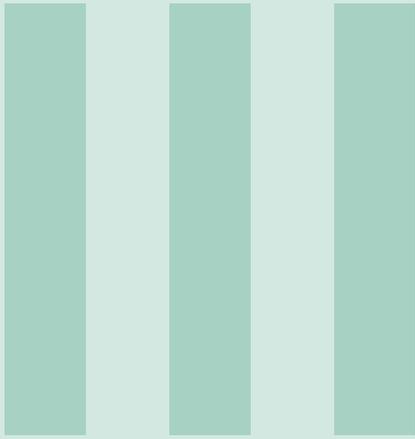
Wesley Augusto Conde Godoy,  
ESALQ - Piracicaba. SP.

### **Resumo**

A modelagem ecológica pode ter papel fundamental na descrição de processos demográficos importantes para a dinâmica populacional de pragas agrícolas. Os modelos ecológicos, além de tornarem possível a visualização de padrões ecológicos importantes para o estabelecimento do conceito de praga, podem também descrever padrões inerentes de relações tróficas relevantes para o controle biológico de pragas, como por exemplo, interações presa-predador, hospedeiro-patógeno ou hospedeiro-parasitoide, interações comumente presentes em cenários agroflorestais. Nesta oportunidade apresentaremos ingredientes importantes para a construção de modelos úteis para programas de manejo de pragas em sistemas agrícolas e florestais.







# Comunicações Orais





EncBioMat

21 à 23 de Fevereiro de 2018

# II Encontro de Biomatemática



[www.ime.unicamp/~encbiomat2018](http://www.ime.unicamp/~encbiomat2018)



[encbiomat@gmail.com](mailto:encbiomat@gmail.com)

## 6. Comunicações Orais

### A estratégia reprodutiva do hospedeiro favorece o estabelecimento de cupins inquilinos em cupinzeiros

Vinícius B. Rodrigues<sup>1</sup>, Elio Tuci<sup>2</sup>, Horst Holstein<sup>3</sup>, Miriam S. Bowen<sup>4</sup>,  
Diogo A. Costa<sup>5</sup>, Lucy T. Takahashi<sup>6</sup>, Paulo F. Cristaldo<sup>7</sup>, Og DeSouza<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Termitologia, Departamento de Entomologia, Universidade Federal de Viçosa

<sup>2</sup> Department of Computer Science, Middlesex University London

<sup>3</sup> Department of Computer Science, Aberystwyth University

<sup>4</sup> Department of Mathematics, Warwick University

<sup>5</sup> Departamento de Zoologia, Universidade do Estado do Mato Grosso

<sup>6</sup> Laboratório de Pesq. em Matemática Aplicada, ICE, Universidade Federal de Juiz de Fora

<sup>7</sup> Departamento de Ecologia, Universidade Federal de Sergipe

### Introdução

A coabitação de diferentes espécies de cupins em um ninho inicialmente construído por uma delas, é chamada de inquilinismo. Os relatos dessa interação na literatura são de longa data [4] e ainda continuam sendo frequentemente documentados. No entanto, os mecanismos responsáveis pela coabitação inquilino-hospedeiro ainda são incipientes. Sabe-se que existe uma correlação positiva entre a presença dos inquilinos e a reprodução da colônia hospedeira [3]. Mas por que isso acontece? Nossa hipótese é que ocorre uma diminuição na defesa do ninho hospedeiro decorrente da reprodução. A reprodução é

<sup>1</sup>[viniciusbrbio@gmail.com](mailto:viniciusbrbio@gmail.com)

um processo prioritário e energeticamente custoso e compete diretamente com demais castas estéreis pelos recursos disponíveis [1]. A casta de soldados é estéril e especializada na defesa do ninho e, devido às suas características morfológicas, são incapazes de se alimentarem sozinhos, necessitando dos operários para isso, o que representa um elevado custo energético. Neste trabalho, esse conflito energético entre reprodução  $\times$  defesa foi desenvolvido e testado teoricamente, através de um modelo matemático, e empiricamente, com experimentos de campo, com o cupim construtor *Constrictotermes cyphergaster* (Blattodea, Isoptera, Termitidae, Nasutitermitinae) e seu inquilino obrigatório *Inquilinitermes microcerus* (Blattodea, Isoptera, Termitidae, Termitinae) (Silvestri, 1901).

## Desenvolvimento

O modelo matemático proposto, sistema (6.1), foi baseado no de Oster & Wilson (1978) [2] que descreve a variação do investimento energético nas castas (e suas respectivas funções) em colônias de insetos sociais ao longo do tempo, mas que não considera a presença de soldados verdadeiros. Consideramos a população de cupins,  $C$ , dividida em 3 diferentes castas: a dos operários ( $w$ ), a dos soldados ( $d$ ), e a dos reprodutivos alados ( $s$ ). O tamanho de cada uma destas castas varia em relação ao tempo,  $t$ . Assim, no tempo  $t$  a população total é dada por  $C(t) = w(t) + d(t) + s(t)$ .

Os recursos adquiridos pela colônia são distribuídos entre as castas. Os operários recebem a fração  $1 - u(t)$  dos recursos disponíveis, e as demais castas (soldados e reprodutivos) recebem a fração  $u(t)$ , onde  $0 \leq u(t) \leq 1$ . Os recursos disponíveis na fração  $u(t)$ , por sua vez, são divididos entre a casta de reprodutivos, que recebem a fração  $1 - a(t)$ , e a casta dos soldados, que recebem a fração  $a(t)$ ;  $a$  também depende do período em que se encontra a colônia e  $0 \leq a(t) \leq 1$ . A capacidade de coletar recursos pelos operários é representado por  $\alpha$  enquanto o recurso disponível é dado por  $\gamma$ , veja Eq. 6.3. A mortalidade dos indivíduos pode ser reduzida pela proteção,  $P$ , proporcionada pelos soldados (ver Eq.6.2). A taxa de crescimento,  $\gamma$ , da colônia está relacionada com a produtividade dos operários  $w$ , que é dada pela diferença entre o recurso coletado e o consumo desses recursos pelas castas, veja Eq. 6.3. Cada casta possui uma dinâmica diferente e, portanto, consideramos  $\mu_w$ ,  $\mu_d$  e  $\mu_s$  as taxas de mortalidade distintas para as castas operários, soldados e reprodutivos, respectivamente. Afim de analisar esta dinâmica populacional definimos um sistema acoplado de equações diferenciais ordinárias:

$$\begin{cases} \dot{w} &= (1 - u(t))\gamma(t)w(t) - \mu_w w(t)P \\ \dot{d} &= u(t)a(t)\gamma(t)w(t) - \mu_d d(t) \\ \dot{s} &= (1 - a(t))u(t)\gamma(t)w(t) - \mu_s s(t)P \end{cases} \quad (6.1)$$

onde,  $(\dot{\phantom{x}})$  representa a diferenciação no tempo  $d/dt$ ,

$$P = 1 - \tanh\left(k \frac{d(t)}{w(t) + s(t)}\right) \quad (6.2)$$

$$\gamma = (\gamma_0 - \alpha w(t)) \left(1 + \tanh\left(k \frac{d(t)}{w(t) + s(t)}\right)\right). \quad (6.3)$$

Em relação ao teste empírico, foi realizado um censo completo dos indivíduos das colônias. Para isso, ninhos de *C. cyphergaster* foram selecionados de acordo com o volume e levados

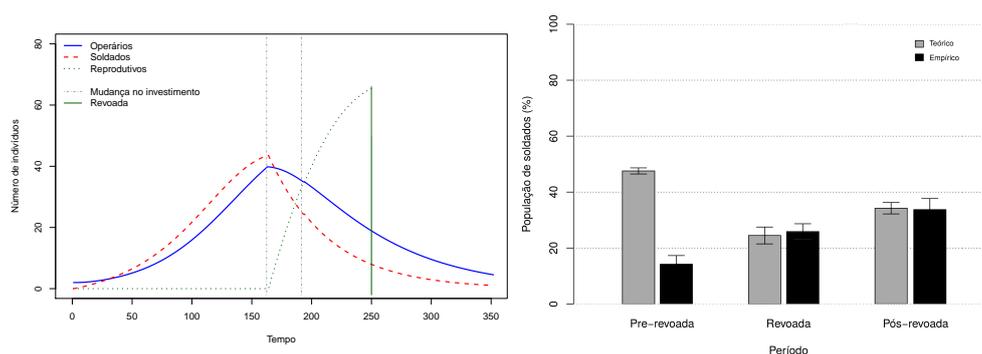


Figure 6.1: Estratégia de investimento para as colônias de cupins (direita) e comparação entre a predição teórica e os dados de campo. Foram utilizados os seguintes parâmetros: tempo  $T=350$ , produtividade  $\gamma_0=0,05$ ,  $\alpha=0,0008$  e mortalidade: operários  $\mu_w=0,015$ , reprodutivos  $\mu_s=0,10$  e soldados  $\mu_d=2 \times \mu_s$ .

ao laboratório. Os ninhos foram quebrados e todos indivíduos visíveis foram coletados e armazenados em álcool 80%. Parte dos resultados estão apresentados nas Figura 1.

## Conclusões

Verificamos que, de fato, o início do período reprodutivo e a subsequente produção de alados afeta negativamente a defesa das colônias. O modelo teórico proposto mostrou que para um incremento na produção de reprodutivos é necessário uma redução do investimento em soldados, uma vez que a produção de recursos é limitada. Essa predição, por sua vez, foi testada e confirmada em experimentos de campo. A produção de soldados na colônia é afetada negativamente pela reprodução do hospedeiro. Assim, durante a reprodução ocorre uma “janela de oportunidades” para a invasão do ninho pelo inquilino.

## Referências

- [1] G. de Jong e A.J. van Noordwijk. Acquisition and allocation of resources: Genetic (co)variances, selection, and life histories. *American Naturalist*, 139(4):749-770, 1992.
- [2] G.F. Oster e E.O. Wilson. Caste and ecology in the social insects, volume 12 of Monographs in Population Biology. Princeton University Press, 1st edition, 1978. ISBN: 9780691023618.
- [3] V.V. Rodrigues. Interações populacionais e individuais entre cupins inquilinos e hospedeiros. PhD thesis, Universidade Federal de Viçosa, 2017.
- [4] F. Silvestri. Contribuzione alla conscenza dei Termitidi e Termitofili dell' Africa meridionale. *Reida*, 1:1-234, 1903.

## Análise Qualitativa do Ponto Trivial do Modelo da Dengue

Anna Lígia Oenning Soares<sup>1</sup>, Rodney Carlos Bassanezi<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Bolsista da FAPEMAT - Doutorado em Matemática Aplicada, Unicamp, Campinas, SP

<sup>2</sup>Departamento de Matemática Aplicada, Unicamp, Campinas, SP

### Introdução

Apresentaremos um modelo que descreve a dinâmica de transmissão da dengue baseado no modelo proposto por [1], onde incluiremos dinâmica vital tanto para a população humana, quanto para os mosquitos e morte induzida pela doença, as funções que modelam o fluxo de entrada na classe dos suscetíveis da dinâmica vital são dadas de forma genérica. Para modelagem do ciclo de vida do mosquito consideraremos todos os estágios, Ovo (O), Larva (L), Pupa (P) e Alada (W) e a modelagem epidemiológica na fase alada consideraremos o modelo SEI (Suscetível-Exposto-Infecioso) e para a dinâmica da doença para a população humana utilizaremos o modelo SEIR (Suscetível-Exposto-Infecioso-Recuperado), além disso, enunciaremos um teorema o qual analisa a estabilidade do ponto de equilíbrio trivial, a estabilidade local assintótica deste ponto representa que a população humana viverá em convívio com o mosquito, mas livre da doença.

### Desenvolvimento

O modelo é descrito por um sistema de equações diferenciais ordinárias não lineares, onde é considerado somente transmissão horizontal para ambas populações, onde é aplicado a lei de ação de massas tanto nas populações humana quanto na de mosquito, resultando em:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dO}{dt} = g(O, W_1, W_2, W_3) - (\sigma_o + \mu_o)O \\ \frac{dL}{dt} = \sigma_o O - (\sigma_l + \mu_l)L \\ \frac{dP}{dt} = \sigma_l L - (\sigma_p + \mu_p)P \\ \frac{dW_1}{dt} = \rho \sigma_p P - \left( \beta_w \frac{I}{N} + \mu_w \right) W_1 \\ \frac{dW_2}{dt} = \beta_w \frac{I}{N} W_1 - (\gamma_w + \mu_w) W_2 \\ \frac{dW_3}{dt} = \gamma_w W_2 - \mu_w W_3 \\ O(0) = O_0, \quad L(0) = L_0, \quad P(0) = P_0, \quad S(0) = S_0, \quad E(0) = E_0, \quad I(0) = I_0, \quad R(0) = R_0 \\ W_1(0) = W_{10} \quad W_i(0) = W_{i0} \quad i = 2, 3 \end{array} \right. \quad \left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = f(S, E, I, R) - \left( \beta \frac{W_3}{W} + \mu \right) S \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{W_3}{W} S - (\sigma + \mu) E \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\gamma + \mu + \mu_I) I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{array} \right.$$

(6.4)

<sup>1</sup>ligiaoenning@hotmail.com

<sup>2</sup>rodney@ime.unicamp.br

onde  $f, g : [0, t_f] \times \mathbb{R}_+^4 \rightarrow \mathbb{R}$  e todas suas derivadas parciais de primeira ordem devem ser contínuas, as funções  $f$  e  $g$  representam, respectivamente, a dinâmica populacional humana e do mosquito. Além disso, a população total humana é dado por  $N(t) = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$  e a população total de mosquito fêmea adulto é dado por  $W(t) = W_1(t) + W_2(t) + W_3(t)$ , onde  $W_1, W_2$  e  $W_3$  são, respectivamente, os mosquitos suscetíveis, expostos e infecciosos.

As constantes  $\sigma_o, \sigma_l$  e  $\sigma_p$  são, respectivamente, as taxas de mudança dos estágios de ovo para larva, de larva para pupa e de pupa para fase alada. Os parâmetros  $\mu_o, \mu_l, \mu_p$  e  $\mu_w$  são as taxas de mortalidade dos ovos, larvas, pupas e da fase adulta, respectivamente. A fração  $\rho$  é a proporção de pupas que emergem para fase alada que são mosquitos fêmeas,  $\beta_w$  é o coeficiente de transmissão da infecção dos humanos para os mosquitos e  $\gamma_w$  é a taxa de transferência da fase latente para a fase infecciosa. Os parâmetros  $\beta, \mu, \sigma$  e  $\gamma$  são respectivamente, taxas que representam a transmissão da doença dos mosquitos para os humanos, mortalidade, incubação do patógeno e remoção para recuperação.

O ponto estacionário a ser analisado é dado por  $D_0 = (O^*, L^*, P^*, W_1^*, 0, 0, S^*, 0, 0, 0)$  que representa a população humana em convívio com o mosquito, porém livre da doença, onde  $O^*, L^*, P^*, W_1^*$  são soluções positivas obtidas do sistema homogêneo

$$\begin{cases} g(O, W_1, 0, 0) - (\sigma_o + \mu_o)O = 0 \\ \sigma_o O - (\sigma_l + \mu_l)L = 0 \\ \sigma_l L - (\sigma_p + \mu_p)P = 0 \\ \rho \sigma_p P - \mu_w W_1 = 0 \end{cases} \quad (6.5)$$

e  $S^*$  é obtido da equação  $f(S, 0, 0, 0) - \mu S = 0$ , isolando a variável  $S$ .

**Teorema 6.0.1** Se  $\frac{\partial f}{\partial S} \Big|_{P_0} < \mu$ ,  $\frac{\partial g}{\partial O} \Big|_{M_0} < (\sigma_o + \mu_o)$  e os termos independentes  $b_4$  e  $d_4$  dos polinômios característicos das matrizes  $B$  e  $D$ , respectivamente, forem positivos então o ponto de equilíbrio  $D_0$  do sistema (6.4) é localmente assintoticamente estável.

As matrizes  $B$  e  $C$  são partições da matriz Jacobiana do sistema (6.4) avaliada no ponto trivial, dadas por:

$$B = \begin{bmatrix} \frac{\partial g}{\partial O} \Big|_{M_0} & -(\sigma_o + \mu_o) & 0 & 0 & \frac{\partial g}{\partial W_1} \Big|_{M_0} \\ \sigma_o & & -(\sigma_l + \mu_l) & 0 & 0 \\ 0 & & \sigma_l & -(\sigma_p + \mu_p) & 0 \\ 0 & & 0 & \rho \sigma_p & -\mu_w \end{bmatrix} \quad C = \begin{bmatrix} \frac{\partial g}{\partial W_2} \Big|_{M_0} & \frac{\partial g}{\partial W_3} \Big|_{M_0} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\beta_w W_1^* \frac{1}{S^*} \end{bmatrix}$$

A demonstração deste teorema é baseado na metodologia utilizada por [2] em seu teorema sobre a estabilidade do ponto trivial do modelo epidemiológico do tipo SEIRS com heterogeneidade na infecciosidade.

## Conclusões

Através da metodologia utilizada por [2] para demonstração da estabilidade do ponto trivial do seu modelo, apresentamos um teorema o qual analisa a estabilidade do ponto estacionário que representa a população em convívio com o mosquito, porém livre da doença de um modelo epidemiológico com vetor, onde os fluxos de entrada no compartimento dos suscetíveis da dinâmica vital são dadas por funções quaisquer, desde que, suas derivadas sejam contínuas, além da inclusão da morte induzida pela doença.

## Referências

- [1] H. Mo Yang, and C. P. Ferreira. Assessing the effects of vector control on dengue transmission *Comp. Appl. Math.*, volume 198, 2008. DOI:10.1016/j.amc.2007.08.046.
- [2] M. B. Ferreira. *Heterogeneidade Populacional e Fatores Abióticos na Dinâmica de uma Epidemia*, Tese de Doutorado, Unicamp-IMECC, 1999.



# Aplicação do método simplex no tratamento por radioterapia

Thaís R Salvador<sup>1</sup>, Silvia M S Carvalho<sup>2</sup>, Mayk V Coelho<sup>3</sup>

<sup>1,2</sup>DFQM, Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, São Paulo, SP

<sup>3</sup>Universidade Federal de Alfenas, Poços de Caldas, MG

## Introdução

O tratamento por radioterapia tem como objetivo a eliminação das células cancerígenas através de radiação ou alívio dos sintomas, e ao mesmo tempo procura evitar a destruição de células vizinhas saudáveis também afetadas pela radiação. Do ponto de vista matemático, o desafio consiste em emitir uma alta dosagem de radiação no tumor, suficiente para sua eliminação e interrupção do crescimento de células tumorais, e simultaneamente, minimizar a radiação nas regiões vizinhas compostas de tecido saudável, reduzindo ao máximo as complicações nestas regiões que são muitas vezes críticas.

## Formulação do modelo matemático

Quando o câncer é diagnosticado e há a indicação médica para o tratamento por radioterapia, são realizados vários exames no paciente, com a finalidade de conhecer a localização, forma, e volume do tumor, bem como os tecidos críticos presentes na região a ser tratada. Com base nesses dados, a dose a ser recebida no tumor e o volume a ser irradiado podem ser prescritos pelo médico radioterapeuta.

Após a obtenção das imagens através da tomografia computadorizada ou da ressonância magnética, a dose mínima a ser aplicada no tumor é prescrita assim como as doses máximas que os tecidos críticos e saudáveis podem receber. Através dessas imagens, faz-se a seleção das estruturas anatômicas de interesse.

As metas abaixo indicam que este problema tem uma grande quantidade de parâmetros a considerar na decisão do que seria desejável para um plano de tratamento: transmitir uma dose uniformemente letal na região do tumor; transmitir uma radiação tão pequena quanto possível na estrutura crítica; obter uma dose total tão pequena quanto possível; reduzir a frequência de doses altas fora da região do tumor e controlar o número de raios utilizados no plano de tratamento, como observado por Barboza [2].

Na busca de doses uniformes, Holder [1] propôs um modelo de otimização linear para auxiliar no planejamento ótimo de Radiocirurgia, o qual pode ser representado pela

---

<sup>1</sup>thasalvador@gmail.com

<sup>2</sup>silviamsc@ufscar.br

<sup>3</sup>mayk.coelho@unifal-mg.edu.br

seguinte formulação:

$$\begin{aligned}
 \text{Minimizar} \quad & w l^T t + u_c^T c + u_g^T g \\
 \text{Sujeito a} \quad & l_t - Lt \leq A_T x \leq u_t \\
 & A_C x \leq u_c + U_C c \\
 & A_G x \leq u_g + U_G g \\
 & 0 \leq Lt \leq l_t \\
 & -u_c \leq U_C c \\
 & U_G g \geq 0 \\
 & x \geq 0,
 \end{aligned} \tag{6.6}$$

onde:  $w$ : escalar positivo;  $x$ : dose do subfeixe que entra na imagem para alcançar o pixel  $p, (x \in \mathcal{R}^n)$ ;  $t \in \mathcal{R}^{m_T}, t \geq 0$ ;  $c : c \in \mathcal{R}^{m_C}$ ;  $g : g \in \mathcal{R}^{m_G}, g \geq 0$ .

A função objetivo é representada pela soma ponderada de três metas:  $l^T t$ , que mede o quanto falta para que o plano encontrado consiga aplicar a dose mínima na região do tumor;  $u_c^T c$  que mede a quantidade de radiação acima da prescrita recebida pela região crítica;  $u_g^T g$  que mede a quantidade de radiação acima da prescrita nos demais tecidos saudáveis.

## Resultados Computacionais

Para aplicação do modelo [1], considera-se hipoteticamente, que o paciente apresenta um tumor esférico, com diâmetro de 15mm, envolto por tecido crítico, exemplificando um tumor de medula, onde o há dificuldade no planejamento devido a lesão estar totalmente envolvido por uma estrutura crítica. Neste caso, foi indicado um tratamento radiocirúrgico com dose tumoral de 80 Gy, onde Gy representa a quantidade de energia de radiação ionizante absorvida (ou dose) por unidade de massa (1 Gray(Gy)= 1J/kg). Foi considerada uma porcentagem de variação  $\varepsilon = 2\%$ , assim a estrutura crítica pode receber até 40 Gy e a saudável no máximo 60 Gy. Como o escalar positivo ( $w$ ) pondera a importância para que o tumor receba a dose mínima, foi considerado dois valores para comparação, sendo eles  $w = 0, 1$  e  $w = 40$ .

