



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA – UESB
CENTRO DE ENSINO PESQUISA E EXTENSÃO SOCIOAMBIENTAL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AMBIENTAIS – PPCA

Modelagem de Transmissão de Dengue e Problemas Ambientais Similares
Via Sistemas de Equações Diferenciais Ordinárias

Djan Almeida Santos

Itapetinga – Ba

2013

Djan Almeida Santos

**Modelagem de Transmissão de Dengue e
Problemas Ambientais Similares Via Sistemas de
Equações Diferenciais Ordinárias**

Dissertação apresentada ao PPGCA - Programa de Pós Graduação em Ciências Ambientais da UESB - para a obtenção de Título de Mestre em Ciências Ambientais com Área de Concentração em Meio Ambiente e Desenvolvimento.

Orientador:

D.Sc. Ronaldo Silva Thibes

UESB - UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA

Itapetinga - Bahia

Abril - 2013

577.27 Santos, Djan Almeida.
S234m Modelagem de transmissão de dengue e problemas ambientais similares via sistemas de equações diferenciais ordinárias. / Djan Almeida Santos
. - Itapetinga: UESB, 2013.
103f.

Dissertação de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB – Campus de Itapetinga. Sob a orientação do Prof. D.Sc Ronaldo Silva Thibes

1. Modelagem Matemática – Sistemas Ambientais – Métodos Numéricos. 2. Modelo SIR - Transmissão de dengue – Equações Diferenciais. 3. Impacto ambiental - Simulação computacional numérica. I. *Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia*. Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais. II. Thibes, Ronaldo Silva. III. Título.

CDD (21): **577.27**

Catálogo na fonte:
Adalice Gustavo da Silva – CRB/5-535
Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemática para Desdobramento por Assunto:

1. Modelagem Matemática – Sistemas Ambientais – Métodos Numéricos
2. Modelo SIR - Transmissão de dengue – Equações Diferenciais
3. Impacto ambiental - Simulação computacional numérica

DJAN ALMEIDA SANTOS

**MODELAGEM DE TRANSMISSÃO DE DENGUE E PROBLEMAS
AMBIENTAIS SIMILARES VIA SISTEMAS DE EQUAÇÕES
DIFERENCIAIS ORDINÁRIAS**


Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Campus de Itapetinga, BA. Área de Concentração: Meio Ambiente e Desenvolvimento.

Aprovada em: 26 / 03 / 2013

BANCA EXAMINADORA



Prof. Dr. Ronaldo Silva Thibes – UESB
Presidente



Prof.ª Dr.ª Simara Santos Campos – UESB



Prof.ª Dr.ª Selma Rozane Vieira – IFBA

As peças fundamentais da minha vida:
Meus queridos pais, Valdelino e Maurisa,
meu irmão Ialy
e minha namorada Jéssica.
Dedico.

Agradecimentos

Primeiramente, a Deus pela vida. Ao Professor Dr. Ronaldo S. Thibes pela orientação, compreensão e dedicação. A minha família e namorada, pelo amor, paciência e incentivo. Aos vários amigos e colegas de trabalho, equipe da Aíboa Produções, do If Baiano (*campus* Itapetinga) e do futebol dos coroas. Amigos são sempre fundamentais na minha vida e nesses anos de mestrado não poderiam ser diferentes. Aos colegas da turma não só pelas discussões científicas mas, também, pela preocupação em sempre nos mantermos motivado, principalmente ao amigo Murilo Scaldaferrri. A equipe da 14^a Dires, na pessoa de Amarildo, e da Secretaria de Saúde de Itapetinga-BA, especialmente Cosme Leonardo Coy, pela colaboração nos dados da pesquisa. A Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), juntamente ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais (PPGCA), por me oferecer essa oportunidade. Ao professor Nemesio Matos que participou da minha banca de qualificação e as professoras Simara Santos e Selma Rozane que participaram da banca de defesa e contribuíram significativamente para este trabalho. Aos demais professores do PPGCA (UESB) pelo conhecimento passado e a todos que de alguma forma me acompanharam durante esta caminhada ... os meus mais sinceros MUITO OBRIGADO!