Table 6.1: Resultados numéricos da otimização

Variáveis	$w = 0, 1$	$w = 40$
Valor da função objetivo	$2,9553 \times 10^{-06}$	$2,9800 \times 10^{-06}$
Iterações	38	38
Tempo	0,010718s	0,011471s
Tolerância	$1,0 \times 10^{-06}$	$1,0 \times 10^{-06}$
Excesso de dose no tumor	$0,1232 \times 10^{-06}$	$0,1133 \times 10^{-06}$
Excesso de dose no tecido crítico	$0,1142 \times 10^{-06}$	$0,1242 \times 10^{-06}$
Excesso de dose no tecido saudável	$0,0045 \times 10^{-06}$	$0,0045 \times 10^{-06}$

Analisando os resultados, pode-se perceber que a função minimizada obteve valor muito baixo, o que representa uma boa conformação das curvas de isodoses, garantindo

---

assim um tratamento seguro. Os excessos de dose nas regiões críticas e saudáveis e o déficit de dose na região tumoral é praticamente zero, mostrando portanto que o tumor recebeu a dose necessária para sua eliminação e que o limite de dose permitido para as outras regiões não foi ultrapassado.

## Conclusões

Pode-se perceber que o modelo matemático [1] proposto pode ser uma ferramenta de grande importância na construção de planos de tratamento otimizado, pois fornece um conjunto de soluções ótimas, que associadas com o tratamento realizado, poderá possibilitar uma terapia de alta qualidade.

## Referências

- [1] Allen, Holder. Designing radiotherapy plans with elastic constraints and interior point methods *Health care management science*. Harper-Row, 2003.
- [2] Cecília B. Barboza, Planejamento do tratamento por radioterapia através de métodos de pontos interiores, *Dissertação de Mestrado*, ICMC-USP-São Carlos.



## Classificação Automática para o Diagnóstico da Redução do Indicador do Diabetes Mellitus

Beatriz C. Flâmia de Azevedo<sup>1</sup>, Glaucia M. Bressan<sup>2</sup>, Roberto Molina de Souza<sup>3</sup>

Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Cornélio Procópio, PR, Brasil

### Introdução

O número de casos diagnosticados de doenças crônicas cresce a cada ano, assim como o número de óbitos, devido à descoberta tardia e aos avanços destas doenças [1]. Por exemplo, o Diabetes Mellitus compõe o grupo das doenças crônicas não transmissíveis e suas complicações são responsáveis por incapacidades físicas e mortes precoces, que poderiam ser evitadas com prévio conhecimento de controle glicêmico e mudança de estilo de vida [1].

Neste trabalho, o objetivo é analisar os principais atributos que podem influenciar no aumento ou redução do indicador do Diabetes Mellitus e gerar uma ferramenta de classificação automática do perfil do paciente, de tal forma que o método de classificação seja de fácil interpretação na área médica, para detecção precoce da doença. Desta forma, os resultados podem ser utilizados para inferir sobre novos pacientes com determinada precisão. Os classificadores utilizados para a tarefa de inferir sobre o aumento ou redução do Diabetes Mellitus são técnicas de aprendizado supervisionado: Redes Bayesianas, juntamente com o algoritmo BayesRule [2], e Árvores de Decisão, com execução algoritmo C4.5 [3]. A justificativa é dada por se tratarem de classificadores do tipo *White Box*, que proporcionam acesso à informação e fácil interpretação por regras linguísticas, o que não ocorre com outros classificadores do tipo *Black Box*.

### Materiais e Métodos

As Redes Bayesianas são modelos gráficos probabilísticos que avaliam o comportamento dos dados por meio das relações de dependências entre as variáveis de entrada e saída, com base no Teorema de Bayes [2]. Após sua construção, o algoritmo BayesRule é empregado para extrair um conjunto de regras linguísticas do tipo “se-então” a partir das redes, descrevendo a classificação e tornando os resultados mais compreensíveis [2]. As Árvores de Decisão consistem em uma técnica que particiona o conjunto de dados em subgrupos cada vez mais homogêneos até encontrar uma classe que represente os dados deste subconjunto [3]. Dentre os vários algoritmos disponíveis na literatura para executar esta tarefa, neste trabalho, foi utilizado o algoritmo C4.5, por ser o mais recente.

Os dados utilizados para elaboração dos modelos de classificação são dados reais provenientes de [1] e coletados a partir de 80 pacientes do município de Bandeirantes-PR, divididos em dois grupos: intervenção (grupo 1) e controle (grupo 2). De acordo com o

<sup>1</sup>beatrizazevedo@alunos.utfpr.edu.br. Bolsista Fundação Araucária

<sup>2</sup>glauciabressan@utfpr.edu.br. Orientadora

<sup>3</sup>rmolinasouza@utfpr.edu.br

autor de [1], os principais atributos que podem influenciar na variação dos indicadores do Diabetes Mellitus são: idade, nível de triglicérides e o tempo de evolução do diagnóstico da doença. Portanto, a partir destes 3 atributos de entrada, foram geradas duas Redes Bayesianas de classificação, sendo uma para o grupo 1 e outra para o grupo 2. Após obtida a estrutura destas redes, as regras linguísticas de classificação são então extraídas pelo algoritmo BayesRule [2]. De acordo com [1], outros atributos também podem ser importantes para inferir sobre a doença: índice de massa corporal, circunferência abdominal, renda per capita e nível de escolaridade. Desta forma, estes 7 atributos citados foram utilizados para o treinamento de uma Árvore de Decisão, utilizando o algoritmo C4.5 [3], também para os 2 grupos de pacientes, pois, apenas os 3 atributos principais são insuficientes para o algoritmo determinar as relações entre estes.

## Resultados e Discussão

Para a construção das Redes Bayesianas, os dados devem ser discretizados em intervalos de classes. Desta forma, os atributos de entrada “idade” e “nível de triglicérides” foram discretizados em 4 classes e o atributo “tempo de evolução” em 3 classes. As Redes Bayesianas geradas para o grupo 1 e 2 estão apresentadas na Figura 1, juntamente com seus respectivos índices de acerto da classificação: 65% para o grupo 1 e 47,5% para o grupo 2. Estes índices são obtidos a partir do conceito de *validação cruzada* [3] com  $n = 10$ , o que divide o conjunto de dados em 4 conjuntos de treinamento e de teste. Para a elaboração das Árvore de Decisão, que contém mais informações de entrada, são usados os dados numéricos dos atributos de entrada. Desta forma, foram elaboradas as Árvore de Decisão para o grupo 1 e 2, apresentadas na Figura 2, juntamente com seus respectivos índices de acerto, 73,68% para o grupo 1 e 69,23% para o grupo 2, também calculados a partir da *validação cruzada* com  $n = 10$ . O interesse está nos resultados do grupo 1, de intervenção.

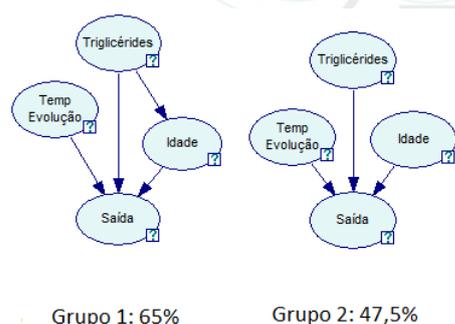


Figure 6.2: Redes Bayesianas geradas para o grupo 1 e 2.

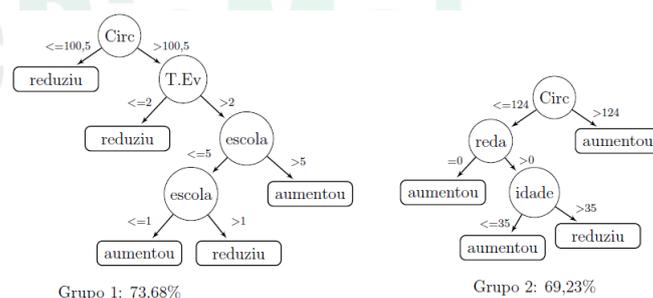


Figure 6.3: Árvore de Decisão geradas para o grupo 1 e 2.

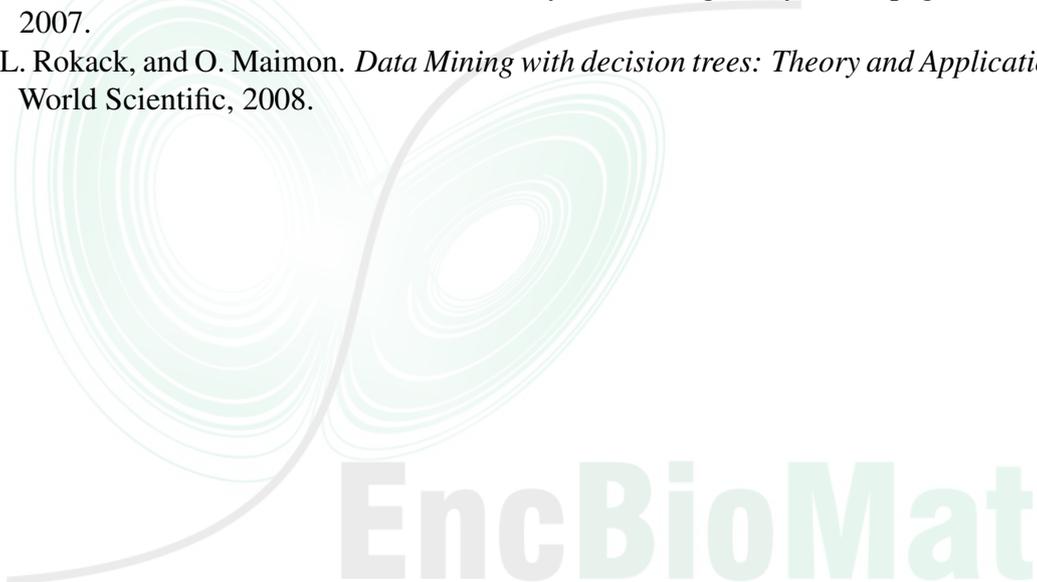
Cada rede e cada árvore gera um conjunto de regras linguísticas para a classificação automática do diagnóstico da redução do indicador do Diabetes Mellitus. Por exemplo, uma regra de classificação da rede do grupo 1 é: “Se *triglicérides* é classe1 e *idade* é classe4 e *tempo de evolução* é classe 1 então *reduziu* com probabilidade 0,625” e uma regra da árvore do grupo 1 é: “Se *circunferência abdominal* é maior que 100,5cm e *tempo de evolução* é maior que 2 e *escolaridade* é maior que 5 então *aumentou*.” Portanto, a partir

de classificadores que geram uma base de regras linguísticas de classificação, contribui-se significativamente para a interpretação da classificação pelo usuário, além do acesso à informação contida nos nós das Redes Bayesianas ou nos ramos das Árvores de Decisão.

A metodologia apresentada pode ser empregada para inferir sobre novos dados de pacientes com uma determinada precisão. Por exemplo, a partir dos atributos de um paciente pode-se direcioná-lo à intervenção, para que haja maior sucesso na redução dos indicadores do Diabetes Mellitus.

## Referências

- [1] M. R. Castanho. *Efeito do uso do método de gerenciamento de caso sobre o controle glicêmico de pessoas com diabetes mellitus tipo 2*. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Paraná, 2013.
- [2] E. R. Hruschka-Jr, M. C. Nicoletti, V. A. Oliveira, and G. M. Bressan. *Markov-blanket based strategy translating a bayesian classifier into a reduced set of classification rules*. 7th International Conference on Hybrid Intelligent Systems, página 19-197, 2007.
- [3] L. Rokack, and O. Maimon. *Data Mining with decision trees: Theory and Applications*. World Scientific, 2008.

The logo for EncBioMat features a stylized, light green graphic of a butterfly or a pair of wings on the left, composed of concentric, overlapping loops. To the right of this graphic, the text "EncBioMat" is displayed in a large, bold, light green sans-serif font. The entire logo is semi-transparent and overlaid on the bottom right portion of the page.

EncBioMat

## Controle ótimo de vacinação em um modelo epidemiológico espaço temporal

Tiago Yuzo Miyaoka<sup>1</sup>, Suzanne Lenhart<sup>2</sup>, João F. C. A. Meyer<sup>3</sup>

<sup>1,3</sup>Departamento de Matemática Aplicada, UNICAMP, Campinas, SP, Brasil

<sup>2</sup>Department of Mathematics, University of Tennessee, Knoxville, TN, USA

### Introdução

Um aspecto importante no controle de epidemias é a vacinação da população suscetível à doença em estudo com o intuito de torná-la imune. No início de um surto ou epidemia, é importante saber qual estratégia de vacinação leva ao melhor custo benefício em relação à erradicação da doença e aos custos envolvidos. Esta estratégia pode ser obtida por meio da teoria de Controle Ótimo, aplicada a modelos matemáticos que descrevem a dinâmica epidemiológica em estudo, considerando a vacinação como um controle. O objetivo deste trabalho é obter o controle ótimo de vacinação em um modelo de Equações Diferenciais Parciais (EDPs) que descreve o espalhamento espacial da dinâmica de uma doença transmitida por vetores, como dengue, zika, febre amarela, malária. Neste momento, consideramos apenas um modelo genérico, sem particularidades de cada doença, mas que podem ser incluídas sem grandes alterações.

### Modelagem matemática

Denotando por  $S$ ,  $I$ ,  $R$  as densidades de humanos suscetíveis, infectados e removidos/imunes, e  $S_v$  e  $I_v$  as densidades de vetores suscetíveis e infectantes,  $u$  a taxa de vacinação a ser aplicada (controle),  $\Omega$  o domínio espacial e  $T$  o tempo final de estudo, consideramos o seguinte sistema de EDPs de Difusão-Reação [2]:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial S}{\partial t} - \nabla \cdot (\alpha \nabla S) = -\beta S I_v - u S, \\ \frac{\partial I}{\partial t} - \nabla \cdot (\alpha_I \nabla I) = \beta S I_v - \delta I, \\ \frac{\partial R}{\partial t} - \nabla \cdot (\alpha \nabla R) = u S + \delta I, \\ \frac{\partial S_v}{\partial t} - \nabla \cdot (\alpha_v \nabla S_v) = -\beta_v S_v I + r_v (S_v + I_v) \left( 1 - \frac{(S_v + I_v)}{\kappa_v} \right), \\ \frac{\partial I_v}{\partial t} - \nabla \cdot (\alpha_v \nabla I_v) = \beta_v S_v I - \mu_v I_v, \text{ em } Q = \Omega \times (0, T). \end{array} \right. \quad (6.7)$$

Além disso, consideramos condições iniciais arbitrárias e de contorno de Neumann homogêneas (fluxo nulo). Em (6.7),  $\beta$  denota a transmissibilidade de vetores em humanos;

<sup>1</sup>tiagoyuzo@gmail.com

<sup>2</sup>lenhart@math.utk.edu

<sup>3</sup>joni@ime.unicamp.br

$\beta_v$  a transmissibilidade de humanos em vetores;  $\delta$  a taxa de recuperação da doença;  $r_v$  a taxa de crescimento intrínseco de vetores;  $\kappa_v$  sua capacidade de suporte;  $\mu_v$  sua mortalidade intrínseca; e  $\alpha$ ,  $\alpha_I$  e  $\alpha_v$  os coeficientes de difusão de humanos, humanos infectados, e vetores, respectivamente. Nosso objetivo é encontrar o melhor custo benefício do controle de vacinação  $u$ , o que é realizado por meio da minimização do funcional:

$$J(u) = \int_Q (c_1 I + c_2 u S + c_3 u^2) dx dt. \quad (6.8)$$

Este funcional representa o custo ao longo da área e do tempo de estudo, em que  $c_1$  é o custo relativo à humanos infectados,  $c_2$  o custo relativo à vacinação em humanos suscetíveis e  $c_3$  o custo relativo à vacinação em si. A caracterização do controle ótimo é obtida por meio de equações de sensibilidade e um sistema adjunto acoplado, sendo possível provar sua existência e unicidade [3,4].

## Simulações computacionais

Com a caracterização do controle ótimo, realizamos simulações numéricas do modelo (6.7) utilizando os métodos de Elementos Finitos (Galerkin), e Diferenças Finitas (Euler implícito). Para o tratamento das não linearidades do sistema utilizamos um método predictor–corretor [1], e para a resolução do sistema de otimalidade um método de varredura progressivo–regressivo [3]. Testes sobre o código implementado foram realizados, e uma vez verificada sua robustez, diferentes cenários podem ser simulados para a doença em estudo, de modo a observar o impacto do controle ótimo de vacinação sobre a população de humanos infectados.

## Conclusões

O controle ótimo de vacinação no espalhamento espaço temporal de uma doença é explorado por meio de simulações computacionais, que podem trazer resultados qualitativos e/ou quantitativos de interesse. A partir deste trabalho, podem ser realizadas aplicações a casos particulares, utilizando dados reais, por exemplo a doenças de alta relevância como dengue, chikungunya e zika. Desse modo, os resultados obtidos podem auxiliar na definição de políticas públicas eficientes no combate à doenças infecciosas.

## Agradecimentos

Os autores agradecem à Capes pela bolsa PDSE (processo número 88881.134100/2016-01) e ao National Institute for Mathematical and Biological Synthesis.

## Referências

- [1] J. Douglas Jr, e T. Dupont. Galerkin methods for parabolic equations. *SIAM Journal on Numerical Analysis*, 7.4, 1970: 575-626.
- [2] M. J. Keeling, e P. Rohani. *Modeling infectious diseases in humans and animals*. Princeton University Press, 2008.

- 
- [3] S. Lenhart, e J. T. Workman. *Optimal control applied to biological models*. Crc Press, 2007.
- [4] R. M. Neilan, e S. Lenhart. Optimal vaccine distribution in a spatiotemporal epidemic model with an application to rabies and raccoons. *Journal of Mathematical Analysis and Applications*, 378.2, 2011: 603-619.



## Controle ótimo impulsivo fuzzy para modelar crescimento de peso de animais

Jônathas D. S. Oliveira<sup>1</sup>, Luciana T. Gomes<sup>2</sup>, Rodney C. Bassanezi<sup>3</sup> Rodrigo T. N. Cardoso<sup>4</sup>

<sup>1,4</sup>Departamento Física e Matemática, CEFET-MG, Belo Horizonte, MG

<sup>2</sup>Departamento de Física, Química e Matemática, UFSCar, Sorocaba, SP

<sup>3</sup>IMEEC, UNICAMP, Campinas, SP

### Introdução

O problema de controle impulsivo é um tipo de problema de controle que tem como característica a mudança de valor instantânea de uma das variáveis de estado. É aplicável em muitas situações, inclusive em modelagem de fenômenos biológicos, como exemplifica [3].

No presente trabalho busca-se realizar o estudo do problema de controle ótimo impulsivo. Para tanto, é proposta a modelagem, através de equação diferencial, do peso um animal, cujo peso deve ser controlado de modo a se alcançar um valor desejado ao final de um período fixo de tempo. Pretendemos, por fim, estender a solução para o caso fuzzy, explorando tanto teoria matemática quanto interpretações do fuzziness no fenômeno, o que será feito através da modelagem por um número fuzzy do peso ideal para abate denominado “grande”.

### Desenvolvimento

O problema de programação dinâmica impulsiva pode ser formulado como [3]

$$\begin{aligned}
 \min_{u[0], \dots, u[k-1]} J(u) &= \sum_{k=0}^{N-1} g_k(x[k], u[k]) + g_N(x[N]) \\
 \text{s. a} \quad x'(t) &= f_1(t, x(t)), \quad t \in [\tau_k^+, \tau_{k+1}] \\
 x(\tau_k^+) &= x[k^+] = x[k] + f_2(u[k]) \\
 x[k] &= x(\tau_k), \quad k = 0, \dots, N-1 \\
 x[0] &= x_0 \text{ e/ou } x[N] = x^*
 \end{aligned} \tag{6.9}$$

<sup>1</sup>jonathas.math.oliveira@gmail.com

<sup>2</sup>lucianagomes.math@gmail.com

<sup>3</sup>rodney@ime.unicamp.br

<sup>4</sup>rodrigoc@des.cefetmg.br

onde  $\{u[0], \dots, u[N-1]\}$  é a sequência de controles em cada estágio de tempo  $k$  da sequência  $\Gamma = \{\tau_0, \dots, \tau_N\}$ , em que  $\tau_k < \tau_{k+1}$ ,  $\tau_0 = 0$ , e  $\tau_N = T$ , sendo  $[0, T]$  o horizonte de otimização;  $\tau_k^+$  o instante de tempo imediatamente após a aplicação do controle;  $x[k]$  o estado no estágio  $k$ ;  $x[0]$  a condição inicial dada,  $f_1 : \mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  é contínua e  $g_k : \mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}$ ,  $g_N : \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}$  e  $f_2 : \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}^n$  são funções quaisquer.

Sendo  $P(t)$  o peso do animal no instante  $t$  e  $\alpha$  e  $\beta$  as constantes de anabolismo e catabolismo e  $\gamma$  o parâmetro alométrico, seguimos o modelo de Von Bertalanffy generalizado [2]

$$\frac{dP}{dt} = \alpha P^\gamma - \beta P. \quad (6.10)$$

Primeiramente resolvemos o problema clássico considerando o controle (suplemento arbitrário) e o estado contínuos e a taxa de anabolismo constante. Como objetivo, minimizamos o gasto com o suplemento e consideramos que ao final de 100 dias gostaríamos que os animais tivessem com peso mais próximo possível de 100kg. A figura 1 mostra a solução para o estado e controle ótimos encontrados, usando as condições de otimalidade provenientes do Princípio do Mínimo de Pontryagin.

Em seguida pretendemos resolver o problema clássico considerando o controle impulsivo e a constante de anabolismo como sendo uma função de  $t$  entre os estágios  $\tau_k$  e  $\tau_{k+1}$  e por fim trataremos o problema fuzzy considerando o controle impulsivo e o estado dado pela extensão de Zadeh [1] entre os estágios  $\tau_k$  e  $\tau_{k+1}$ .

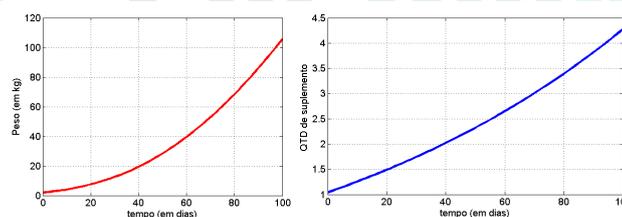


Figure 6.4: Evolução do peso  $P(t)$  e controle  $u(t)$  encontrados, no caso clássico, considerando tanto a dinâmica quanto o controle contínuos, onde QTD significa quantidade.

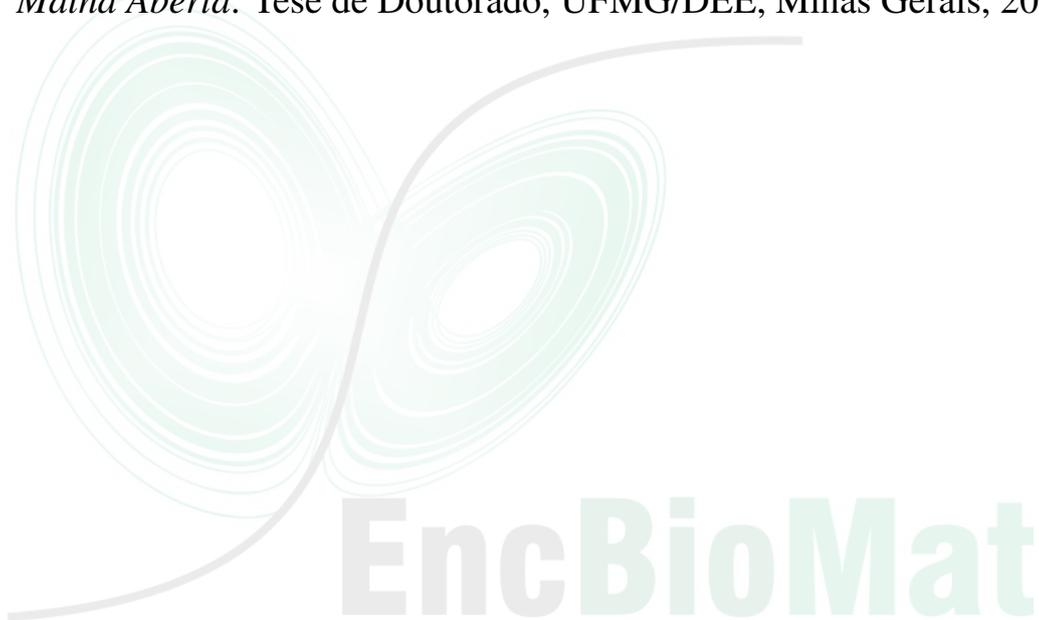
## Conclusões

O trabalho apresenta um problema de controle ótimo com estado final desejado a ser tratado posteriormente como fuzzy (o conceito de “grande”, modelado por um número fuzzy centrado em cem quilos), bem como uma

forma de abordar um problema de controle ótimo na sua forma impulsiva como em [3]. Até o presente momento foi resolvido o problema no caso clássico e posteriormente será resolvido o caso impulsivo e impulsivo fuzzy.

## Referências

- [1] L. C. Barros, R. C. Bassanezi and W. A. Lodwick. *A First Course in Fuzzy Logic, Fuzzy Dynamical Systems, and Biomathematics*. Springer-Verlag Berlin, 2016.
- [2] R. C. Bassanezi. *Ensino-aprendizagem com modelagem matemática: uma nova estratégia*. Contexto, São Paulo, 2002.
- [3] R. T. N. Camargo, *Ferramentas para Programação Dinâmica em Malha Aberta*. Tese de Doutorado, UFMG/DEE, Minas Gerais, 2008.



# Crescimento do câncer através da degradação da matriz extra-celular

Julio Nuñez Villa<sup>1</sup>, Norberto Maidana<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup>Centro de Matemática, Computação e Cognição, UFABC, São Paulo, SP

## Introdução

O câncer é causante de 1 de cada 7 mortes no mundo e a sua incidência está aumentando [1].

Embora haja muitas terapias que façam o controle da doença, ainda fica por determinar o protocolo ótimo de um tratamento, o qual necessita de um melhor entendimento tanto quantitativo, quanto analítico. Um recurso para poder melhorar a situação é estudar a formação e a evolução do câncer, como também ter um controle para combatê-lo. Nesse sentido, os modelos matemáticos são uma ferramenta útil para o estudo. Na literatura existem modelos matemáticos que tentam descrever processos que ocorrem durante o desenvolvimento do câncer. Alguns destes descrevem a resposta do sistema imune à presença do tumor, o controle do crescimento tumoral, a inibição da angiogênese, entre outros. O estudo matemático que apresentaremos está motivado pelo fenômeno observado no crescimento do tumor e sua interação com seu meio.

## Desenvolvimento

Baseamo-nos em modelos estudados por Gerish & Chaplain [2], Enderling et al. [3] e Anderson et al.[4], sendo uma simplificação destes, modelamos a dinâmica do crescimento de tumores por meio de três equações diferenciais ordinárias, simulando assim a interação entre as células tumorais, a matriz extracelular (MEC) e as enzimas degradadoras da matriz extracelular (EDM), denotados, respectivamente, por  $\bar{n}$ ,  $\bar{f}$  e  $\bar{m}$ , onde se analisa a dinâmica da densidade/concentração destes.

Descrevemos a produção das enzimas de degradação pelas células cancerosas, assim como seu decaimento, a degradação e a remodelação da

<sup>1</sup> julio.villa@ufabc.edu.br

<sup>2</sup> norberto.maidana@ufabc.edu.br

matriz extracelular e o crescimento celular. A formulação é a seguinte:

$$\begin{aligned}\frac{d\bar{n}}{dt} &= \bar{\mu}_1\bar{n}\left(1 - \frac{\bar{\beta}_1}{\bar{k}_1}\bar{n} - \frac{\bar{\beta}_2}{\bar{k}_2}\bar{f}\right), \\ \frac{d\bar{f}}{dt} &= -\bar{\delta}\bar{m}\bar{f} + \bar{\mu}_2\left(1 - \frac{\bar{\theta}_1}{\bar{k}_1}\bar{n} - \frac{\bar{\theta}_2}{\bar{k}_2}\bar{f}\right), \\ \frac{d\bar{m}}{dt} &= \bar{\xi}\bar{n}\left(1 - \frac{\bar{m}}{\bar{\varepsilon}}\right) - \bar{\omega}\bar{m}.\end{aligned}\tag{6.11}$$

sendo  $\bar{\mu}_1$  a taxa de proliferação das células cancerígenas; os coeficientes  $\frac{\bar{\beta}_1}{\bar{k}_1}$  e  $\frac{\bar{\beta}_2}{\bar{k}_2}$  as frações de um volume que ocupam as células cancerígenas e a MEC, junto aos coeficientes de competição, respectivamente;  $\bar{\delta}$  a taxa de degradação da MEC;  $\bar{\mu}_2$  a taxa de remodelação da MEC;  $\frac{\bar{\theta}_1}{\bar{k}_1}$  e  $\frac{\bar{\theta}_2}{\bar{k}_2}$  as frações do espaço e as taxas de competição inter (MEC/tumor) e intraespecífica (MEC/MEC), respectivamente;  $\bar{\omega}$  a taxa de decaimento das EDM;  $\bar{\xi}$  a taxa de produção das EDM;  $\bar{\varepsilon}$  a capacidade de suporte das EDM.

Realizamos a análise de estabilidade local dos pontos de equilíbrio utilizando o critério de estabilidade mediante o teorema Hartman-Grobman e o critério de Routh-Hurwitz (cf.[5]).

Obtivemos uma classificação da dinâmica do sistema em relação a dois parâmetros  $a = \frac{\bar{\theta}_2}{\bar{\beta}_2} - \frac{\bar{\theta}_1}{\bar{\beta}_1}$ ,  $b = 1 - \frac{\bar{\theta}_2}{\bar{\beta}_2}$ , onde pode-se observar os possíveis cenários no comportamento do fenômeno, na Figura 6.5 (*não fornecida pelos autores*).

Figure 6.5: Dinâmica do sistema (1) em relação as diferentes regiões em função dos parâmetros  $a$  e  $b$ .

## Conclusões

No estudo da dinâmica temporal do modelo, que abrange modelos estudados por Gerish & Chaplain [2], Enderling et al. [3] e Anderson et al.[4], obtendo uma classificação da dinâmica em relação aos parâmetros  $a$  e  $b$ . Obtemos assim uma bifurcação da estabilidade no ponto livre de doença  $(a, b) = (0, 0)$ , ou seja, quando  $\bar{\theta}_2 = \bar{\beta}_2$  (considerando os parâmetros dimensionais); obtemos também uma bifurcação dos pontos de equilíbrios podendo-se obter 1, 2 ou 3 pontos de equilíbrio, o qual pode-se observar na

Figura 1.

Nas simulações numéricas interpretamos biologicamente a evolução em relação às competições entre a MEC e o tumor, mostrando a relevância dessas interações observadas nas mudanças do crescimento e na susceptibilidade das condições iniciais. Por exemplo, obtemos que o parâmetro  $\theta_1$  mede a capacidade invasiva do tumor, isso faz com que mude o equilíbrio, dando lugar a coexistência das células tumorais com a MEC. Quanto menor for o valor do parâmetro  $\frac{\bar{\theta}_1}{\bar{\beta}_1}$  torna-se a coexistência mais viável biologicamente,

por outro lado a variação do parâmetro  $\frac{\bar{\theta}_2}{\bar{\beta}_2}$  representa uma mudança as velocidades de crescimento das células e da MEC, mas sem modificar o equilíbrio.

## Referências

- [1] American Cancer Society; *Cancer Facts & Figures 2017*, Atlanta 2017. Disponível em: <https://www.cancer.org/research/cancer-facts-statistics/all-cancer-facts-figures/cancer-facts-figures-2017>. Acesso em: 15 jul. 2017.
- [2] A. Gerisch and M. A. J. Chaplain. Mathematical modelling of cancer cell invasion of tissue: Local and non-local models and the effect of adhesion, *J. Theor. Biol.*, 250(4):684–704, 2008. DOI:10.1016/j.jtbi.2007.10.026.
- [3] H. Enderling, A. R. A. Anderson, M. A. J. Chaplain, A. J. Munro, and J. S. Vaidya. Mathematical modelling of radiotherapy strategies for early breast cancer, *J. Theor. Biol.*, 241:158–171, 2006. DOI: 10.1016/j.jtbi.2005.11.015.
- [4] A. R. A. Anderson, M. A. J. Chaplain, E. L. Newman, R. J. C. Steele, and A. M. Thompson. Mathematical Modelling of Tumour Invasion and Metastasis, *J. Theor. Med.*, 2(2):129–154, 2000. DOI: 10.1080/10273660008833042.
- [5] J. D. Murray. *Mathematical Biology: I. An Introduction*. In *Interdisciplinary Applied Mathematics, Volume 17*. Springer, Third Edition, 2002. ISSN: 0939-6047.

## Dinâmica de uma população de bugios em uma área atingida por febre amarela

Luiz Alberto Díaz Rodrigues<sup>1</sup>, Fernando Mazeto Brizola<sup>2</sup>, Diomar Cristina Mistro<sup>3</sup>

<sup>1,3</sup>Departamento de Matemática, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS

<sup>2</sup>Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, PR

### Introdução

O bugio ruivo (*Alouatta guariba clamitans*) é uma espécie ameaçada de extinção. Em uma área do Campo de Instrução do Exército (CISM) em Santa Maria - RS, onde a paisagem é composta por fragmentos de floresta, havia uma alta densidade dessa espécie. Entretanto, um surto de febre amarela, uma arbovirose transmitida pelos mosquitos dos gêneros *Haemagogus* e *Sabethes*, entre 2008 e 2009 reduziu drasticamente a população, levando à extinção em vários fragmentos. Ao adquirir o vírus da febre amarela, os bugios, que não transmitem a doença, morrem indicando a presença do vírus no local. Desta forma, desempenham um papel importante no combate à febre amarela.

A última grande epidemia urbana de febre amarela em território brasileiro ocorreu em 1929 [1]. No entanto, casos de febre amarela silvestre em áreas próximas a grandes centros urbanos foram registrados nos últimos anos e têm trazido grande preocupação aos profissionais da área de saúde.

Neste trabalho apresentamos um modelo matemático discreto para estudar a dinâmica de uma população de bugios sujeita a surtos periódicos de febre amarela. Um modelo metapopulacional é utilizado para analisar os efeitos da migração entre dois fragmentos de floresta suficientemente próximos.

### Modelo Local

Para representar a dinâmica do vital dos bugios construímos um modelo em tempo discreto levando em conta o tempo de maturação dos indivíduos

---

<sup>1</sup>ladiazrodrigues@gmail.com

<sup>2</sup>fernando.brizola@hotmail.com

<sup>3</sup>dcmistro@ufsm.br

e uma competição intraespecífica entre os indivíduos adultos e imaturos da população. A equação obtida para a densidade populacional  $N_t$  no ano  $t$  é a equação a diferenças de segunda ordem:

$$N_{t+1} = \frac{\alpha N_t + \beta N_{t-1}}{1 + C(\alpha N_t + \beta N_{t-1})}, \quad (6.12)$$

onde  $\alpha$  é a fração de sobreviventes adultos da geração  $t$ ,  $C$  representa a taxa de competição e  $\beta$  é uma constante que depende da fração de filhotes que sobrevive até a idade adulta e da fração de fêmeas que geraram filhotes na geração  $t - 1$ . A equação (1) é uma equação de Beverton-Holt com retardamento devido ao período de tempo entre gestações (dois anos)[1].

## Modelo Metapopulacional

Após o estudo do modelo sem estrutura espacial, construímos um modelo com migração entre dois fragmentos considerando que uma fração  $\mu$  de indivíduos abandona seu sítio de origem e migra para o outro. Com o propósito de analisarmos condições de colonização, assumimos uma migração unidirecional entre um fragmento com densidade populacional próxima a sua capacidade de suporte e outro inicialmente vazio. Em outra situação, consideramos uma migração assimétrica entre dois fragmentos com os valores dos parâmetros da dinâmica vital distintos em cada um deles. Isto caracteriza habitats de tamanho e qualidade diferentes.

Finalmente, incluímos uma migração dependente da densidade para estudar os efeitos da migração na persistência da espécie.

As simulações para os modelos propostos foram realizadas com parâmetros calculados a partir dos dados experimentais obtidos por Fortes (2008) no CISM.

## Conclusões

No modelo local em um único fragmento, observamos que, após um surto de febre amarela com mortalidade de aproximadamente 60%, a população leva em torno de 20 anos para retornar a sua capacidade de suporte. Com surtos periódicos, a persistência é possível quando a severidade da epidemia não for muito alta; para uma mortalidade acima de 77% da população ocorre extinção.

No modelo metapopulacional com migração unidirecional entre dois sítios, a colonização sempre ocorre quando as condições do sítio inicialmente vazio são favoráveis e a taxa de migração é suficientemente pequena. Para valores de  $\mu > 0,3$ , a população do sítio de origem vai à extinção.

Há persistência da espécie nos dois sítios com migração assimétrica quando a dinâmica local é estável em pelo menos um deles. Com a migração dependente da densidade, a recolonização de um sítio inicialmente vazio também é possível. Esta migração pode provocar oscilações periódicas nas populações locais.

## Referências

- [1] F. M. Brizola. Modelo Matemático para a Dinâmica Populacional do Bugio Ruivo em um Habitat Fragmentado, *Dissertação de Mestrado*. Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 2016.
- [2] V. B. Fortes. Ecologia e Comportamento do Bugio Ruivo (*Alouatta guariba clamitans* Cabrera, 1940) em Fragmentos Florestais na Depressão Central do Rio Grande do Sul, Brasil, *Tese de Doutorado*, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2008.

## **Evolução do Mimetismo Mülleriano em Forma de Mosaicos em Espaço Posicional Geográfico Bidimensional**

Divane Marcon<sup>1</sup>, Wilson Castro Ferreira Jr.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Campus Alegrete, Unipampa, Alegrete, RS

<sup>2</sup>IMECC, Unicamp, Campinas, SP

### **Introdução**

O Mimetismo é um fenômeno biológico em que uma espécie assemelha-se a outra espécie em alguma característica, através de um processo evolutivo. Esse assunto é muito estudado pois é considerado um problema em ecologia e genética e um fenômeno de interface entre psicologia e evolução [2]. Henry Bates (1825-1892), que viveu 11 anos na floresta Amazônica, observou que borboletas de espécies palatáveis (não tóxicas) imitavam o padrão das asas de borboletas de espécies não palatáveis (tóxicas), fenômeno hoje conhecido como Mimetismo Batesiano. Bates propôs como explicação que as espécies palatáveis ganham proteção contra predadores imitando as espécies não palatáveis. O artigo de Bates sobre suas observações é considerado o documento marco inicial do estudo de Mimetismo. Outro naturalista, o alemão Fritz Müller (1822 - 1897), que chegou no sul do Brasil em 1852, naturalizou-se brasileiro e viveu na região até sua morte, observou a semelhança entre espécies de borboletas não palatáveis na mata Atlântica. Devido a sua contribuição para a explicação do fenômeno este recebe o nome de Mimetismo Mülleriano, que ocorre quando duas diferentes espécies de borboletas, ambas tóxicas, sob a ação de um mesmo predador, desenvolvem um forte visual similar como sinal de alerta. A explanação de Müller para esse fenômeno foi baseada na hipótese que predadores aprendem a distinguir padrões de asas pela experiência individual (estímulo negativo) e o ônus de ensinar o predador é dividido pela aparência similar [1]. Esse argumento é conhecido como a Teoria da Força dos Números, onde a predação per capita no estado de equilíbrio (dos predadores) é maior quando menor for a densidade de presas. Como suporte para sua ideia, Müller desenvolveu um modelo matemático simples [3]. Por isso, Müller pode ser considerado o primeiro biomatemático brasileiro. Dentro do contexto do mimetismo Mülleriano, desenvolvemos um modelo matemático

<sup>1</sup>divanemarcon@unipampa.edu.br

<sup>2</sup>wilson@ime.unicamp.br

discreto de dinâmica populacional das borboletas (presas), avaliando algumas hipóteses e conjecturas correspondendo ao campo de observações desse fenômeno e apresentamos algumas simulações numéricas espaciais com resultados de formação de mosaicos.

## Desenvolvimento

Num primeiro momento, em [1], desenvolvemos um modelo matemático discreto de dinâmica populacional das presas considerando hipóteses do mimetismo Müllleriano e o padrão das asas como um espaço unidimensional, sem considerar um movimento num espaço geográfico. Neste trabalho apresentamos uma proposta de dinâmica onde as presas estão distribuídas numa região geográfica espacial bidimensional. Thomas N. Sherratt, em [4], fez simulações numéricas estudando a formação de padrões de asas semelhantes em mosaicos, de outra forma, durante a evolução os indivíduos das espécies se concentram em áreas onde o padrão de asas é comum em um estado populacional de equilíbrio. Nessa mesma linha de estudo, nosso modelo é descrito por populações de presas distribuídas no Espaço de Padrões, submetidas a um processo randômico representando mutações nas asas. A dinâmica vital de todas as populações é descrita por uma interação discreta do tipo Verhulst. Não há interação direta entre populações distintas de borboletas, mas a taxa de predação per capita em cada espécie é afetada pela sobreposição das espécies num determinado padrão de acordo com a hipótese da Força dos Números. A população de predadores é considerada constante.

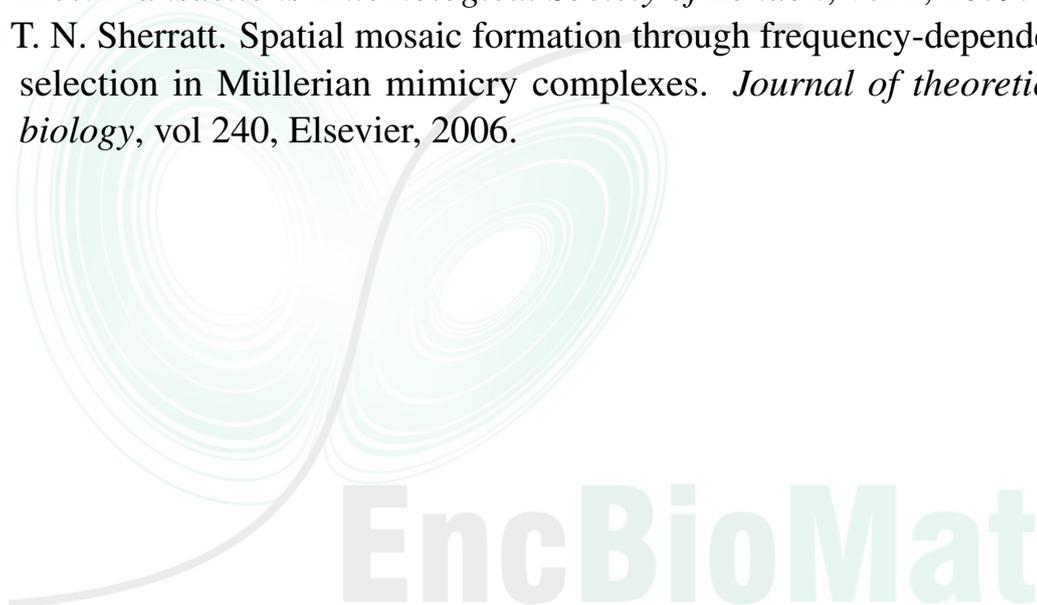
## Conclusões

Foram feitas simulações com duas espécies e cada uma com seis padrões de asas, de uma forma diferente a do que aquela apresentada no I EncBioMat. Os padrões de asas foram representados por cores. Os resultados esperados eram que, sob certos parâmetros dados, os indivíduos das espécies de presas se sobreporiam em regiões onde seus padrões de asas fossem semelhantes, conforme Sherratt obteve em seus estudos. Com nosso modelo, sob certas condições e parâmetros, conseguimos resultados similares ao de Sherratt. As duas chegam a um estado de equilíbrio onde há regiões com concentração de padrões, caracterizado pelo mimetismo Müleriano. Além disso,

apresentamos simulações que mostram como a predação, o comportamento dos pássaros dado pela Força dos Números, afeta a evolução das borboletas.