Resumo

SANTOS, Djan A. Modelagem de Transmissão de Dengue e Problemas Ambientais Similares Via Sistemas de Equações Diferenciais Ordinárias. Itapetinga - BA: UESB, 2013. 103 páginas. Dissertação - Mestrado em Ciências Ambientais. Área de Concentração em Meio Ambiente e Desenvolvimento¹.

Resumo: Desde a antiguidade a civilização humana utiliza da matemática para desenvolver modelos, resolver problemas e fazer previsões a respeito do comportamento dos fenômenos naturais. Com a evolução tecnológica e o uso de computadores, essa tarefa foi facilitada. O desenvolvimento de modelos matemáticos, aliado ao uso de técnicas de programação, apresenta resultados significativos quanto à complexidade de resolução dos cálculos matemáticos e na geração de modelos que representem o comportamento dos fenômenos do mundo real. Neste contexto, surge a preocupação com os problemas ambientais, a exploração dos recursos naturais, a extinção de espécies, os impactos ambientais causados pelos humanos, entre outros. Descrever matematicamente sistemas reais para ajudar a entender e, assim, interpretar problemas relacionados ao meio ambiente, é um grande desafio para os pesquisadores. Este trabalho, utilizou a simulação computacional numérica de sistemas ambientais representada por modelos matemáticos caracterizados pela dinâmica populacional, tais como, população de recurso natural não renovável (modelo de exploração constante), população de espécies predador e presa (modelo de Lotka e Volterra), população de humanos e vetores susceptíveis e infectados pelo vírus da dengue (modelo SIR), bem como equações diferenciais, programação de aplicativos e construção de modelos matemáticos aplicados a este cenário ambiental, a fim de se obter soluções analíticas e numéricas que poderão integrar um processo de estudo dos impactos ambientais.

Palavras-chave: Modelagem Matemática, Sistemas Ambientais, Equações Diferenciais, Métodos Numéricos, Modelo SIR.

¹Orientador: Ronaldo Silva Thibes, D. Sc. UFRJ

Abstract

SANTOS, Djan A. Environmental Systems Modelling with Ordinary Differential Equations - Applied Computational and Mathematical Tools. Itapetinga - BA: UESB,2012. 103 pages. Dissertation - MSc in Environmental Sciences. Specialization in Environment and Development¹.

Abstract: *Since ancient times, human civilization has been using mathematical models. To solve problems and make predictions about the behavior of natural phenomena. This issue has been considerably facilitated by the recent developments in technology and the use of computers. The development of mathematical models with the use of programming techniques has shown significant results for the complexity of solving the mathematical calculations and generating models that represent the behavior of real-world phenomena. Mathematical models consist of one or more equations that describe or approximate the behavior of a system. In this context, there is a concern about environmental problems, exploration of natural resources, species extinction, environmental impacts caused by humans, among others. Mathematically describing real systems to help understand and thus interpret issues related to the environment is a big challenge wire for mathematicians and engineers. In this work, systems were modeled and simulated, characterized by the interdependence of its components, the feedback information and time lags between cause and effect. The use of mathematical models enables the correction of existing problems, but also estimate the anticipated effects and impacts of hypothetical future situations by means of simulations. Differential equations, application programming, graphic generation and constructing mathematical models applied to this environmental scenario were utilized to obtain analytical and numerical solutions that can be utilized to study the environmental impacts.*

Keywords: *Mathematical Modelling, Environmental Systems, Differential Equations, Numerical Methods, Model SIR.*