## Referências

- [1] W. C. Ferreira Jr., D. Marcon. Revisiting the 1879 model for Evolutionary Mimicry by Fritz Müller: New mathematical approaches, *Ecological Complexity*, v. 18, p. 25-38, 2014.
- [2] G. D. Ruxton, T. N. Sherratt, M. P. Speed. *Avoiding attack: the evolutionary ecology of crypsis, warning signals, and mimicry*. Oxford: Oxford University Press, 2004.
- [3] F. Müller. Ituna and Thyridia: a remarkable case of mimicry in butterflies. *Transactions Entomological Society of London*, vol 1, 1879.
- [4] T. N. Sherratt. Spatial mosaic formation through frequency-dependent selection in Müllerian mimicry complexes. *Journal of theoretical biology*, vol 240, Elsevier, 2006.



## **Facilitação e competição entre plantas: modelagem espacialmente explícita mostra a importância da dispersão.**

Marina Salles<sup>1</sup>, <sup>1</sup>Instituto de Biologia, UNICAMP, Campinas, SP

### **Introdução**

“Facilitação” é o termo usado em ecologia para se referir às interações ecológicas positivas entre organismos do mesmo nível trófico. A facilitação pode permitir que uma espécie ocupe um ambiente no qual ela não se estabeleceria por conta própria, ou acelerar a colonização de um novo ambiente, ou aumentar a abundância de uma espécie em determinada comunidade. Já a competição é a interação negativa mais importante entre plantas, que pode impedir que uma espécie ocorra em ambientes potencialmente favoráveis, reduzir a capacidade de colonização de um ambiente, e limitar a abundância de uma espécie em uma comunidade. Os modelos clássicos de dinâmica populacional colocam a competição como o fator que limita o crescimento populacional.

A capacidade de dispersão é determinante para a ocorrência e abundância das espécies vegetais porque permite o alcance de novos ambientes e também porque permite a chegada a locais onde a competição é menos intensa. Por isso, em modelos espaciais, a dispersão é um elemento central. No trabalho aqui apresentado, investigo como a espacialidade modula os efeitos da facilitação e da competição.

### **Desenvolvimento**

Neste trabalho simulei a dinâmica de uma população dividida em três estágios de vida, com um estágio de vida sofrendo facilitação de plantas berçário fixas. O modelo principal é um modelo baseado em indivíduo (IBM) estocástico e espacialmente explícito, com tempo e espaço contínuos. Inspirado em trabalho experimental[1] e nos modelos tradicionais logístico e Lotka-Volterra, o modelo incorpora facilitação e competição afetando as taxas de mortalidade.

---

<sup>1</sup>marinacs@gmail.com

O programa foi validado contra um modelo diferencial matricial não espacial malthusiano, da forma  $N' = MN$ , onde a matriz  $M$  possui elementos na primeira linha equivalente às taxas de reprodução  $R_i$ , na diagonal secundária inferior correspondentes às taxas de crescimento  $g_i$  e na diagonal principal as somas  $-d_i - g_i$  correspondentes a mortes e crescimentos. A análise matemática desse tipo de modelo matricial revelou que só pode haver um autovalor positivo se  $\sum R_i s_i t_i > 1$ , onde  $s_i$  é a probabilidade de um indivíduo sobreviver até o estágio  $i$ ,  $R_i$  é a taxa de reprodução desse estágio, e  $t_i$  é o tempo esperado de permanência nesse estágio. Uma consequência disso é que qualquer efeito sobre as mortalidades dos estágios juvenis só afetará a viabilidade da população na medida em que reduzir a probabilidade de cada indivíduo atingir a maturidade.

Comparei duas classes de simulações: no primeiro caso, o modelo matricial indicava que a população seria viável; no segundo caso, a população seria viável apenas se a taxa de mortalidade de juvenis fosse reduzida por plantas berçário. Nos dois casos, a competição entre adultos limitaria logisticamente a população. Simulei ambos os casos com dispersividades variando de 10% a 600% do raio das adultas.

## Conclusões

Os resultados para uma população (sem facilitação) reproduzem a relação entre dispersão e abundância de [2]: maior dispersividade leva a maiores  $rs$  (taxas de crescimento populacional) e maiores  $Ks$  (abundâncias a longo prazo), já que diminui a probabilidade de encontro entre indivíduos que se prejudicariam. Porém, para uma população cuja viabilidade depende de facilitação, muita dispersividade leva a menores  $rs$  e menores  $Ks$ , e a distância de dispersão ótima é em valores intermediários. A dispersão diminui a probabilidade de encontro com competidoras, mas também reduz o encontro com facilitadoras, já que as adultas ocorrem preferencialmente associadas a facilitadoras.

Outros modelos de simulação de dinâmica populacional com facilitação se preocupam em mostrar que a facilitação pode aumentar o nicho realizado da espécie facilitada. Este modelo reproduz esse resultado, e o estende, mostrando que em alguns casos um pequeno número de plantas-berçário pode permitir que a espécie facilitada ocupe uma grande área. Além disso, os resultados sugerem que, no nicho expandido, a espécie facilitada atinge um máximo de desempenho com distâncias de dispersão intermediárias.

## Referências

- [1] C. T. Castanho, A. A. Oliveira and P. I. K. L. Prado, Does extreme environmental severity promote plant facilitation? An experimental field test in a subtropical coastal dune. *Oecologia*, 1987. DOI: 10.1007/s00442-015-3285-7.
- [2] R. Law, D. J. Murrel and U. Diekmann, Population Growth in Space and Time: Spatial Logistic Equations, *Ecology*, 2003. DOI: 10.1007/s40314-014-0163-6.



---

## Gramática Matemática da Biologia

Michel E. Beleza Yamagishi.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratório Multiusuário de Bioinformática da Embrapa – LMB, Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, SP

### Resumo

A Biologia Sintética (BS) trouxe desafios que transcendem seus limites. Editar o genoma dos seres vivos com a mesma facilidade de um editor de texto é certamente um avanço disruptivo. Entretanto, da mesma forma que editar um texto exige noções de aspectos gramaticais distintos, modificar o código da vida exige o domínio de um complexo conjunto de regras, muitas das quais ainda desconhecidas.

As Ciências Biológicas têm feito um trabalho magnífico ao revelar regras associadas às funções de trechos do DNA. Ocorre que há também um conjunto de regras intrínsecas ao DNA (RID) que a maioria dos genomas satisfazem, mas é pouco conhecido.

Nosso trabalho descreve essas regras, e mostra como derivamos matematicamente outras quatro novas RID. Estas enriquecem a “gramática matemática da biologia”, e revelam mais uma centelha da beleza matemática escondida no código da vida.

EncBioMat

---

<sup>1</sup>michel.yamagishi@embrapa.br

## **Modelagem matemática de isolados bacterianos em diferentes concentrações de cromo hexavalente.**

Miller Cerón Gómez<sup>1</sup>, Jhonatan Pinta, Eduardo Ibarguen, Mariela Burbano, Patricia Lopez, Lorena Ceballos,

<sup>1</sup>Departamento de Matemáticas y Estadística, Universidad de Nariño, Pasto, Colômbia.

### **Resumo**

Os microorganismos são os seres vivos mais abundantes e diversos do planeta; estes são caracterizados pela colonização de diferentes ambientes devido à capacidade de desenvolver uma grande variedade de funções e reações: oxidação, precipitação, redução entre outros e, por isso, sua atividade é essencial para a estabilidade e o funcionamento dos ecossistemas. Dentro deste grupo, estão as bactérias, que, apesar de suas características, são mais abundantes em relação a outros microorganismos. Existem vários fatores, tanto bióticos como abióticos, que controlam a abundância e o crescimento de bactérias, dentre eles a quantidade e qualidade de matéria orgânica, predação, temperatura e, especialmente, a concentração deficiente ou excessiva de certos elementos tais como metais pesados (MP), o mais essencial para o crescimento bacteriano; no entanto, altas concentrações destes metais podem ser altamente tóxicas. Um dos MP com maior impacto no meio ambiente é o Cromo, que é comumente encontrado na forma de cromatos, dicromatos, óxidos e sulfatos; neste sentido, o cromo hexavalente (Cr (VI)) é um agente altamente tóxico, que pode ser reduzido pelo meio ambiente a formas menos tóxicas (Cr (III)), mas quando os níveis desse metal superam a capacidade de redução do meio ambiente pode se tornar um contaminante, afetando diretamente a abundância e o crescimento normal de bactérias que estão associadas a ambientes contaminados com este metal. O efeito de diferentes concentrações de Cr (VI) sobre o crescimento populacional de bactérias de tipo selvagem, isoladas dos efluentes contaminados com este metal é pouco conhecido. Neste sentido, o presente estudo tem como objetivo avaliar o efeito de diferentes concentrações de cromo na densidade populacional de bactérias isoladas de águas residuais, a fim de gerar dados indicativos que pretendam estabelecer a resposta da densidade

---

<sup>1</sup>millercg@udenar.edu.co

populacional em relação às concentrações de cromo do meio em que as bactérias são encontradas através da modelagem matemática.

## Referências

- [1] Azario R, Salvarezza S, Ibarra A, Garcia M. *Effects of hexavalent and trivalent chromium on the growth of Escherichia coli ATCC 35218*. Technical Information 21(1):51-56.2010.
- [2] Ercal N, Gurer-Orhan H, Aykin-Burns N. *Toxic metals and oxidative stress Part I: Mechanisms involved in metal induced oxidative damage*. Curr Top Med Chem 1, 529-539. 2001
- [3] Liu K, Shi X. *In vivo reduction of chromium (VI) and its related free radical generation*. Mol Cell Biochem. 222, 41-47. 2001.



## Modelagem Matemática de Predação Doença-Seleativa

Altemir Bortuli Junior<sup>1</sup>, Norberto Anibal Maidana<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup>Centro de Matemática, Computação e Cognição, UFABC, Santo André, SP

### Introdução

Modelos matemáticos têm sido utilizados para explorar a dinâmica de interação presa-predador com presas infectadas por uma determinada doença. Dentre eles, o modelo desenvolvido e analisado em [2] descreve um fenômeno, denominado predação doença-seleativa, no qual o predador possui a capacidade de identificar as presas infectadas e evitar o seu consumo.

O que aqui propomos é a modelagem da dinâmica populacional de um sistema de interação presa-predador, com presas acometidas por uma doença infecciosa e a predação do tipo doença-seleativa.

### Modelo Matemático de Predação Doença-Seleativa

Para o desenvolvimento do modelo matemático de predação doença-seleativa assumimos para a população de presas como em [2] o seguinte:

- A população de presas é dividida em duas classes: suscetíveis ( $\bar{S}$ ) e infectadas ( $\bar{I}$ );
- A população de presas suscetíveis tem crescimento logístico a uma taxa intrínseca  $\bar{r}$ . Somente as presas suscetíveis se reproduzem, no entanto, as presas infectadas competem por recursos, assim, ambas as presas contribuem para a saturação do meio ambiente, com capacidade suporte  $\bar{K}_1$ ;
- Parte da população de presas suscetíveis se torna infectada por transmissão direta, a uma taxa  $\bar{\beta}$ , pela incidência de ação de massas;
- A resposta funcional é do Tipo II de Holling [3], com taxa de eficiência de predação  $\bar{w}$ , e constante de saturação média  $\bar{m}$ ;
- Presas infectadas não se recuperam e morrem a uma taxa  $\bar{\gamma}$ .

Para a população de predadores  $\bar{P}$ , assumimos que:

- A população de predadores tem fontes alternativas de alimento, denotada pela constante  $\bar{K}_2$ ;

<sup>1</sup>altemirbortulijunior@hotmail.com

<sup>2</sup>norberto.maidana@ufabc.edu.br

- A população de predadores cresce logisticamente a uma taxa intrínseca  $\bar{\rho}$ , com capacidade suporte dependente da população de presas suscetíveis, em cada instante  $t$ , e das fontes alternativas de alimento;
- A eficiência de conversão alimentar do predador é denotada por  $\bar{h}$ .

De acordo com o que foi descrito, o modelo matemático de predação doença-seletiva é dado por:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{d\bar{S}}{dt} = \bar{r}\bar{S} \left( 1 - \frac{\bar{S} + \bar{I}}{\bar{K}_1} \right) - \bar{\beta}\bar{S}\bar{I} - \frac{\bar{w}\bar{P}\bar{S}}{1 + \bar{m}\bar{S}}, \\ \frac{d\bar{I}}{dt} = \bar{\beta}\bar{S}\bar{I} - \bar{\gamma}\bar{I}, \\ \frac{d\bar{P}}{dt} = \bar{\rho}\bar{P} \left( 1 - \frac{\bar{P}}{\bar{K}_2 + \frac{\bar{S}}{\bar{h}}} \right), \end{array} \right. \quad (6.13)$$

em que  $\bar{r}$ ,  $\bar{\beta}$ ,  $\bar{w}$ ,  $\bar{h}$ ,  $\bar{m}$  e  $\bar{\rho}$  são constantes positivas. Consideramos as condições iniciais não-negativas e arbitrárias, ou seja,  $\bar{S}(0) \geq 0$ ,  $\bar{I}(0) \geq 0$  e  $\bar{P}(0) \geq 0$ .

## Conclusões

A análise de estabilidade dos pontos de equilíbrio e as simulações numéricas realizadas em [1] evidenciaram que a sobrevivência da população de predadores, quando há disponibilidade de alimento alternativo, é pouco dependente da dinâmica da população de presas. No entanto, a dinâmica da população de presas é fortemente afetada pela ação da predação doença-seletiva.

Na análise do modelo, na ausência de predadores, determinamos o clássico valor limiar para a propagação da doença  $\mathfrak{R}_0$ , ocorrendo a propagação quando  $\mathfrak{R}_0 > 1$ . Já, na análise do sistema na presença de predadores determinamos um novo limiar para a propagação da doença  $\mathfrak{R}_0^P$ . Quando  $\mathfrak{R}_0^P < 1$  a predação impede a propagação da doença.

Portanto, por meio do estudo teórico deste modelo foi possível determinar os principais aspectos eco-epidemiológicos associados ao fenômeno de o predador evitar seletivamente presas infectadas.

## Referências

- [1] A. Bortuli Junior and N. A. Maidana. Mathematical Modeling of disease-selective predation. Submitted for publication, 2017.
- [2] K. P. Das, S. Roy and J. Chattopadhyay. Effect of disease-selective predation on prey infected by contact and external sources, *BioSystems*, 95:188–199, 2009.
- [3] C. S. Holling. Some characteristics of simple types of predation and parasitism, *Canadian Entomologist*, 91:385-398, 1959.



## Modelando o uso de *Wolbachia* para controlar a população de mosquitos *Aedes Aegypti* nativos

Geisel Yajaira Alpízar Brenes<sup>1</sup>, Hyun M. Yang<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup> IMECC – Departamento de Matemática Aplicada, Universidade Estadual de Campinas.

### Introdução

Experimentos e ensaios de campo mostram que a bactéria intracelular *Wolbachia* pode ser introduzida e estabelecida em populações nativas do mosquito *Aedes Aegypti*, o vetor primário da dengue. O *Aedes Aegypti* não é naturalmente infectado por *Wolbachia*, mas a infecção tem sido conseguida por transfecção; produzindo diferentes efeitos (fenótipos) na biologia do mosquito dependendo da cepa introduzida. Entre os efeitos produzidos estão: alta herança materna, incompatibilidade citoplasmática (IC, uma anormalidade reprodutiva, que resulta na morte embrionária precoce quando há o cruzamento entre um macho infectado com uma fêmea não infectada), encurtamento de vida, atraso no desenvolvimento larval, mortalidade de ovos, interferência no vírus da dengue, entre outros. Estes fenótipos fazem com que a bactéria possa espalhar-se rapidamente nas populações de insetos, além de contribuir para a prevalência da infecção por *Wolbachia* nos mosquitos. Portanto, a introdução da *Wolbachia* tem sido sugerida como uma medida potencial de controle da população de mosquitos nativos e, como consequência, no controle do vírus da dengue.

O sucesso da invasão e estabelecimento da bactéria depende da dinâmica das populações de mosquitos nativos juntamente com os mosquitos infectados. Neste trabalho apresentamos um modelo de dinâmica populacional para descrever a interação entre mosquitos *Aedes Aegypti* nativos e mosquitos infectados com uma das cepas da *Wolbachia*, que competem numa mesma localidade pelos mesmos recursos vitais e avaliamos sob que condições é possível estabelecer a bactéria na população de mosquitos.

---

<sup>1</sup>geyalpibren@gmail.com

<sup>2</sup>hyunyang@ime.unicamp.br

## Desenvolvimento

Neste trabalho desenvolvemos um modelo que leva em conta alguns dos fenótipos das cepas como a IC, herança materna e encurtamento da vida. A dinâmica da população do vetor baseia-se no ciclo de vida do mosquito *Aedes Aegypti*: ovo, larva, pupa e inseto adulto. No entanto, simplificamos considerando só duas fases: a aquática (ovos, larvas e pupas) e a fase adulta. Todas as fases aquáticas são consideradas em um só compartimento e a fase adulta é dividida em vários compartimentos. Depois de emergir da pupa, um mosquito fêmea precisa acasalar-se e ter uma refeição de sangue antes de começar a pôr ovos, assim para as fêmeas adultas consideramos separadamente as fêmeas antes do acasalamento e as fêmeas acasaladas. Também como estamos considerando a IC, as fêmeas acasaladas são divididas em fecundadas e não fecundadas. No nosso modelo temos 9 compartimentos, 5 para a população de mosquitos nativos e 4 para a população de mosquitos com Wolbachia.

## Resultados

Os resultados da análise matemática e numérica do modelo mostraram a existência de dois pontos de equilíbrio de uma única população e um ponto de equilíbrio de coexistência para as duas populações de mosquitos. A existência e a estabilidade desses pontos de equilíbrio dependem de alguns limiares, esses limiares correspondem ao número reprodutivo básico (número básico de descendentes) das populações. Mostramos que a solução de equilíbrio isolada para a população de mosquitos com Wolbachia é localmente estável desde que o número reprodutivo básico correspondente seja maior que 1. A mesma condição é necessária, mas não é suficiente para a estabilidade do ponto de equilíbrio isolado para a população de mosquitos nativos, neste caso é necessária uma condição adicional. Para o caso do ponto de equilíbrio de coexistência mostramos numericamente as condições para sua existência e estabilidade.

## Referências

- [1] Moreira L.A., Iturbe-Ormaetxe I., Jeffery J.A., Lu G., Pyke A.T., Hedges L.M., Rocha B.C., Hall-Mendelin S., Day A., Riegler M., Hugo L.E., Johnson K.N., Kay B.H., McGraw E.A., van den Hurk A.F., Ryan P.A. e O'Neill S.L. A wolbachia symbiont in aedes aegypti

- 
- limits infection with dengue, chikungunya, and plasmodium. *Cell*, 139(7):1268-1278, 2009. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cell.2009.11.042>.
- [2] McMeniman C.J., Lane R.V., Cass B.N., Fong A.W.C., Sidhu M., Wang Y-F. e O'Neill S.L., Stable introduction of a life-shortening Wolbachia infection into the mosquito *Aedes aegypti*., *Science*, 323(5910):141–144, 2009. DOI: [10.1126/science.1165326](https://doi.org/10.1126/science.1165326).
- [3] Esteva L. e Hyun Mo Y. Mathematical model to assess the control of *Aedes aegypti* mosquitoes by the sterile insect technique, *Mathematical Biosciences* 198(2005):132–147, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2005.06.004>.



## Modelo de von Bertalanffy Generalizado com Inclusão de Periodicidade para o Crescimento de Peixes da Amazônia: Estudo Clássico e Fuzzy.

Silvia Dias de Souza<sup>1</sup>, Rodney Carlos Bassanezi .<sup>2</sup>,

<sup>1</sup>Bolsista da Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado do Amazonas-Fapeam, Doutoranda na Universidade Estadual de Campinas

<sup>2</sup>Universidade Estadual de Campinas.

### Introdução

Modelos que medem o crescimento do peixe ou sua massa são ferramentas importantes para se entender a dinâmica da pesca em toda a região Amazônica. Um modelo muito conhecido é o de von Bertalanffy generalizado, abordado por Bassanezi em 2002, onde temos o crescimento do peixe medido por seu peso ao longo do tempo e, ainda seu comprimento ao longo do tempo. Se nos voltarmos para a realidade dos peixes na região Amazônica formada por vários rios e, onde a atividade de pesca constitui uma fonte de alimento e comércio muito intensa e importante, devemos levar em consideração fenômenos como a piracema. No presente trabalho propomos uma generalização do modelo de Bassanezi que engloba essa periodicidade com relação a variação do peso na época da piracema, com resultados clássicos e também com uma abordagem fuzzy do problema.

### Desenvolvimento

O modelo proposto por Bassanezi em [1], para estudar o crescimento por peso dos animais, é dado por:

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = \alpha P^\gamma - \beta P \\ P(0) = P_0 \end{cases} \quad (6.14)$$

nesta equação  $P = P(t)$  é a massa do animal,  $P_0$  é a massa inicial,  $\alpha$  e  $\beta$  são constantes de anabolismo e catabolismo (anabolismo é a fase que consiste em arranjar compostos orgânicos a partir de compostos mais simples,

---

<sup>1</sup>silviadss@gmail.com

<sup>2</sup>rodney@ime.unicamp.br

visando guardar energia, já o catabolismo é a fase que consiste na desintegração de complexos orgânicos para liberar energia ) respectivamente. Temos que  $\gamma$  é o parâmetro de alometria que depende da espécie estudada, estima-se que  $0 < \gamma < 1$ .

A solução é dada por:

$$P(t) = P_{\infty} \left\{ 1 + \left[ \left( \left( \frac{P_0}{P_{\infty}} \right)^{1-\gamma} - 1 \right) e^{-\beta(1-\gamma)t} \right] \right\}^{\frac{1}{1-\gamma}} \quad (6.15)$$

No modelo que propomos inserimos uma função de periodicidade para obtermos uma variação no crescimento do animal, que em nosso caso é o peixe Tambaqui que passa pela piracema. Tal função periódica é dada por

$$\mu(t) = t + 0.15\text{sen}2\pi t.$$

Substituindo o tempo por essa função periódica temos a seguinte equação diferencial:

$$\frac{dP}{dt} = \beta \frac{d}{dt}(\mu(t)) \left( P^{\gamma} P_{\infty}^{1-\gamma} - P \right) \quad (6.16)$$

A partir da solução clássica será feito um estudo fuzzy, permitindo assim analisarmos as variações das soluções dada uma pequena perturbação no parâmetro e condição inicial do modelo (3).

## Conclusões

O modelo generalizado de Bassanezi, se tornou um caso particular do nosso modelo proposto quando fazemos a função  $\mu(t) = t$ . No modelo proposto chegamos um pouco mais próximo da realidade dos peixes nos rios da região norte, em que ocorre uma pequena variação do peso do peixe ao longo dos anos. Um estudo fuzzy pode ser feito em cima do modelo permitindo ver as variações das soluções quando ocorre uma pequena variação de parâmetro e a estabilidade de soluções nesse caso são garantidas em [2].

## Referências

- [1] E. B. Custódio. *Crescimento do Matrinxã e Tambaqui: Modelos fuzzy*. Unicamp, Campinas, 2013.

- [2] M. T. Mizukoshi. *Estabilidade de sistemas dinâmicos fuzzy*. Unicamp, Campinas, 2004.



---

## Novel method based in fuzzy clustering for EEG signal analysis

Jefferson Beethoven Martins<sup>1</sup>, Ana Maria Amarillo Bertone<sup>2</sup>,

<sup>1</sup>Faculdade de Engenharia Elétrica, UFU, Uberlândia, MG

<sup>2</sup>Faculdade de Matemática, UFU, Uberlândia, MG

### Introduction

The signals from an **ElectroEncephaloGram**, EEG for short, are well known for being highly subjective and may appear at random in the time scale. These are the main reasons for extracting and analyzing EEG signal parameters using computers as more efficient in diagnostics. With this motivation, nonlinear methods have been proposed to extract parameters for analysis and classification of time series signals. The Higuchi fractal dimension (HFD) parameter [2] measures the complexity, and the chaotic nature of the time series signals. The sample entropy (SampEn) is a statistical parameter to quantify its predictability [4].

New methods have been proposed for the analysis and simplification of the original time series captured, for instance, by the electroencephalography procedure. Among others, the **Empirical Mode Decomposition** (EMD), developed by Huang et al. [1], has been applied to nonlinear and non stationary signal analysis. The EMD method objective to break down the signal in **Intrinsic Mode Functions** (IMF), without leaving the time domain.

A novel method is proposed in this study with the objective of extracting a single IMF function from the **Original Times Series** (OTS). This function, that we denote as ESF (extracted simplified function), matches the HFD and the SampEn parameters of the OTS, with a small absolute difference error as a validation of the method. A fuzzy clustering based in Gusftason and Kessel algorithm [3] is applied to the time series interpreted as a time-output system, that divides the temporal universe in subsets containing the highest degree of memberships information, obtained from the clustering procedure. From there, and using the Hilbert –Huang transform (HHT), the amplitude modulation bandwidth (BAM) and frequency modulation bandwidth (BFM) are extracted from analytic representation of the single IMF. Furthermore, a new procedure of fuzzy clustering is perform with the

---

<sup>2</sup>amabertone@ufu.br

parameters obtained to conclude an effective classification of EEG signals in three types: normal, not normal or unknown.

## Methods and results

The OTS used to apply the new method is a real data extracted from [5]. The results of the computational elapsed time (CET) for the fuzzy clustering process (FCP), for the calculation of the HFD and SampEn parameters of each data (OTS and ESF), the final results of this calculations, and the validation absolute error (VAE), are described in Table 1.

Table 6.2: Informative table of the results in simulations.

	CET (sec)	HFD	SampEn	VAE
FCP	2.052			
Original time series	0.053	1.41617	1.41616	0.00001
Simplify time series	2.720	0.6215	0.6217	0.0002

The graphic of the OTS together with the ESF obtained by the fuzzy clustering method, are shown at the top of Figure 1, and in the same Figure 1, both curves are shown in different plots.

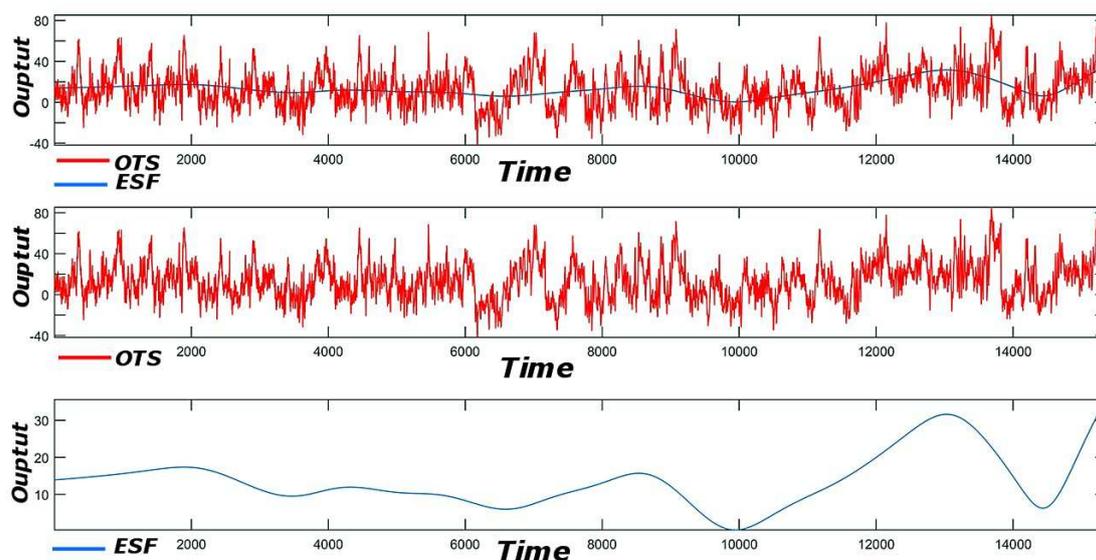


Figure 6.6: Top: OTS (red output) and ESF (blue output); middle plot: OTS; bottom plot: ESF.

Next step is to apply the HHT transform follows by the new application of the FCP for the classification of the EGG signal. This second step of the research is already complete. Due to the small space of this abstract it will be presented at the congress communication.

## Conclusions

Promising results encourage to improve the technique of extracting a single intrinsic mode function from fuzzy unsupervised learning technique, in order to analyze and submit to the whole procedure of classification of EEG signals through the Hilbert - Huang transform. A new procedure of fuzzy clustering, is finally perform with the parameters obtained concluding in an effective classification of EEG signals in normal, not normal or unknown.

## Referências

- [1] N. E., Huang, Z. Shen, S. R. Long, M. C. Wu, H. H. Shih, Q. Zheng, Yen, N. C.; Tung, C. C.; Liu, H. H. (1998). The Empirical Mode Decomposition and the Hilbert Spectrum for Nonlinear and Nonstationary Time Series Analysis. In *Proceedings of the Royal Society of London A*. 454: 903– 995, 1998.

- [2] T. Higuchi. Relationship between the fractal dimension and the power law index for a time series: A numerical investigation. *Physica D*, 46, 254-264, 1990.
- [3] D. E. Gustafson and W. C. Kessel, Fuzzy clustering with fuzzy covariance matrix. In *Proceedings of the IEEE Control and Decision Conference*, San Diego, USA, 1979.
- [4] J. S. Richman, J. R. Moorman. Physiological time-series analysis using approximate entropy and sample entropy. *American Journal of Physiology. Heart and Circulatory Physiology*. 278 (6): 2039–2049, 2000.
- [5] R. Q. Quiroga, M. Schuermann. EEG, ERP and single cell recordings database. Available in: <http://https://vis.caltech.edu/rodri/data.htm>. Access in: March 11, 2017.



## O sistema imune e os resultados no tratamento oncológico quimioterápico

Tatiana Rocha de Souza<sup>1</sup>, Rodney Carlos Bassanezi<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup>Departamento de Matemática Aplicada, Unicamp, Campinas, Brasil

### Introdução

O câncer é uma doença ainda com muitas incógnitas. Considerando a quimioterapia como único tratamento clínico convencional, abordamos a importância e a representatividade do tratamento alternativo integrado ao convencional como fator influenciador dos resultados nos tratamentos quimioterápicos, como visto em [3]. Neste trabalho optamos por modelar o crescimento tumoral via equação de Gompertz e mostramos matematicamente a importância de um sistema imune equilibrado para obter o resultado final esperado, ou seja, a cura do câncer.

### Desenvolvimento

Por [1], podemos descrever o crescimento tumoral através do modelo de Gompertz. Considerando a condição inicial  $C(0) = C_0$ , temos:

$$\begin{cases} \frac{dC}{dt} = C(a - b \ln(C)) \\ C(0) = C_0 \end{cases} \quad (6.17)$$

onde  $a = \gamma \ln(K)$  e  $b = \gamma$ ,  $\gamma$  é a taxa de crescimento tumoral,  $C$  é a quantidade (em número celular) tumoral e  $K$  a capacidade de suporte, cuja solução é:

$$C = K \left( \frac{C_0}{K} \right)^{e^{-bt}}. \quad (6.18)$$

Consideramos a dinâmica tumoral com tratamento quimioterápico periódico, com período  $T$ , descrevendo  $C^-(T) = \max(C(T))$  como o máximo valor do tumor atingido em cada período  $T$  e  $C^+(T) = \min(C(T))$  sendo o mínimo valor do tumor atingido neste período  $T$ , como visto na Figura 6.7 (não fornecida pelos autores). Assim, generalizando, considerando  $n$  o

<sup>1</sup>tatiroc@yahoo.com.br

<sup>2</sup>rodney@ime.unicamp.br

Figure 6.7: Dinâmica tumoral

número de aplicações da droga, obtemos:

$$C^-(nT) = K(1 - \lambda)^{[e^{-(n-1)bT} + \dots + e^{-bT}]} \frac{1}{K} e^{-nbT} \quad (6.19)$$

e

$$C^+(nT) = K(1 - \lambda)^{[1 + e^{-(n-1)bT} + \dots + e^{-bT}]} \frac{1}{K} e^{-nbT} \quad (6.20)$$

onde  $\lambda$  é a taxa de decrescimento tumoral devido a quimioterapia. Portanto, para uma infinidade de aplicações da droga, observamos que:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} C^+(nT) = K(1 - \lambda) \frac{1}{1 - e^{-bT}}. \quad (6.21)$$

Desta maneira, um paciente em tratamento neoadjuvante, onde não foi possível remover a massa tumoral via cirurgia, cujo início do tratamento deu-se com uma massa tumoral de  $C_0 = 10^{10}$  células, cuja capacidade de suporte é  $K = 10^{12}$ ,  $\gamma = 0.019$ ,  $\lambda = 0.24$  e  $T = 1$  (representando cada aplicação), tem:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} C^+(nT) \approx 4,6478 \cdot 10^5 \quad (6.22)$$

ou seja, se estivermos considerando apenas a interferência quimioterápica, aplicando um número muito grande de quimioterapias, o paciente alcançará, no máximo, uma redução de  $10^{10}$  para  $4,6478 \cdot 10^5$  células.

Sabendo que abaixo de  $10^8$  células tumorais, o homem é incapaz de visualizar um tumor sólido, o tratamento é encerrado sem que o tumor de fato tenha sido eliminado. No entanto, a ciência noética, vista em [2], vem mostrando o poder que o próprio corpo tem em combater células invasoras, assim como as células tumorais. Desta maneira, consideramos a intervenção de células combatentes, como as células NK e os linfócitos T CD8, cujo valores de referência varia entre  $2 \cdot 10^6$  e  $7 \cdot 10^6$  células, um sistema imune devidamente atuante é capaz de destruir estas células cangerígenas invisíveis ao olho humano e assim obter a real cura da doença.

## Conclusões

Existem situações adversas que impossibilitam a remoção cirúrgica da massa tumoral, cujo quadro clínico do paciente propõe o tratamento neoadjuvante ou paliativo. Observamos que, por maior que seja a quantidade de aplicações quimioterápicas, matematicamente essa ação é insuficiente para obtermos a cura. Daí a importância do sistema imune, para que o mesmo possa atuar no combate, onde a droga não foi suficiente para o resultado ótimo, a cura.

## Referências

- [1] M. Marusic and S. Vuk-Pavlovic, Conceptual frameworks for mathematical modeling of tumor growth dynamics *Mathematical and computer modelling* 23.6, 31-46, 1996.
- [2] Schlitz, Marilyn, E. Taylor and N. Lewis, Toward a noetic model of medicine, *Noetic Sciences Review* 47.47, 45-52 , 1998.
- [3] Society for Integrative Oncology. Disponível em: [integrativeonc.org](http://integrativeonc.org). Acesso em 05 de maio de 2017.

## Probabilidades de Fixação no Processo de Moran com três estratégias

Eliza M. Ferreira<sup>1</sup>, Armando G. M. Neves<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Exatas, UFLA, Lavras, MG

<sup>2</sup>Departamento de Matemática, UFMG, Belo Horizonte, MG

### Introdução - O Processo de Moran

Consideremos uma população fixa com  $N$  indivíduos divididos em três tipos, digamos A, B e C. O estado  $X_n = (i, j)$  da população no instante de tempo discreto  $n$  é dado pelo número de indivíduos  $i$  de tipo A e  $j$  de tipo B. Naturalmente, o número de indivíduos de tipo C é  $N - i - j$ . O estado é representado por um ponto em uma malha triangular sobre um triângulo equilátero, ver Figura 6.8.

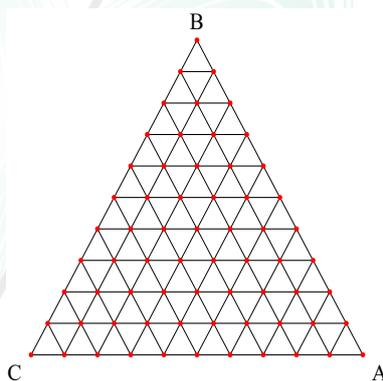


Figure 6.8: Temos aqui uma rede triangular para  $N = 10$ . Os estados da população são dados pelos pontos vermelhos.

A dinâmica populacional é modelada por dois sorteios independentes a cada unidade de tempo, um sorteio uniforme de um indivíduo para morrer e um sorteio para reprodução que dependerá da aptidão de cada indivíduo. Supomos ainda, em geral, que a aptidão dos três tipos depende de suas frequências na população.

Este processo estocástico é uma cadeia de Markov com espaço de estados finito, sendo  $(0, 0)$ ,  $(0, N)$  e  $(N, 0)$  estados absorventes e o restante estados transientes da cadeia [1]. Da teoria das cadeias de Markov, após tempo

<sup>1</sup>eliza.ferreira@dex.ufla.br

<sup>2</sup>aneves@mat.ufmg.br

suficiente, a população será constituída por todos os indivíduos de um mesmo tipo. Este fenômeno é conhecido como fixação.

## A Probabilidade de Fixação

A probabilidade  $\pi_{ij}$  de que ocorra fixação do tipo A, a partir da condição inicial de  $i$  indivíduos do tipo A e  $j$  do tipo B, como pode ser visto também em [2], será dada por uma média ponderada dos valores da mesma função nos 6 vizinhos mais próximos da malha triangular.

$$\pi_{ij} = \frac{1}{1 - p_i^j} \left[ p_{i+}^{j-} \pi_{i+1, j-1} + p_{i-}^{j+} \pi_{i-1, j+1} + p_{i+}^j \pi_{i+1, j} + p_{i-}^j \pi_{i-1, j} + p_{i+}^{j+} \pi_{i, j+1} + p_{i-}^{j-} \pi_{i, j-1} \right], \quad (6.23)$$

onde os pesos  $p_{i\pm}^{j\pm}$  são dados por funções conhecidas. Os valores de  $\pi_{ij}$  nos pontos da fronteira do triângulo são conhecidos. Os valores dos  $\pi_{ij}$  nos pontos da malha no interior do triângulo são obtidos pela resolução de um sistema de equações lineares com  $(N-1)(N-2)/2$  incógnitas.

Pode-se provar que o sistema linear (6.23), que define as probabilidades de fixação dada uma condição inicial, tem solução única.

## Resultados

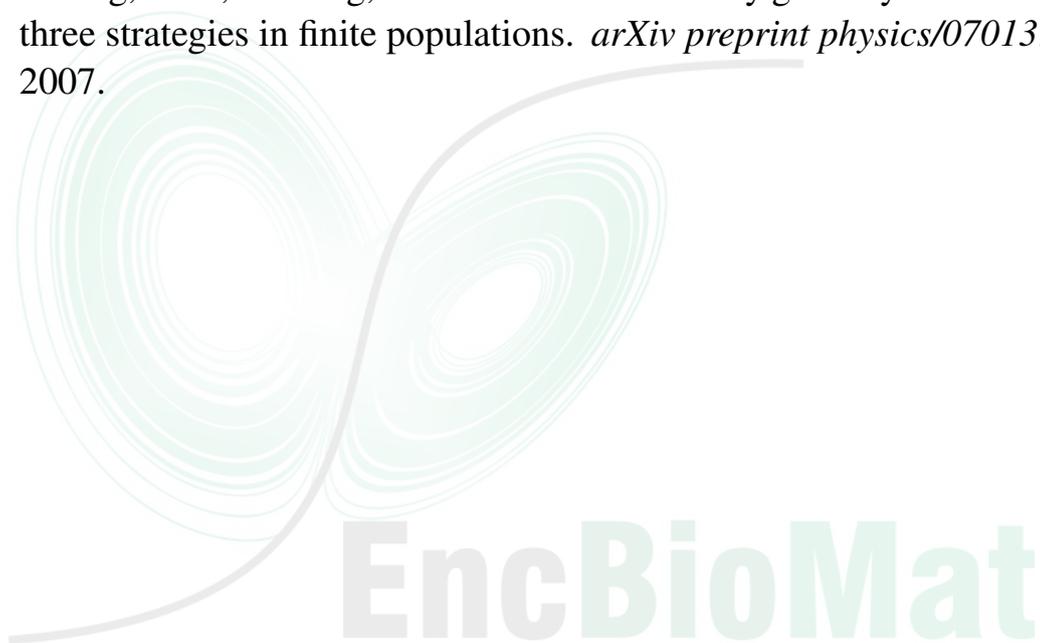
Como uma contribuição ao estudo das probabilidades de fixação do processo de Moran para três estratégias, estudamos o caso mais simples onde, apesar de as aptidões serem dependentes da frequência, consideraremos que os indivíduos de tipo A são mais aptos que os dos outros dois tipos quaisquer que sejam as frequências desses tipos. Exibiremos nesse caso uma cota para  $\pi_{ij}$ . Dessa cota resulta que, para qualquer par  $(x, y) \in R^2$ ,  $x > 0$ ,  $y > 0$ ,  $x + y < 1$ , a probabilidade de fixação dos indivíduos do tipo A no ponto da malha triangular mais próximo do ponto correspondente a  $(x, y)$  tende a 1 quando  $N \rightarrow \infty$ . Esse resultado será provado usando a técnica de acoplamento de cadeias de Markov. Mais especificamente, construiremos uma segunda cadeia de Markov em que a probabilidade de fixação  $\pi_{ij}^{(2)}$  seja explicitamente calculável e, tal que, quando as duas cadeias são realizadas simultaneamente, toda vez que houver fixação de A na segunda cadeia,

haverá fixação de A na primeira. Daí, a cota inferior  $\pi_{ij} \geq \pi_{ij}^{(2)}$  da qual conseguimos provar o resultado desejado.

Este trabalho tem como motivação biológica enriquecer modelos mais simples, tornando-os mais realísticos. Ainda nesta linha, os resultados obtidos neste trabalho podem ser muito úteis para estudar estocasticamente a evolução da cooperação com três estratégias.

## Referências

- [1] L. J. S. Allen. *An introduction to stochastic processes with applications to biology*. Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, FL, 2011.
- [2] J. Wang, F. Fu, L. Wang, and G. Xie. Evolutionary game dynamics with three strategies in finite populations. *arXiv preprint physics/0701315*, 2007.



## Sistemas p-fuzzy utilizando conjuntos fuzzy do tipo 2 intervalar

Rosana Motta Jafelice<sup>1</sup>, Nathali Vega Cabrera<sup>2</sup>, Marcos Antônio da Câmara<sup>3</sup>

<sup>1,3</sup>Faculdade de Matemática, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Brasil

<sup>2</sup>Faculdade de Engenharia Mecânica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Brasil

### Introdução

A teoria dos conjuntos fuzzy do tipo 2 é um dos avanços recentes da teoria dos conjuntos fuzzy. Esta abordagem pretende ampliar a eficiência já comprovada da teoria clássica dos conjuntos fuzzy, atualmente conhecidos como conjuntos fuzzy do tipo 1, para situações reais de tomada de decisões [3]. Em Peixoto [4] tivemos o primeiro trabalho que apresentou os sistemas parcialmente fuzzy (p-fuzzy). Nestes tipos de sistemas, as equações diferenciais são substituídas por Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRF) nos quais a relação que descreve as variações das funções com as suas respectivas variáveis de estado é descrita por uma base de regras ao invés de equações diferenciais. O método de inferência utilizado foi o Método de Mamdani e o método de defuzzificação, o Centro de Gravidade. Em [2] foi feito um estudo sobre aplicações de sistemas p-fuzzy modelando equações diferenciais parciais, o método de inferência utilizado foi o de Takagi-Sugeno-Kang. Ressaltando que os sistemas p-fuzzy em [2] foram obtidos utilizando a função ANFIS (Adaptative Neuro-Fuzzy Inference Systems).

O objetivo deste trabalho é utilizar SBRF do tipo 2 intervalar em sistemas p-fuzzy para descrever uma melhor aproximação à solução determinística e aos dados populacionais do Peru. Apresentamos dois modelos, inicialmente o modelo p-fuzzy de Malthus obtido através de um SBRF do tipo 2 intervalar utilizando o método de inferência de Mamdani e o método de defuzzificação é, o centróide generalizado; em seguida, o modelo p-fuzzy

---

<sup>1</sup>rmotta@ufu.br

<sup>2</sup>nathy232@hotmail.com

<sup>3</sup>camara@ufu.br

obtido para sete dados populacionais do Peru no período de 1961 a 2016, utilizando o método de Takagi-Sugeno-Kang. Neste caso, o SBRF do tipo 1, que é usado para comparar com o SBRF do tipo 2 intervalar é obtido utilizando a ANFIS. Depois determinamos o SBRF do tipo 2 intervalar empiricamente. Nos dois casos, calculamos o máximo do erro relativo em relação a solução determinística e em relação aos dados populacionais, respectivamente; o SBRF do tipo 2 intervalar se aproximou melhor destes pontos do que o SBRF do tipo 1, com uma pequena vantagem.