¹Leader-Teacher: Ronaldo Silva Thibes, D. Sc. UFRJ

Sumário

Lista de Figuras

Lista de Tabelas

1	Primeiro Capítulo	12
1.1	Introdução	12
1.2	Equações Diferenciais Ordinárias	14
1.2.1	Equações Diferenciais Ordinárias de 1ª Ordem	15
1.2.2	Sistemas de EDO Acopladas	16
1.3	Simulação Computacional Via Métodos de Integração Numérica	17
1.3.1	Método de Euler	19
1.3.2	Método de Runge-Kutta	21
1.4	Modelo de Exploração Constante	23
1.4.1	Integração Numérica Via Método de Euler	28
1.4.2	Integração Numérica Via Método de Runge-Kutta	33
1.5	Sistema de Lotka-Volterra	40
1.5.1	Integração Numérica Via Método de Euler	42
1.5.2	Integração Numérica Via Método Runge-Kutta	44
2	Modelo SIR Generalizado Aplicado a Epidemiologia de Dengue em Microrregião Brasileira	54
2.1	Introdução	56
2.2	O Modelo Matemático	57

2.3	Resultados e Discussões	59
2.4	Pontos de Equilíbrio do Modelo	65
2.5	Resultados e Discussões	69
2.6	Referências Bibliográficas.	71
3	Análise de Dependência Temporal de Parâmetros em Modelo de Transmissão de Dengue	72
3.1	Introdução	74
3.2	Variação de Parâmetros	77
3.2.1	Taxa de Mortalidade do vetor	78
3.2.2	Taxa de picadas do vetor	79
3.2.3	Taxa de Recrutamento do vetor	83
3.2.4	Variação Simultânea de Parâmetros	84
3.3	Resultados e Discussões	87
3.4	Referências Bibliográficas.	89
4	Considerações Finais	90
	Apêndice A – Implementação do Método de Runge-Kutta de 4ª Ordem em Linguagem de Programação C	93
	Apêndice B – Redução Dimensional do Sistema de Equações Diferenciais do Modelo SIR Generalizado	95
	Apêndice C – Pontos de Equilíbrio do Modelo	99
	Referências	102

Lista de Figuras

1	Aproximação da solução em um PVI	19
2	Gráfico ilustrativo comparando simulação numérica via método de Runge-Kutta, método de Euler e Solução Exata do PVI $y' = 0,2 t y, y(0) = 1$	23
3	Comportamento qualitativo esperado para o modelo (1.26) utilizando P_0 diferentes.	24
4	Gráfico da solução exata (1.26) para população de Baleias da Antártida, utilizando diferentes valores de P_0 . Valores dos parâmetros $H = 6.000$ baleias por ano, $r = 0,08$ baleias por ano e $K = 400.000$ baleias.	27
5	Comparação entre os gráficos da simulação numérica via método de Euler do modelo (1.20) e da solução exata obtida de (1.26), considerando população inicial $P_0 = 150.000$ baleias.	30
6	Ampliação da Figura 5 - Comparação entre os gráficos da simulação numérica via método de Euler do modelo (1.20) e da solução exata obtida de (1.26), considerando população inicial $P_0 = 150.000$ baleias e t de 1990 a 1995.	31
7	Erro percentual associado a aproximação pelo método de Euler do modelo (1.20) comparado com solução exata obtida de (1.26) relativo à Figura 5.	32
8	Comparação entre os gráficos da simulação numérica via método de Runge-Kutta de 4ª Ordem do modelo (1.20) comparado com solução exata obtida de (1.26), considerando população inicial $P_0 = 150.000$ baleias.	36
9	Erro percentual associado a aproximação pelo método de Runge-Kutta de 4ª Ordem do modelo (1.20) com a solução exata obtida de (1.26) baseado na Figura 8	37
10	Comparação entre os gráficos da simulação numérica via métodos de Euler e Runge-Kutta de 4ª Ordem do modelo (1.20) comparado com solução exata obtida de (1.26), considerando população inicial $P_0 = 150.000$ baleias e faixa de tempo de exibição de 1990 a 1995.	38