## Preliminares

**Definição:** Dado um conjunto universo  $X$ , um conjunto fuzzy  $\tilde{A}$  do tipo 2 em  $X$ , é o gráfico da função  $\mu_{\tilde{A}} : X \times [0, 1] \rightarrow [0, 1]$  em que  $\mu_{\tilde{A}}$  é denominada a função de pertinência de  $\tilde{A}$ . Em outras palavras, o conjunto fuzzy do tipo 2 de  $X$  ( $\tilde{A}$ ) é dado por:

$$\tilde{A} = \{((x, u), \mu_{\tilde{A}}(x, u)) | (x, u) \in X \times [0, 1], \mu_{\tilde{A}}(x, u) \in [0, 1]\}.$$

O SBRF do tipo 2 é constituído por cinco componentes: fuzzificador, inferência, base de regras, redutor de tipo e defuzzificador. Este sistema é composto por, no mínimo, um conjunto fuzzy do tipo 2 presente em um dos antecedentes que compõem uma das regras que formam o sistema.

## Sistema p-fuzzy do tipo 2 de Malthus

O modelo contínuo de Malthus é dado por

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = \alpha P(t) \\ P(0) = P_0 \end{cases} \quad (6.24)$$

cuja solução de (6.24) é dada por  $P(t) = P_0 e^{\alpha t}$ , em que  $\alpha$  é uma taxa de crescimento constante. Em [1] é apresentado o sistema p-fuzzy do tipo 1 para o modelo de Malthus tendo como variável de entrada ( $P$ ) e variável de saída  $\left(\frac{dP}{dt}\right)$ . Utilizamos integração numérica, Regra do Trapézio, para obter o próximo valor da população. Inspirados neste sistema, construímos o SBRF do tipo 2 intervalar. Na Figura 6.9 são apresentadas a solução

determinística, a curva da população em função do tempo obtida pelo p-fuzzy do tipo 1 e a curva da população em função do tempo obtida pelo p-fuzzy do tipo 2.

## Sistema p-fuzzy do tipo 2 para Dados Populacionais do Peru

A partir de dados coletados nos últimos censos da população do Peru de 1961 a 2016 determinamos o SBRF do tipo 1 através da ANFIS. Este SBRF tem como variável de entrada ( $P$ ) com suporte  $[10.43, 31.98]$  em milhões de habitantes e variável de saída  $\left(\frac{\Delta P}{\Delta t}\right)$ . A ANFIS utiliza o método de inferência de Takagi-Sugeno-Kang e calculamos o próximo valor da população ( $P$ ), com integração numérica, aplicando a Regra de Simpson. Construímos o SBRF do tipo 2 intervalar baseado no SBRF do tipo 1. Na Figura 6.10 são apresentadas os dados da população do Peru, e as curvas da população em função do tempo obtida pelo p-fuzzy do tipo 1 e do tipo 2. Através deste estudo podemos estimar os valores da população todo o ano porque a simulação é realizada com espaçamento  $h = 1$ .

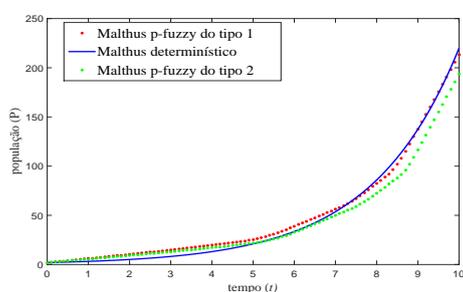


Figure 6.9: População em função do tempo.

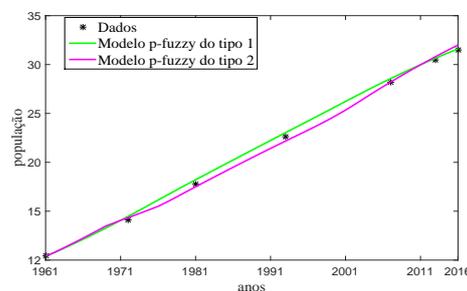


Figure 6.10: Pop.(milhões) em função dos anos.

## Conclusões

O sistema p-fuzzy obtido pelo SBRF do tipo 1 para o Modelo de Malthus tem o máximo erro relativo em relação a solução determinística de 1.038, enquanto o SBRF do tipo 2 intervalar tem 0.819. O sistema p-fuzzy obtido pelo SBRF do tipo 1 para os dados da população do Peru através da ANFIS tem o máximo erro relativo em relação aos dados de 0.0255, enquanto o SBRF do tipo 2 intervalar tem 0.0205. Assim, a diferença entre os erros é menor, ressaltando que a ANFIS utiliza um algoritmo de aprendizagem

para identificar, a partir de dados, os parâmetros do SBRF do tipo Takagi-Sugeno-Kang. Assim, mesmo o SBRF do tipo 1 sendo obtido através de uma rotina de treinamento; o SBRF do tipo 2 intervalar ainda se aproximou melhor dos dados.

## Referências

- [1] L. C. Barros e R. C. Bassanezi, Tópicos de Lógica Fuzzy e Biomatemática, 3<sup>a</sup> edição, IMECC, UNICAMP, São Paulo, 2016.
- [2] D. P. L. Ferreira, Sistema p-fuzzy Aplicado às Equações Diferenciais Parciais, *Dissertação de Mestrado*, FAMAT, UFU, Uberlândia, 2012.
- [3] R. S. M. Jafelice e A. M. A. Bertone. Conjuntos Fuzzy do Tipo 2 Intervalar: Teoria e Aplicações, *Mini-curso apresentado no IV Quarto Congresso Brasileiro de Sistemas Fuzzy*, Campinas, 2016.
- [4] M. S. Peixoto, Sistemas Dinâmicos e Controladores Fuzzy: um estudo da dispersão da morte súbita dos citros em São Paulo, *Tese de Doutorado*, IMECC, UNICAMP, São Paulo, 2005.

## Uma alternativa para estimar o coeficiente de difusividade da equação unidimensional de difusão utilizando sistemas baseados em regras *fuzzy*

Mônica Helena Ribeiro Luiz<sup>1</sup>, Rodney Carlos Bassanezi<sup>2</sup>,

<sup>1</sup>DCM, Instituto Federal de São Paulo / IMECC, Universidade Estadual de Campinas

<sup>2</sup>IMECC, Universidade Estadual de Campinas

### Introdução

Em geral, as equações diferenciais parciais (EDP) descrevem bem fenômenos biológicos. Em particular, podemos destacar a equação clássica de difusão, com a qual se pode modelar o comportamento de populações de indivíduos na natureza, o deslocamento de células, moléculas, fungos e bactérias, entre outros fenômenos [2], [3]. Por outro lado, sabemos que não são equações tão simples de se trabalhar, ademais, um grande obstáculo é como obter os parâmetros envolvidos, uma vez que nem sempre são valores possíveis de mensurar. No caso do processo difusivo, o coeficiente de difusividade é um parâmetro deste tipo. Diante desta dificuldade, propomos uma forma alternativa para estimar tal parâmetro utilizando Sistemas Baseados em Regras Fuzzy (SBRF).

### Desenvolvimento

O conceito de difusão pode ser entendido como a dispersão de um grupo de partículas, inicialmente concentradas num mesmo local, que se deslocam com movimento individual aleatório, levando a um deslocamento do grupo [2]. Sendo a constante  $D$  o coeficiente de difusividade, esse processo pode ser modelado pela seguinte EDP:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u}{\partial x^2}, \quad (6.25)$$

sendo  $u$  a densidade populacional das partículas que se deslocam  $x$  unidades no tempo  $t$ .

<sup>1</sup>monicahrib@yahoo.com.br

<sup>2</sup>rodney@ime.unicamp.br

Suponha a dispersão de  $N_0$  indivíduos colocados inicialmente na origem. Considerando a equação unidimensional de difusão (6.25) sem fronteiras finitas, podemos escrever o seguinte problema:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial u}{\partial t} = D \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} \\ u(x, 0) = N_0 \delta(x), x \in (-\infty, +\infty) \\ \lim_{x \rightarrow \pm\infty} \frac{\partial u}{\partial t}(x, t) = 0 \text{ e } \lim_{x \rightarrow \pm\infty} u(x, t) = 0 \end{array} \right. \quad (6.26)$$

A condição inicial é uma função delta de Dirac, ou seja, é tomada simbolicamente para impor um comportamento gaussiano (Distribuição Normal) para valores de  $t$  fixos.

Utilizando análise dimensional, é possível chegar a seguinte solução fundamental de (6.26):

$$u(x, t) = \frac{N_0}{\sqrt{4\pi Dt}} \exp\left(\frac{-x^2}{4Dt}\right). \quad (6.27)$$

Note que a solução obtida também tem comportamento gaussiano para valores de  $t$  fixos.

### Como determinar o coeficiente de difusividade $D$ ?

Para determinar um valor para o coeficiente  $D$  que se adeque ao modelo, buscamos descrever o processo difusivo por meio de um SBRF (para mais detalhes, veja [1]). Para isso, utilizamos o *toolbox* “fuzzy” do *software* MATLAB<sup>®</sup>.

Para a modelagem utilizando base de regras, tomamos como referência o trabalho de Leite [4]. Consideramos duas entradas: o deslocamento  $x \in [-10, 10]$  e o tempo  $t \in [0, 1]$ , com dez e cinco termos linguísticos, respectivamente. Para a saída, consideramos a densidade populacional  $u(x, t) \in [0, 1]$ , com nove termos linguísticos. Feito isso, para modelar tal fenômeno, inserimos sessenta regras. A título de exemplo, duas delas são:

SE	$t$ é muito baixo	E	$x$ é baixo negativo	ENTÃO	$u$ é altíssima,
SE	$t$ é médio	E	$x$ é médio baixo positivo	ENTÃO	$u$ é baixa.

O método de inferência utilizado foi o método de Mamdani, e o método de defuzzificação foi o centro de gravidade. Assim, obtemos a superfície da Figura 6.11-(a).

Note que, como são valores discretos, para cada terna ordenada  $(x, t, u(x, t))$ , teremos um valor para  $D$ . Como já conhecemos a equação solução (6.27), podemos determinar um possível valor de  $D$  fazendo uma média aritmética de todos os  $D$ 's encontrados. Observe que diante de qualquer alteração em uma ou mais regras o valor de  $D$  será diferente, embora ainda possa ser considerado adequado.

Para o  $D$  obtido, temos a superfície da Figura 6.11-(b), solução determinística da equação (6.26).

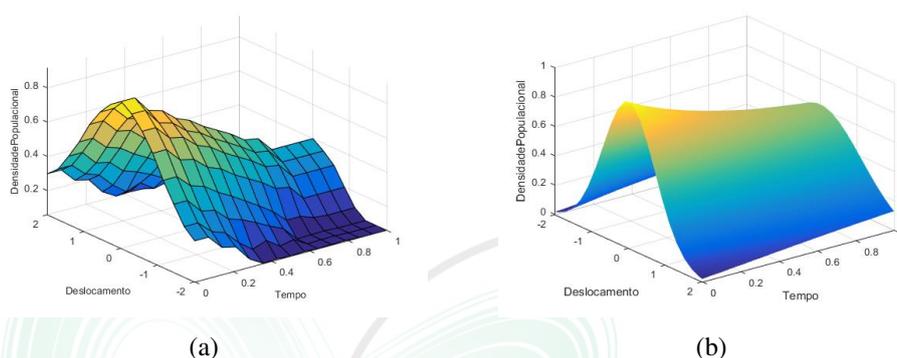


Figure 6.11: Soluções da equação (6.26). Sendo: (a) solução utilizando SBRF; (b) solução determinística.

## Conclusões

No processo de modelagem nem sempre conseguimos obter os dados reais para modelar o fenômeno que se pretende estudar, principalmente quando tais dados não são mensuráveis. Nestes casos, conhecer o comportamento de tal fenômeno juntamente com a intuição pode ser um guia de quais caminhos seguir para analisar o modelo. Neste trabalho, descrevemos o processo difusivo por meio de um SBRF, que mostrou-se adequado sob um ponto de vista biológico, como visto na Figura 6.11.

Embora existam outras maneiras de se obter o coeficiente de difusividade  $D$  num processo difusivo, acreditamos que por meio de SBRF o processo possa se tornar mais simples. Isto porque utilizamos a matemática implicitamente, uma vez que nossos dados são informações em termos linguísticos. Além disso, também é possível fazer ajustes ao modificar, acrescentar ou retirar regras, obtendo assim, o melhor valor de  $D$  para cada fenômeno estudado.

## Referências

- [1] L. C. Barros and R. C. Bassanezi. *Tópicos de Lógica Fuzzy e Biomatemática*. Coleção IMECC, Campinas, 2010.
- [2] A. Okubo and S. A. Levin. *Diffusion and Ecological Problems: Modern Perspectives*. Springer-Verlag, New York, 2001.

- [3] L. A. Segel. *Mathematical Models in Molecular and Cellular Biology*. Cambridge University Press, Cambridge, 1980.
- [4] J. C. S. Leite. *Sistemas dinâmicos fuzzy aplicados a processos difusivos*. Tese de Doutorado, IMECC, Campinas, 2011.



# IV

## Pôsteres





## 7. Pôsteres

### Dinâmica de HIV e posterior AIDS, uma variante ao trabalho de Anderson & Medley

Cristian C. Espitia Morillo<sup>1</sup>, Rodolfo Anibal Lobo Carrasco<sup>2</sup>, João F. C. Meyer<sup>3</sup>,  
<sup>1,2,3</sup>Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica, UNICAMP, Campinas, SP.

EncBioMat

#### Introdução/Objetivos

Em 1986 Anderson & Medley [1] propuseram um modelo epidemiológico de dinâmica de transmissão do HIV e posterior AIDS na população homossexual. Neste trabalho a população de estudo é dividida em 4 compartimentos: Suscetíveis  $X(t)$ , Infectados  $Y(t)$ , Aidéticos  $A(t)$  e Soropositivos  $Z(t)$ .

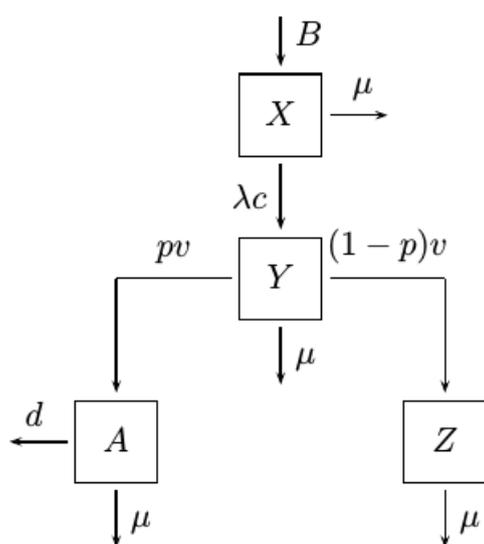
Considerando o modelo matemático clássico de Kermack e McKendrick e acrescentando as seguintes hipóteses de simplificação: *a*) Imigração constante dos suscetíveis e mortalidade natural em todos os compartimentos,

<sup>1</sup>espitiacristian@gmail.com

<sup>2</sup>rodolfo@ug.uchile.cl

<sup>3</sup>joni@ime.unicamp.br

no caso dos Aidéticos é levada em conta uma taxa de mortalidade adicional por causa da doença, *b*) Os suscetíveis ficam infectados devido a relações sexuais com pessoas infectadas, *c*) As pessoas com AIDS são retirados de circulação, de tal forma que não geram novos casos de infecção, *d*) Os infectados são infecciosos por um período de tempo, depois uma proporção desenvolve AIDS, e a fração restante será considerada soropositiva não infecciosa. Os parâmetros utilizados no modelo são: *B* taxa de recrutamento,  $\mu$  taxa de mortalidade natural, *d* taxa de mortalidade induzida pela doença,  $\beta$  taxa de contágio, *c* número de parceiros sexuais, *p* proporção que desenvolvem AIDS, *v* taxa de conversão de infecciosos para aidéticos. Assim é apresentado o fluxograma e o modelo matemático da dinâmica de propagação do vírus.



Com  $N(t) = X(t) + Y(t) + Z(t) + A(t)$

e fazendo  $\lambda = \frac{\beta Y}{N}$ , temos:

$$\frac{dX}{dt} = B - \mu X - \lambda c X$$

$$\frac{dY}{dt} = \lambda c X - (v + \mu) Y$$

$$\frac{dA}{dt} = p v Y - (d + \mu) A$$

$$\frac{dZ}{dt} = (1 - p) v Y - \mu Z$$

Nosso objetivo além de apresentar o trabalho [1], é mostrar uma variante, considerando o comportamento biológico da doença, pois a população de Soropositivos  $Z(t)$  pode tornar-se em Aidéticos  $A(t)$  após um período de latência do vírus. Desta maneira serão analisadas novas equações e expostas novas conclusões.

## Referências

- [1] R. M. Anderson and G. F. Medley. *A Preliminary Study of the Transmission Dynamics of the Human Immunodeficiency Virus (HIV) the*

---

*Causative Agent of AIDS*. Journal of Mathematics applied in Medicine and Biology, 3:229-263, 1986.



## Espelhamento neural em um modelo integrate-and-fire com plasticidade sináptica dependente do tempo

Samuel Fernando Faria da Silva<sup>1</sup>, Fabio Marques Simões de Souza<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centro de Ciências da Vida, Pontifícia Universidade Católica de Campinas, SP

<sup>2</sup>Centro de Matemática, Computação e Cognição, UFABC, São Paulo, SP

### Introdução/Objetivos

Neurônios-espelhos disparam potenciais de ação quando o indivíduo executa uma ação e quando visualiza ou ouve a mesma ação sendo executada por outro indivíduo, ensaiando e intermediando o reconhecimento da ação. Trata-se de uma integração sensório-motora que é ativada no tempo, durante a observação de uma determinada ação [1]. Aqui, implementamos um modelo matemático de dois neurônios, com base na hipótese de que o fenômeno espelho surge como uma propriedade emergente da ocorrência de STDP entre células motoras e células sensoriais [2], do tipo integra-e-dispara com vazamento (*leaky integrate-and-fire LIF*), representando o neurônio sensorial (pré) e o neurônio motor (pós) respectivamente, no software MATLAB (MathWorks). A ocorrência de disparos no neurônio pré-sináptico ativou uma condutância pós-sináptica que gerou potenciais pós-sinápticos excitatórios no neurônio motor. Um peso sináptico controlado pela regra de aprendizagem hebbiana por STDP foi acrescentado no modelo. Uma sinapse excitatória adicional foi inserida em cada neurônio para estimulação sensorial e motora definida por sequências de disparos gerados por uma distribuição de Poisson. Foram produzidos estímulos sensoriais e motores separadamente e estímulos sensoriais e motores com e sem a regra STDP. O modelo é descrito da seguinte forma:

$$\tau \frac{dV}{dt} = -v(t) + RI(t)$$

onde  $v(t)$  representa o potencial de membrana em  $t$ ,  $\tau$  é a constante de tempo da membrana,  $R$  é a resistência,  $v$  é a voltagem da membrana e  $I$  é a corrente elétrica que flui na membrana. Os neurônios foram estimulados com picos de correntes ( $I$ ) pré-sinápticas, onde cada pico faz uma

---

<sup>1</sup>samuel.fernando@live.com

<sup>2</sup>fabio.souza@ufabc.edu.br

contribuição estereotipada, descrita por uma função *alfa* ( $t$ ), a corrente de diferentes entradas pré-sinápticas nos neurônios  $j$  e  $f$  (pré e pós) são integradas linearmente para obter a corrente pós-sináptica total:

$$I_i(t) = \sum_j \omega_{ij} \sum_f \alpha(t - t_j^{(f)})$$

Onde a variação do peso  $w$  de um neurônio pré-sináptico  $j$  depende do tempo relativo de chegada de picos pré e pós sinápticos (neurônios  $j$  e  $f$ ) e é induzida por um protocolo de estimulação com pares de picos pré e pós dados por:

$$\Delta w_j = \sum_{f=1}^N \sum_{n=1}^N W(t_i^n - t_j^f)$$

$W$  denota uma função STDP para cada neurônio, tipo de plasticidade que obedece a seguinte regra:

$$W(x) = A_+ \exp(-x/\tau_+) \quad \text{for } x > 0,$$

$$W(x) = -A_- \exp(x/\tau_-) \quad \text{for } x < 0.$$

Os parâmetros  $A_+$  e  $A_-$ , para potenciação e depressão (aumento e diminuição do peso) respectivamente, dependem do valor da corrente  $I$  com um time de  $10ms$ .

## Conclusões

Os resultados iniciais demonstraram que o neurônio motor funcionou como espelho. A ocorrência de STDP foi necessária para que o neurônio motor disparasse na presença do estímulo sensorial. O espelhamento é resultado da ocorrência de STDP entre neurônios sensoriais e motores e a aprendizagem hebbiana é o meio pelo qual essa propriedade emerge no cérebro.

## Referências

- [1] V. Gallese, L. Fadiga, L. Fogassi, e G. Rizzolatti, Action recognition in the premotor cortex, *Brain*, vol. 119, no 2, p. 593–609, 1996.
- [2] C. Keysers e V. Gazzola, Hebbian learning and predictive mirror neurons for actions, sensations and emotions, *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.*, vol. 369, p. 20130175– 20130175, 2014.

## Estudo de comportamento e de eficiência de remoção de Fósforo em *Wetlands* via modelagem matemática

Edgard Yassue<sup>1</sup>, Eric Jonatan da Silva<sup>2</sup>, Marta Siviero Guilherme Pires<sup>3</sup>, Elaine Cristina Catapani Poletti<sup>4</sup>

<sup>1,2,3,4</sup>Divisão de Ambiental, FT, UNICAMP, Limeira, SP

### Introdução/Objetivos

As *wetlands* construídas são sistemas que podem ser utilizados para o tratamento e pós tratamento de efluentes sanitários. São constituídos de plantas aquáticas e substrato, com a proliferação de biofilme formado, principalmente, por bactérias, protozoários e fungos, que promovem o tratamento do resíduo através da remoção de parâmetros tais como matéria orgânica e nutrientes [1].

Estes sistemas possuem uma série de vantagens de utilização na remoção de cargas potencialmente poluidoras pois apresentam baixo custo de construção e manutenção, e não necessitam de uso de energia elétrica nem mesmo de aplicação de produtos químicos [2].

Desta forma, este trabalho teve como objetivo o estudo de comportamento e de eficiência de remoção de fósforo, via modelagem matemática de um sistema de *wetland* utilizado como pós tratamento de efluentes.

### Material e Métodos

O sistema de *wetland* utilizado funcionou como pós tratamento de um reator UASB (Upflow Anaerobic Sludge Bed), instalado no campus da Faculdade de Tecnologia – UNICAMP, Limeira – SP. O sistema era composto por três *wetlands* independentes com meio suporte constituído por fragmentos de telhas cerâmicas.

No tocante a vegetação: duas delas continham macrófitas: uma com *Canna × Generalis* (Biri) e a outra com *Zantedeschia aethiopica* (Copo-de-Leite); já a terceira continha somente o suporte. O estudo contou com vários experimentos que foram avaliados nos laboratórios da faculdade e os respectivos resultados possibilitaram o estudo do fenômeno de remoção do

<sup>1</sup>edgardyassue@hotmail.com

<sup>2</sup>e-skip@hotmail.com

<sup>3</sup>marta@ft.unicamp.br

<sup>4</sup>elainec@ft.unicamp.br

fósforo via modelagem matemática utilizando-se uma equação de diferença e a geração de cenários em ambiente Matlab [3] de estudo de eficiência [4].

## Conclusões

O estudo possibilitou o entendimento do comportamento evolutivo de remoção de fósforo no sistema. De acordo com as simulações, o comportamento da remoção é crescente e vai se estabilizando em função do tempo. A medida que aumenta o tempo de detenção hidráulica do resíduo, a eficiência de remoção aumenta assumindo uma capacidade suporte.

A capacidade suporte de cada sistema apresentou variação e, dentre eles, a *wetland* contendo a macrófita Copo-de-Leite, apresentou maiores remoções do parâmetro.

## Referências

- [1] KUMAR, D.; ASOLEKAR, S.R.; SHARMA, S.K. Post-treatment and reuse of secondary effluents using natural treatment systems: the Indian practices. *Environ Monit Assess* (2015) 187: 612.
- [2] ROZEMA, E.R.; ROZEMA, L.R., YUBIN Z. A vertical flow constructed wetland for the treatment of winery process water and domestic sewage in Ontario, Canada: six years of performance data. *Ecological Engineering*. 86, 2-16, 262-268.
- [3] APHA (AMERICAN PUBLIC HEALTH ASSOCIATION). Standard methods for the examination of water and wastewater. 22. ed. Washington: American Public Health Association, AWWA, WPCF, 2012.
- [4] MONTOVANI, C.; POLEII, E.C.C. O impacto ambiental na bacia do Ribeirão do Pinhal - município de Limeira-SP: Caracterização, modelagem matemática e discussões. *Biomatemática*. 22, 2012, 105-116.

## Modelagem da Poluição do desastre de Mariana utilizando o método de Diferenças Finitas

Gislaine O Queiros<sup>1</sup>, Cristian CE Morillo<sup>2</sup>, Marina Lima<sup>3</sup>, Vinícius Pimenta<sup>4</sup>,

<sup>1,2,3,4</sup> Departamento de Matemática Aplicada, IMECC, Campinas, SP

### Introdução/Objetivos

No dia 5 de novembro de 2015, a cidade de Mariana - MG, foi o cenário principal do maior desastre ambiental da História do Brasil. A barragem de Fundão da mineradora Samarco, se rompeu, provocando o vazamento de 62 milhões de metros cúbicos de lama de rejeitos de minério, que atingiu o Rio Doce, afetando drasticamente o abastecimento de água para a região, resultou na destruição do distrito de Bento Rodrigues e lançou uma onda de lama ao longo do Rio Doce. Diante desse desastre, o objetivo do presente trabalho é propor uma simulação realista para o desastre ambiental ocorrido em Mariana. Neste estudo, utilizamos a equação de difusão-advecção-reação de Fick e sua solução numérica a partir do Método de Diferenças Finitas [1] e o Método de Crank-Nicolson [2] com a implementação computacional em MatLab<sup>®</sup>. Consideramos também o perfil de Poiseuille para o deslocamento do fluido. A simulação numérica de nosso interesse considera os 2 km finais do Rio Doce, quando o mesmo chegada ao mar, como observado na Figura 1.

### Conclusões

Este trabalho proporcionou o estudo do processo de dispersão de poluentes [3], usando o Método de Diferenças Finitas e o Método de Crank-Nicolson, com o intuito de verificar o comportamento advectivo presente na equação de difusão-advecção, e, principalmente, de possibilitar a descrição de um fenômeno natural.

---

<sup>1</sup>g155579@dac.unicamp.br

<sup>2</sup>espitiacristian@gmail.com

<sup>3</sup>marina@ime.unicamp.br

<sup>4</sup>pimenta84@hotmail.com

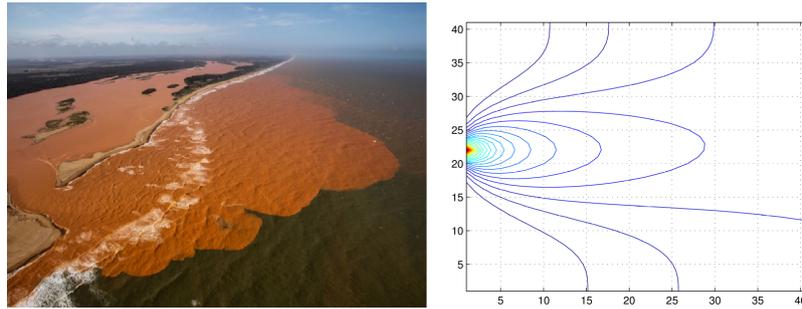


Figure 7.1: Foz do Rio Doce com o desemboque da poluição no mar: Imagem do desastre real e curvas de nível da poluição, resultantes da simulação.

## Referências

- [1] Prestes M.F.B. *Dispersão de material impactante em meio aquático: Modelo Matemático, aproximação numérica e simulação computacional- Lagoa do Taquaral Campinas, SP*. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica. São Paulo. Brasil, 2011.
- [2] Keshet L. E. *Mathematical Models in Biology*. Edited by Siam. Philadelphia. Estados Unidos, 2005.
- [3] Okubo A., Levin E.S. *Diffusion and Ecological Problems: Modern Perspectives*. Springer. Princeton, 2000.

## Modelagem matemática do impacto ambiental causado por um contaminante e seu efeito na interação entre populações.

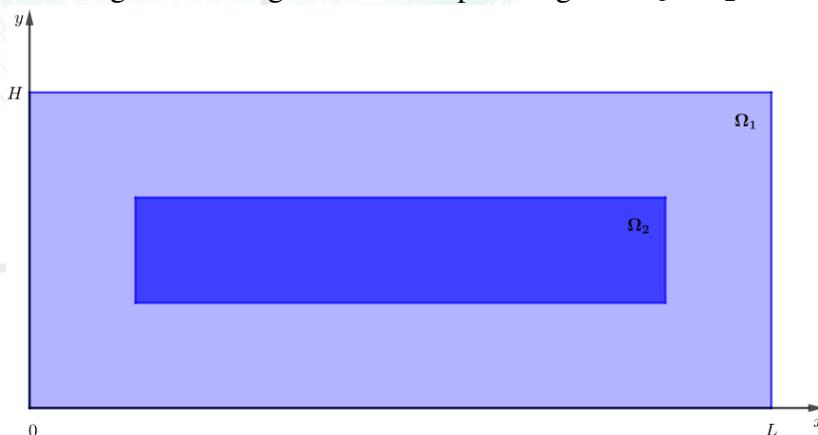
Luis Pedro Lombardi Jr<sup>1</sup>, Felipe Alves Rubio<sup>2</sup>, João F. C. Azevedo Meyer<sup>3</sup>  
<sup>1,2,3</sup>Departamento de Matemática Aplicada, Universidade Estadual de Campinas, Brasil.

### Apresentação

A contaminação de rios e lagos, em geral ocasionada pelo descarte de lixo e produtos tóxicos, é uma situação comum e suas consequências muitas vezes passam despercebidas. Neste trabalho estudamos os efeitos causados pela presença de um contaminante em um lago retangular, denominado por  $\Omega$ , onde existem duas espécies interagindo: uma alga  $A$  e um peixe  $P$ , sendo a alga fonte alimentação do peixe.

O lago foi dividido em duas regiões,  $\Omega_1$  com baixa profundidade e  $\Omega_2$  de maior profundidade, conforme a figura abaixo.

Figure 7.2: Lago  $\Omega$  formado pelas regiões  $\Omega_1$  e  $\Omega_2$ .



Assumiremos que há difusão e transporte de um poluente  $C$ , o qual é emitido por uma fonte de intensidade  $f$ , localizada em um ponto da margem. O contaminante sofre uma degradação  $\mu$  e é consumido pelas populações  $A$  e  $P$ , mediante os termos  $\gamma_a$  e  $\gamma_p$ . Estas populações por sua vez apresentam um crescimento logístico, com parâmetros de crescimento  $\lambda_a$  e  $\lambda_p$ , além dos termos relacionados à predação,  $r_a$  e  $r_p$ .

<sup>1</sup>luispedro\_jr@hotmail.com

<sup>2</sup>feliperubio@hotmail.com

<sup>3</sup>joni@ime.unicamp.br

A presença do poluente é prejudicial às populações, de maneira que o contato entre as espécies e o contaminante causa uma mortalidade adicional em  $A$  e  $P$ , representadas pelas funções  $\rho_a(C) = \frac{aC^2}{b+C^2}$  e  $\rho_p(C) = \frac{cC^2}{d+C^2}$ .

Para que o processo de fotossíntese ocorra as algas precisam de uma determinada quantidade de luz solar e por isso não se dispersam em regiões profundas, assim consideramos que a dispersão de  $A$  decresce linearmente à medida que se aproxima de  $\Omega_2$ , onde passa a ser nula, com isso temos  $\alpha_a = \alpha_a(x, y)$ . Quanto aos peixes, assumiremos que a profundidade do lago não influencia em sua dispersão  $\alpha_p$ , assumida como constante em todo o lago.

Para modelar a situação descrita utilizamos as equações clássicas de difusão-advecção-reação, de onde obtemos o modelo abaixo, para  $(x, y) \in \Omega$  e  $t \in (0, T]$ .

$$\begin{cases} \frac{\partial C}{\partial t} - \alpha_c \Delta_{xy} C + V \nabla_{xy} C + \mu C = f - \gamma_a CA - \gamma_p CP \\ \frac{\partial A}{\partial t} - \alpha_a(x, y) \Delta_{xy} A + \rho_a(C) A = \lambda_a A \left( 1 - \frac{A+P}{K} \right) - r_a AP \\ \frac{\partial P}{\partial t} - \alpha_p \Delta_{xy} P + \rho_p(C) P = \lambda_p P \left( 1 - \frac{A+P}{K} \right) + r_p AP \end{cases}$$

onde  $\Delta_{xy}$  é o Laplaciano em  $(x, y)$ , o vetor  $V = (u, v)$  representa o transporte advectivo do contaminante no lago e  $K$  a capacidade de suporte do meio. As condições de contorno para o problema serão  $\frac{\partial C}{\partial \eta} = \frac{\partial A}{\partial \eta} = \frac{\partial P}{\partial \eta} = 0$ , onde  $\eta = x$  ou  $\eta = y$ , dependendo da fronteira em questão.

Utilizando o Método de Diferenças Finitas Centradas para discretizar o espaço e o Método de Crank-Nicolson para discretizar o tempo ([1]-[2]), estudou-se a dinâmica populacional na ausência do contaminante e posteriormente o efeito causado pela presença do poluente nesta dinâmica. A escolha dos métodos numéricos foi baseada nas estabilidades de cada um bem como a fácil implementação destes métodos.

## Referências

- [1] J. F. C. A. Meyer. Modelos Matemáticos de Impacto Ambiental: Uma Visão Introdutória. Notas de aula, IMECC-UNICAMP, 2000.

- [2] R.J. LeVeque. Finite Difference Methods for Ordinary and Partial Differential Equations: Steady-State and Time-Dependent Problems. SIAM, 2007.
- [3] R. C. Sossae. A presença evolutiva de um material impactante e seu efeito no transiente populacional de espécies interativas: modelagem e aproximação, Tese de Doutorado, IMECC, 2003.



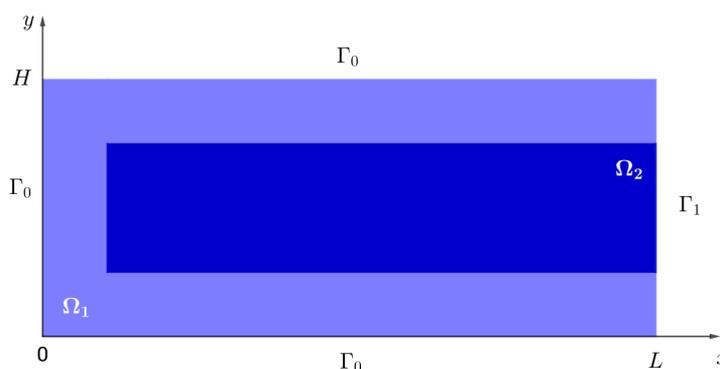
## Modelagem matemática do impacto ambiental da presença de um poluente na dinâmica populacional de duas espécies em competição

Felipe Alves Rubio<sup>1</sup>, Luis Pedro Lombardi Junior<sup>2</sup>, João Frederico da Costa Azevedo Meyer<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, Brasil

O descarte de poluentes em rios e lagos, sobretudo devido as expansões na agroindústria, ainda é uma prática muito comum e suas consequências impactam diretamente na flora e fauna aquática [1]. Por meio de um modelo matemático o objetivo deste trabalho é analisar na região do pantanal o impacto ambiental sobre duas espécies: jacaré ( $J$ ) e tachã ( $P$ ), que estão em competição pelos recursos do meio aquático e o impacto que a presença de um poluente ( $C$ ) pode ocasionar nas duas populações. Desta forma, considerou-se um rio  $\Omega$  formado por duas regiões  $\Omega_1$  e  $\Omega_2$  que representam respectivamente a região de menor profundidade e maior profundidade do rio, conforme a figura (7.3)

Figure 7.3: Domínio  $\Omega$  formado pelas regiões  $\Omega_1$  e  $\Omega_2$ .



Para o poluente assumiu-se que há difusão e transporte oriundo de uma fonte pontual  $f$ , uma degradação constante  $\mu_C$  e que  $C$  também é consumido pelas duas populações  $J$  e  $P$  devido as respectivas taxas  $\delta_J$  e  $\delta_P$ . Para as populações de tachã e jacaré, considerou-se respectivamente um crescimento logístico com mesma capacidade de suporte  $K$ , parâmetros de crescimento dados por  $\lambda_P$  e  $\lambda_J$  e termos de competição  $r_P$  e  $r_J$ .

<sup>1</sup>felipearubio@gmail.com

<sup>2</sup>luis.lombardijr@gmail.com

<sup>3</sup>joni@ime.unicamp.br

Neste trabalho adotou-se a função  $\rho(C) = \frac{AC^2}{B+C^2}$  para representar como o poluente afeta as populações de tachãs e jacarés, ocasionando uma mortalidade adicional em cada espécie.  $A$  e  $B$  são parâmetros de ajuste da curva  $\rho$ . Considerou-se que os jacarés possuem uma dispersão  $\alpha_J$  constante em  $\Omega_2$ , mas esta dispersão decai linearmente a medida que se aproxima da margem, dada por  $\partial\Omega_1$ . Devido as tachãs ficarem somente em regiões rasa no rio, considerou-se que em  $\Omega_1$  possuem uma dispersão  $\alpha_P$  que decai linearmente a medida que se aproximam da região profunda de  $\Omega$ . De acordo com as hipóteses descritas anteriormente, utilizamos o seguinte sistema de equações de difusão-advecção-reação,

$$\begin{aligned} \frac{\partial C}{\partial t} - \alpha_C \Delta_{xy} C + V \nabla_{xy} C + \mu_C C &= f - \delta_P C P - \delta_J C J \\ \frac{\partial P}{\partial t} - \alpha_P \Delta_{xy} P + \left( \frac{p_1 C^2}{p_2 + C^2} \right) P &= \lambda_P P \left( 1 - \frac{P+J}{K} \right) - r_P P J \\ \frac{\partial J}{\partial t} - \alpha_J \Delta_{xy} J + \left( \frac{q_1 C^2}{q_2 + C^2} \right) J &= \lambda_J J \left( 1 - \frac{J+P}{K} \right) - r_J P J \end{aligned} \quad (7.1)$$

Na região  $\Gamma_1$ , descrita na figura (7.3), considerou-se que o poluente  $C$  e a população de jacaré possuem uma condição de contorno de Von Neumann homogênea. Para a população de tachã  $P$  assumiu-se uma condição de Dirichlet homogênea, ou seja, nesta região não há tachãs. Em  $\Gamma_0$ , tomou-se que o poluente, as tachãs e os jacarés possuem uma condição de contorno de Von Neumann homogênea. As populações iniciais do poluente, tachã e jacaré são dadas respectivamente por  $C(x, y, 0) = C_0(x, y)$ ,  $P(x, y, 0) = P_0(x, y)$  e  $J(x, y, 0) = J_0(x, y)$ .

Para resolver o sistema de equações (7.1), utilizou-se um método de Diferenças Finitas centradas para discretizar o espaço e o método de Crank-Nicolson para discretizar o tempo, ambos métodos de segunda ordem [2,3]. Estudou-se a dinâmica populacional das duas espécies na ausência e posteriormente presença do poluente na dinâmica em questão.

## Referências

- [1] R. C. Sossae, J. F. C. A. Meyer. A presença evolutiva de um material impactante e seu efeito no transiente populacional de espécies interativas: modelagem e aproximação. BIOMATEMÁTICA, 14, 131 – 159, 2004.
- [2] J. F. C. A. Meyer. Modelos Matemáticos de Impacto Ambiental: Uma Visão Introdutória. Notas de aula, IMECC–UNICAMP, 2000.

- 
- [3] R.J. LeVeque. Finite Difference Methods for Ordinary and Partial Differential Equations: Steady-State and Time-Dependent Problems. SIAM, 2007.



## Modelagem Matemática Pós Tireoidectomia Via Marcadores Tumorais

Jairo G. Silva<sup>1</sup>, Izabel C. R. Silva<sup>2</sup>, Rafael M. Morais<sup>3</sup>, Paulo F. A. Mancera<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Instituto Federal de Mato Grosso, IFMT, Barra do Garças, MT

<sup>2,3</sup>Universidade de Brasília, UNB, Ceilândia, DF

<sup>2</sup>Departamento de Bioestatística, UNESP, Botucatu, SP

### Resumo

A tireóide é a maior glândula endócrina presente no corpo humano, e desempenha a função de sintetizar os hormônios tireoidianos T3 e T4, que são extremamente importantes em diversas funções corporais. A secreção tireoidiana é controlada, principalmente, pelo hormônio estimulante da tireóide (TSH). O câncer da tireóide é descrito como tumor maligno da glândula tireóide, de origem epitelial, sendo a neoplasia endócrina de maior prevalência do mundo [4]. Tumores, de um modo geral, produzem substâncias cuja dosagem é usada como meio diagnóstico, parâmetro de estadiamento, controle da terapêutica e fator prognóstico. Essas substâncias são conhecidas como marcadores tumorais. A calcitonina, por exemplo, é um marcador tumoral de valor clínico reconhecido no caso de carcinoma medular de tireóide [1]. O iodo é um elemento fundamental para a síntese dos hormônios tireoidianos, sua captação ocorre via rede sanguínea e é influenciada por diversos fatores, dos quais o mais importante é o TSH, sendo o responsável por estimular esta atividade. Diversas metodologias têm sido empregadas no estudo do câncer de tireóide e o uso de equações diferenciais tem sido abordado em diversos estudos como em [2] e [3]. A partir do desenvolvimento deste trabalho, pretendemos construir e analisar um modelo matemático sobre a evolução do tratamento em pacientes com câncer de tireóide submetidos à tireoidectomia e aplicação de radiofármaco iodeto de sódio (<sup>131</sup>I) a partir da presença e variação de importantes marcadores biológicos associados ao câncer de tireóide, como a tiroglobulina (TG) e T4, além da concentração de iodo nos períodos de início e pós tratamento.

---

<sup>1</sup>jairobio@ibb.unesp.br

<sup>2</sup>belbiomedica@gmail.com

<sup>3</sup>rafaelmartins.unb@gmail.com

<sup>4</sup>pmancera@ibb.unesp.br

O modelo matemático sob proposta trata-se de um sistema de equações diferenciais ordinárias não autônomas. A estruturação do modelo será baseada em ideias de [2] e [3], em que além das variáveis propostas nestes textos, outras serão objeto de estudo conforme capacidade de predição da eficiência do tratamento e relevância para o modelo. Sobre os parâmetros, alguns serão obtidos via banco de dados constituído de informações sobre pacientes com câncer de tireóide sob tratamento, enquanto outros serão escolhidos de literatura específica. As informações que formam esse respectivo banco de dados são obtidas por meio de pacientes portadores do câncer de tireóide que realizam o tratamento com o radiofármaco ( $^{131}\text{I}$ ) no Instituto Imagens Médicas de Brasília (IMEB), com início do tratamento em 2017, e estão estocados na Universidade de Brasília (UnB), no campus da Faculdade de Ceilândia (FCE) no Laboratório de Análises Clínicas, sob a guarda dos pesquisadores Prof<sup>a</sup>. Dra. Izabel Cristina Rodrigues da Silva e Farm. Rafael Martins de Moraes. No modelo serão utilizados dados de um total de 16 amostras de sangue em que os pacientes possuem carcinoma papilífero da tireóide, os quais podem ser divididos em dois subgrupos: pacientes tratados com dose administrada de 100mCi, adultos com idade entre 36 a 64 anos de idade e pacientes tratados com 150mCi, adultos de 37 a 62 anos. Como resultados, além da construção de um modelo matemático para o problema estudado, espera-se através de análises de estabilidade e simulações numéricas estabelecer relações entre níveis de marcadores tumorais associados ao câncer de tireóide e o progresso de cura da doença em pacientes submetidos à tireoidectomia total seguido de iodoblação com iodo radiativo.