11	Erro associado à aproximação pelo método de Runge-Kutta de 4ª Ordem e método de Euler relativo a Figura 10	39
12	Gráfico da simulação numérica via método de Euler do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com passo $h = 1$ ano	45
13	Gráfico da simulação numérica em sistemas via método de Runge-Kutta do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com incremento $h = 1$ ano	49
14	Gráfico comparativo da simulação numérica do número de presas realizada via método de Euler e Runge-Kutta do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com incremento $h = 1$ ano . . .	50
15	Gráfico comparativo da simulação numérica do número de presas realizada via método de Euler e Runge-Kutta do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com incremento $h = 0,1$ ano . .	52
16	Gráfico da solução numérica via método de Runge-Kutta do modelo predador - presa utilizando h suficientemente pequeno $h = 0,01$	53
17	Simulação de humanos infectados na microrregião de Itapetinga-BA	61
18	Simulação de humanos infectados no município de Itapetinga-BA	62
19	Simulação de humanos infectados no município de Itororó-BA	63
20	Simulação de humanos infectados no município de Iguai-BA	64
21	Simulação de vetores infectados na microrregião de Itapetinga-BA	66
22	Simulação de humanos susceptíveis na microrregião de Itapetinga-BA	67
23	Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando μ_V variável e μ_V constante.	80
24	Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando μ_V variável, μ_V constante e dados reais.	81
25	Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando b variável e comparando com dados reais.	82
26	Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando b variável comparado com b contante.	83

27	Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando o parâmetro A variável e constante comparado com dados reais.	85
28	Valores dos parâmetros variáveis durante o período simulado	86
29	Gráfico da simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando o melhor ajuste comparado com dados reais.	86
30	Gráfico da simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando os parâmetros constantes e variáveis.	87

Lista de Tabelas

1	Amostra de valores da integração numérica via método de Euler do modelo (1.20) comparado com valores obtidos pela solução exata (1.26), população inicial $P_0 = 150.000$ baleias	29
2	Amostra de valores da integração numérica via método de Runge-Kutta do modelo (1.20) comparado com valores obtidos pela solução exata (1.26), população inicial $P_0 = 150.000$ baleias	35
3	Amostra de valores da integração numérica via método de Euler e Runge-Kutta de 4ª Ordem do modelo (1.20) comparado com valores obtidos pela solução exata (1.26), população inicial $P_0 = 150.000$ baleias	40
4	Valores de amostra da integração numérica do modelo predador presa (1.39) via método de Euler. Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com passo $h = 1$ ano.	44
5	Valores de amostra da integração numérica via método de Runge-Kutta do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com incremento $h = 1$ ano	48
6	Parâmetros utilizados na simulação - SIR	60
7	Valor de \tilde{R}_0 para os municípios da microrregião	69
8	Tabela com os erros quadrado médio obtidos das simulações numéricas de (3.3) envolvendo os parâmetros com valores constantes e variáveis.	85

1 Primeiro Capítulo

1.1 Introdução

A palavra modelo possui muitas nuances em seu significado. De modo geral, compreende-se como sendo qualquer representação simplificada da realidade ou de um aspecto do mundo real que surja como de interesse ao pesquisador, que possibilite reconstruir a realidade, prever um comportamento, uma transformação ou uma evolução.

Desde a antiguidade, a matemática vem servindo como instrumento para interpretar os fenômenos. Através da experiência vivida, os homens constroem modelos e fazem uso da matemática como uma das ferramentas em busca de soluções. A matemática estuda quantidades, medidas, espaços, estruturas, variações, formula conjecturas e, por meio de deduções rigorosas a partir de sentenças e definições, estabelece novos resultados. A matemática evoluiu de contagens, medições, cálculos e do estudo sistemático de formas geométricas e movimentos de objetos físicos, até alcançar a forma geral axiomática atual abrangendo teoria de conjuntos, relações, aplicações, morfismos e categorias.