## Referências

- [1] J. R. C. Almeida, N. L. Pedrosa, J. B. Leite, T. R. P. Fleming, V. H. Carvalho e A. A. A. Cardoso, Marcadores tumorais: revisão de literatura, *Revista Brasileira de Cancerologia*, volume 53, 305-316, 2007.
- [2] D. Barbolosi, I. Summer, C. Meille, R. Serre, A. Kelly, S. Zerdoud, C. Bournaud, C. Schwartz, M. Toubreau, M. E. Toubert, I. Keller and D. Taieb, Modeling therapeutic response to radioiodine in metastatic thyroid cancer: a proof-of-concept study for individualized medicine, *Oncotarget*, 2014. DOI: 10.18632/oncotarget.16637.
- [3] E. P. Kolpak, I. S. Frantsuzova and K. S. Alexandrovich, A mathe-

mathematical model of thyroid tumor, *Global Journal of Pure and Applied Mathematics*, no. 12, 55–66, 2016.

- [4] J. A. Sipos and E. L. Mazzaferi, Thyroid cancer epidemiology and prognostic variables, *Clinical Oncology*, no. 22, 395–404, 2010.



## Modelagem para a transmissão da cólera: Estudo de caso do surto no Iêmen

Marina Lima<sup>1</sup>, Graziane Sales Teodoro<sup>2</sup>, João Frederico C. A. Meyer<sup>3</sup>

<sup>1,3</sup>Departamento de Matemática Aplicada, IMECC - UNICAMP, Campinas, SP

<sup>2</sup>Departamento de Ciências Exatas, DEX - UFLA, Lavras, MG

### Introdução/Objetivos

Desde 2015, o Iêmen vive um conflito armado entre grupos rivais, que tem levado o país a enfrentar uma grave crise humanitária, pois além dos milhares de mortos em combates, um surto de cólera tem assolado o país, pois a infraestrutura de água, lixo e esgoto foi praticamente destruída e existe um bloqueio que prejudica a distribuição de alimentos.

A cólera é uma doença infecciosa aguda, causada pelo *Vibrio cholerae*, que coloniza o intestino humano, multiplica-se rapidamente e causa diarreia, vômitos, dor abdominal e se não tratada prontamente, leva à morte. A transmissão da doença ocorre de forma direta (via fecal-oral), ou indireta (água e/ou comida contaminada), sendo essa forma mais relevante para a dinâmica da doença [1].

O período de incubação varia de 18 horas a 5 dias e logo após os sintomas começam abruptamente. As formas clínicas são a cólera seca, na qual o indivíduo infectado entra em choque e vai a óbito rapidamente; forma clássica, em que há diarreia e vômito e pode levar a morte; forma benigna, em que não há sintomatologia aparente e a doença só é diagnosticada através de exames laboratoriais. O tratamento consiste de reidratação e uso de antibióticos e a prevenção é feita por medidas de saneamento, tratamento de água e cuidados com a higiene pessoal e com os alimentos [2].

Com relação a epidemiologia da cólera, consideramos um modelo de curto prazo, pois utilizamos os dados coletados em 161 dias [3]. O modelo é do tipo Kermack-McKendrick, ou seja, *SIRS* e, como a epidemia é de curta duração, não consideraremos a dinâmica populacional dos seres humanos, somente as mortes causadas pela doença. Ademais, consideramos que as

---

<sup>1</sup>marina@ime.unicamp.br

<sup>2</sup>graziane.teodoro@dex.ufla.br

<sup>3</sup>joni@ime.unicamp.br

bactérias possuem crescimento Malthusiano e que elas são afetadas por medidas sociais e sanitárias.

Para a dinâmica da doença, consideramos que os indivíduos que estão na variação aguda morrem quando infectados; os que estão na clássica, apresentam o ciclo *SIRS*; e os que estão na benigna, possuem o ciclo *SR*. Dessa forma, construímos o seguinte modelo:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\alpha_I BS - \alpha_R BS + \beta R & \frac{dI}{dt} &= \alpha_I BS - \gamma I - \mu_I I \\ \frac{dR}{dt} &= \alpha_R BS + \gamma I - \beta R & \frac{dB}{dt} &= \lambda B - \mu_B B + \eta I,\end{aligned}$$

em que  $\alpha_I$  e  $\alpha_R$  são as taxas de indivíduos suscetíveis que, em contato com água contaminada, tornam-se infectados e resistentes, respectivamente;  $\beta$  é a taxa de indivíduos resistentes que tornam-se suscetíveis;  $\gamma$  é a taxa de indivíduos infectados que tornam-se resistentes;  $\mu_I$  é a taxa de indivíduos infectados que morrem em decorrência da doença;  $\lambda$  é a taxa de crescimento populacional das bactérias;  $\mu_B$  é a taxa de mortes das bactérias devido às ações sociais e sanitárias;  $\eta$  é a contribuição de cada pessoa infectada para a população de bactérias no ambiente aquático.

## Conclusões

Utilizando os dados de [3] para a população de humanos e os de [4] para as bactérias, obtivemos os parâmetros do nosso modelo através do método de regressão linear, o qual apresentou uma alta correlação com os dados e a curva que se ajustou a maior parte dos dados.

## Referências

- [1] D. M. Hartley, J. G. J. Morris and D. L. Smith, Hyperinfectivity: a critical element in the ability of *V. cholerae* to cause epidemics?, *Plos Medicine*, 2006.
- [2] I. M. J. Longini, A. Nizam, M. Ali, M. Yunus, N. Shenvi and J. D. Clemens. Controlling endemic cholera with oral vaccines. *PLoS Medicine*, 2007.
- [3] ProMED-EDR, Cholera, Diarrhea and Dysentery Update (119): Asia (Yemen) - ProMED-mail, [promed@promedmail.org](mailto:promed@promedmail.org). Acesso em 18 de outubro de 2017.

- 
- [4] S. D. Hove-Musekwa, F. Nyabadza, C. Chiyaka, P. Das, A. Tripathi and Z Mukandavire, Modelling and analysis of the effects of malnutrition in the spread of cholera. *Mathematical and Computer Modelling*, 2011.



## Perfil de *Poiseuille* em um modelo bidimensional de difusão-advecção

Geisel Yajaira Alpízar Brenes<sup>1</sup>, Beatriz Laiate<sup>2</sup>, Daniel Sánchez<sup>3</sup>

<sup>1 2 3</sup>Departamento de Matemática Aplicada, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, Brasil

### Introdução

Neste trabalho apresentamos um Problema de Valor de Contorno (PVC) para descrever o comportamento evolutivo do processo de difusão de um determinado contaminante num trecho de rio [1]. Adotamos como dinâmica de correnteza o Perfil de *Poiseuille*. Esse perfil modela uma velocidade de correnteza parabólica em relação às margens, com valor máximo atingido no meio do rio [2].

### Desenvolvimento

Considerando  $C = C(x, y, t)$  a concentração do poluente num ponto  $(x, y) \in \Omega = [0, L] \times [0, H]$ , onde  $L$  e  $H$  são o comprimento e a largura do trecho de rio, respectivamente, no instante  $t \in J = [0, T]$ , o PVC representativo do nosso modelo é dado por:

$$\begin{cases} \frac{\partial C}{\partial t} - \alpha \left( \frac{\partial^2 C}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 C}{\partial y^2} \right) + \frac{4v_{max}}{H^2} y(H-y) \frac{\partial C}{\partial x} + \mu C = f, \forall (x, y) \in \Omega \text{ e } \forall t \in J, \\ C(x, y, 0) = 0, \forall (x, y) \in \Omega, \\ C|_{\Gamma_0} = 0, \forall t > 0 \text{ e } (x, y) \in \Gamma_0, \\ \left. \frac{\partial C}{\partial \eta} \right|_{\Gamma_1} = 0, \forall t > 0 \text{ e } (x, y) \in \Gamma_1, \end{cases} \quad (7.2)$$

onde  $f$  representa uma fonte pontual de poluente,  $v_{max}$  a velocidade máxima da correnteza do rio e  $\mu$  e  $\alpha$  os coeficientes de degradação e difusão do poluente, respectivamente.

<sup>1</sup>geyalpibren@gmail.com

<sup>2</sup>beatrizlaiate@gmail.com

<sup>3</sup>daniel@ime.unicamp.br

Para encontrar uma solução aproximada do PVC (7.2), utilizamos o método de Diferenças Finitas centradas, no espaço, e o método de Crank-Nicolson no tempo [3]. Os principais resultados obtidos nas simulações são apresentados na Figura 7.4.

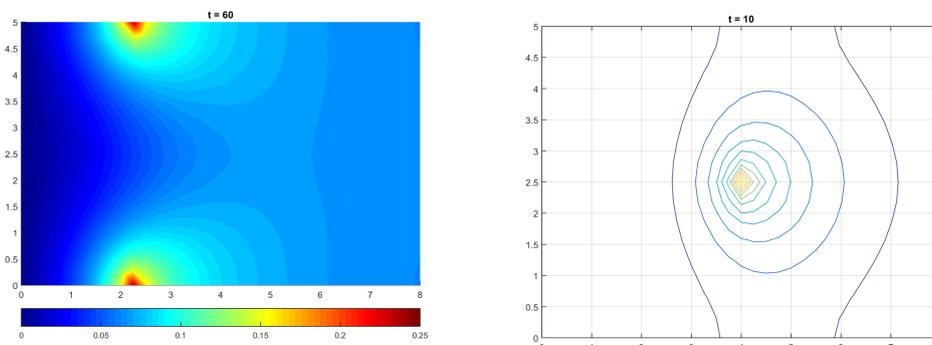


Figure 7.4: Simulações do efeito parabólico do perfil de Poiseuille no trecho de rio, com duas fontes pontuais nas fronteiras inferior e superior (à esq.) e uma fonte pontual no meio do rio (à dir.).

## Conclusões

As simulações apresentaram uma concentração de poluente distribuída parabolicamente na extensão do trecho do rio. Com isso, as margens não representam um local de acumulação do poluente no passo de tempo. Por outro lado, um aumento na velocidade máxima da correnteza resultou em uma diminuição da concentração do poluente no trecho de rio considerado em virtude dos efeitos de advecção. Finalmente, as condições de contorno e o perfil de escoamento de Poiseuille foram determinantes para que os resultados representassem um comportamento difusivo-advectivo de um poluente similares aos fenômenos ecológicos que acontecem na realidade.

## Referências

- [1] Poletti, E. C. C. *Dispersão de poluente em sistema de reservatório: modelagem matemática e simulação computacional utilizando-se aproximação numérica e conjuntos fuzzy*. Tese (Doutorado) - Unicamp, FEEC, SP, 2009.
- [2] Okubo A., and Smon A.L. *Diffusion and ecological problems: modern perspectives*. Vol. 14. Springer Science & Business Media, 2013.
- [3] Prestes, M. F. B. *Dispersão de material impactante em meio aquático: Modelo Matemático, aproximação numérica e simulação computacional-Lagoa do Taquaral Campinas, SP*. Dissertação (Mestrado) - Unicamp, IMECC, SP, 2011.

## Redes de Sistemas Dinâmicos Acoplados com Matriz de Adjacência Simétrica

Antonio Edimar de Melo Junior<sup>1</sup>, Fernando Martins Antoneli Junior<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Ciência e Tecnologia, UNIFESP, São José dos Campos, SP

<sup>2</sup>Departamento de Informática em Saúde, UNIFESP, São Paulo, SP

### Introdução

Redes de sistemas dinâmicos não-lineares tornaram-se tema de uma atenção considerável recentemente, principalmente porque uma grande variedade de sistemas físicos e biológicos podem naturalmente ser modelados por tais redes. Em particular, existe um interesse considerável nas redes de neurônios (biológicos, não "redes neurais"), redes de regulação genética, redes metabólicas celulares e cadeias alimentares em ecossistemas. Por simplicidade, toda rede (finita) de sistemas dinâmicos pode ser considerada como um único sistema dinâmico, e todo sistema dinâmico é trivialmente uma rede com apenas um nó e sem arestas, por isso pode parecer que as redes não oferecem nenhum ganho em geral. No entanto, as redes possuem estrutura adicional dada pelo comportamento dinâmico dos nós individuais. Tais comportamentos podem ser comparados, revelando propriedades como sincronia ou relações de fase, e são precisamente essas propriedades que são importantes em muitas aplicações. Assim, a teoria dos sistemas dinâmicos convencionais deve ser modificada para preservar essa estrutura. A topologia (ou 'arquitetura') da rede impõe restrições à dinâmica que resultam no fato de que muitos fenômenos novos se tornam "genéricos" para uma determinada arquitetura.

### Desenvolvimento

Matematicamente, uma rede é representada por um grafo direcionado cujos nós e arestas são classificados de acordo com rótulos ou "tipos" associados. Os nós (ou "células") de uma (direcionada e rotulada) rede  $\mathcal{G}$  representam sistemas dinâmicos (variáveis de estado, ou seja, equações diferenciais ordinárias - EDOs) e as arestas ("setas") representam acoplamentos, interações entre essas variáveis. As células com o mesmo rótulo

---

<sup>1</sup>aemjunior@gmail.com

<sup>2</sup>antonelijr@unifesp.br

têm dinâmicas internas "idênticas"; as setas com o mesmo rótulo correspondem a acoplamentos "idênticos". Assumiremos que tal grafo é finito, apesar da maioria das ideias se estender aos grafos finitos localmente. O que nos interessa aqui é o processo que ocorre nas redes. Os nós e setas estão equipados com certo tipo de "dinâmica", que pode ser uma escolha de movimentos (jogos), uma probabilidade de transição (cadeias Markov), estados discretos no tempo e no espaço (autômatos celulares) ou estados contínuos (EDOs acopladas).

Dado um espaço de fases  $P$  associado a cada rede  $\mathcal{G}$  está uma classe de equações diferenciais em  $P$ , que correspondem a campos vetoriais "admissíveis". Estas são as EDOs compatíveis com a topologia de rede e a escolha de espaços de fase para as células (ou seja, as variáveis do sistema). Neste contexto, foi introduzido por Golubitsky e Stewart [3] uma forma tecnicamente mais conveniente onde ambas as setas e as células são rotuladas para indicar vários "tipos" de comportamento dinâmico. Para cada célula  $c$  está associada uma escolha de um espaço de fase  $P_c$ , que assumiremos é um espaço vetorial de dimensão finita  $\mathbb{R}^k$ , onde  $k$  pode depender de  $c$ . O espaço de fase geral  $P$  do sistema de células acopladas é o produto direto dos espaços  $P_c$ . Os campos vetoriais admissíveis podem ser caracterizados em termos de uma estrutura algébrica conhecida como *grupoide de simetria* da rede. Também em [3] são abordadas aplicações biológicas relevantes como a modelagem de *geradores de padrão central* (CPG), uma rede de neurônios responsável por padrões de locomoção animal, e a modelagem da homeostase em redes de regulação genética.

Um grupoide é semelhante a um grupo, exceto que o produto de dois elementos nem sempre pode ser definido. Dada uma rede  $\mathcal{G}$ , o grupoide de simetria  $\mathcal{B}_{\mathcal{G}}$  consiste em todos os "isomorfismos de entrada" entre pares de células  $(c, d)$ , isto é, bijecções que preservam o tipo entre o conjunto de setas que entram na célula  $c$  e o conjunto correspondente para célula  $d$ . Os campos vetoriais admissíveis então se revelam precisamente aqueles que são equivariantes sob a ação natural do grupoide  $\mathcal{B}_{\mathcal{G}}$  em  $P$ , em um sentido que generaliza a noção usual de equivalência sob a ação de um grupo. O formalismo via grupoide pode parecer um pouco estranho no início, mas ajuda a organizar a teoria e relacioná-la ao ponto de vista da teoria grupal existente de uma maneira natural e útil.

Duas células de uma rede de células acopladas são chamadas *idênticas* se tiverem o mesmo espaço de fase e a mesma dinâmica interna. Uma rede

de células acopladas é chamada *homogênea* se for constituída por células idênticas com acoplamentos de entrada idênticos. Uma rede homogênea é dita *regular* se todos os acoplamentos (setas ou arestas) são do mesmo tipo. Uma característica importante das redes homogêneas é que todo sistema celular acoplado admissível admite o subespaço diagonal  $\Delta$ , formado definindo todas as coordenadas das células iguais no espaço de fase total, como subespaço invariante. Além disso, a restrição desses sistemas a  $\Delta$  resulta no conjunto de todos os campos vetoriais em  $\Delta$ .

## Conclusões

Em 2015, Manoel e Roberts [4] estudaram um problema relacionado a quando uma rede pode ser considerada como um sistema *gradiente*. Eles também determinam o requisito de que o grafo direcionado deve ser simétrico e caracterizam a forma de funções admissíveis que definem um sistema de células acopladas gradiente. Seus principais resultados são sobre grafos regulares simples e eles mostram condições necessárias e suficientes para que um ponto seja um ponto crítico da função admissível em termos de função de acoplamento. Eles também mencionam como seus resultados se aplicam ao modelo Kuramoto e ao modelo antiferromagnético XY. Chan, Buono e Palacios [1] estabeleceram critérios lineares e não-lineares para que uma rede de células acopladas seja *Hamiltoniana*, dado que cada célula é Hamiltoniana e discute as propriedades generalizadas dos autoespaços dos sistemas acoplados Hamiltonianos em termos dos autovalores da matriz de adjacência da rede, além de uma seção que estende os resultados de [2] para o caso dos sistemas celulares acoplados Hamiltonianos. No presente trabalho, buscamos estender alguns resultados do caso Hamiltoniano para o caso gradiente através da matriz de adjacência, e possivelmente também caracterizar a forma de funções admissíveis para o caso Hamiltoniano.

## Referências

- [1] B. Chan, P.L. Buono, and A. Palacios. *Topology and bifurcations in hamiltonian coupled cell systems*. Dynamical Systems: An international journal, Vol.32 (2017) 23–45 .
- [2] M. Golubitsky, R. Lauterbach. *Bifurcations from synchrony in homogeneous networks: linear theory*. SIAM Journal on Applied Dynamical Systems. (2009);8(1):40–75.

- 
- [3] M. Golubitsky, I. Stewart. *Nonlinear dynamics of networks: the groupoid formalism*. Bull. Amer. Math. Soc. 43 (2006) 305–364.
- [4] M. Manoel, M. Roberts. *Gradient systems on coupled cell networks*. Nonlinearity. (2015);28:3487–3509.



## Modelagem computacional de uma câmara do coração

Laryssa Abdala<sup>1</sup>, Carlos Eduardo Keutenedjian Mady<sup>2</sup>, Maicon Ribeiro Correa<sup>3</sup>

<sup>1,3</sup>Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica, Unicamp, Campinas, SP

<sup>2</sup>Faculdade de Engenharia Mecânica, Unicamp, Campinas, SP

### Introdução/Objetivos

Na literatura, há diferentes possibilidades de modelagem para o coração humano. O modelo de Henriques, Mady e Oliveira-Junior [2] considera cada par átrio-ventrículo como sendo uma cavidade, uma vez que as duas válvulas que separam os átrios dos ventrículos operam de forma passiva. Além disso, considera que cada parte do coração tem somente uma entrada e uma saída com áreas de seção transversal equivalentes à soma das áreas de seção transversal das artérias e veias reais que se conectam à parte respectiva do coração. O esquema pode ser representado pela figura 7.5.

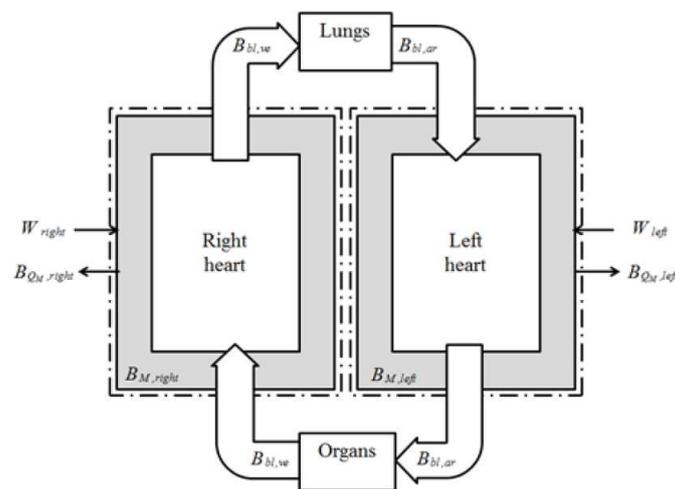


Figure 7.5: Modelo do coração humano proposto por Henriques, Mady e Oliveira-Junior [2]

<sup>1</sup>la.abdala@gmail.com

<sup>2</sup>cekmady@fem.unicamp.br

<sup>3</sup>maicon@ime.unicamp.br

O presente trabalho tem como objetivo a modelagem computacional de uma câmara do coração por meio da teoria de mecânica dos fluidos usando o método dos elementos finitos. Será usado um programa desenvolvido pela autora em código Fortran tendo como base o trabalho de Correa e Loula [1]. Finalmente, serão realizadas simulações computacionais para esta câmara levando em conta o bombeamento de sangue. A partir dos resultados numéricos, será possível, futuramente, aplicar a análise exérgica do coração na direção do modelo computacional de Henriques, Mady e Oliveira-Junior [1].

## Referências

- [1] M.R. Correa; A.F.D Loula. *A unified mixed formulation naturally coupling stokes and darcy flows*. Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering, Elsevier, v. 198,n. 33, p. 2710-2722, 2009.
- [2] I.B Henriques; C.E.K. Mady; S. Oliveira-Junior. *Exergy model of the human heart*. Energy. Elsevier, 2016.
- [3] M.P. Murphy; L.A.J. O’Neal. *O que é vida? 50 anos depois*. [S.l.]: Unesp, 1997.