O trabalho do matemático consiste em examinar padrões abstratos, tanto reais como imaginários, visuais ou mentais. Ou seja, os matemáticos procuram regularidades nos números, no espaço, na ciência e na imaginação e formulam teorias com as quais tentam explicar as relações observadas. Uma das técnicas matemáticas mais utilizadas como ferramenta de apoio interdisciplinar é a da modelagem matemática, utilizada para efetuar prognósticos sobre um fato real e para encontrar soluções aos problemas.

Para que a modelagem seja implementada como instrumento de análise no estudo dos sistemas ambientais, no contexto das diversas escalas de grandeza espacial e temporal, estabelecem-se as características desses sistemas, discernindo os elementos componentes, definindo as variáveis relevantes e considerando os fluxos de matéria e energia nos eco e geossistemas que são entidades representativas de sistemas ambientais (RUBIN, 2001).

Os modelos matemáticos representam, o mais próximo possível da realidade, a estrutura

e funcionamento dos sistemas ambientais, explorando as relações entre seus fatores físicos, biológicos e socioeconômicos.

Os estudos dos impactos ambientais consistem no processo de prever e avaliar as atividades humanas sobre as condições do meio ambiente e delinear os procedimentos utilizados preventivamente para evitar os efeitos considerados negativos (CHRISTOFOLETTI, 1999). Muitas vezes, os estudos dos impactos ambientais feitos sob um cenário amplo ou genérico apresentam dificuldades para serem solucionados, pois, em geral, a literatura não dispõe de modelos apropriados para o tratamento de tais problemas. Torna-se cada vez mais urgente pensarmos que estes problemas ambientais podem ter consequências catastróficas para as gerações futuras. Fica evidente a necessidade de integração da matemática com as ciências ambientais na modelagem de cenários prejudicados pelos impactos gerados pelo homem.

Impactos ambientais são presenciados constantemente em ambientes regionais ou através da mídia (jornais, revistas, programas jornalísticos). Com isto, existe uma demanda de pesquisas que aborda a temática e pode produzir resultados que auxiliem na adoção de políticas ambientais, propondo métodos e/ou soluções para resolver os problemas, bem como identificar ambientes susceptíveis a possíveis desastres ambientais. A modelagem ambiental, através de modelos matemáticos, auxilia no processo de implantação de políticas ambientais, tomando como base os resultados obtidos a partir dos cálculos, que possibilitam a formulação de métodos de correção para problemas existentes, como também estimativa antecipada de efeitos e impactos de situações hipotéticas futuras por meios de simulações. Sob essa perspectiva, a construção de modelos é considerada um procedimento inerente à pesquisa científica e a sua elaboração é realizada acompanhada de critérios e normas da metodologia científica (CHRISTOFOLETTI, 1999).

A modelagem matemática em sistemas ambientais é importante, pois possibilita construir pontes entre os níveis da observação e proposições teóricas. E este é o objeto deste estudo: discutir e generalizar modelos matemáticos aplicando-os a sistemas ambientais (baseados em equações diferenciais ordinárias), realizar simulações computacionais via métodos de integração numérica (desenvolvidas em linguagem de programação C) e comparar soluções numéricas com dados reais objetivando otimização de modelos. Neste trabalho, mostraremos como sistemas de equações diferenciais ordinárias são aplicados a problemas de interesse ambiental, levando ao desenvolvimento de modelos descritivos e preditivos do fenômeno.

Neste capítulo 1, efetuamos uma breve revisão bibliográfica sobre equações diferenciais ordinárias, sistemas de equações diferenciais ordinárias acopladas, métodos numéricos e simulação computacional. Apresentaremos, a título de exemplo, dois modelos matemáticos co-

nhecidos na literatura (sistema predador-presa e sistema de exploração constante) aplicando as ferramentas matemáticas e computacionais. No capítulo 2, trataremos do modelo matemático SIR generalizado, aplicado ao estudo da disseminação da dengue em uma microrregião do estado da Bahia. Considerar-se-á a evolução dinâmica de subconjuntos das populações de seres humanos e mosquitos transmissores. Compararemos as soluções obtidas numericamente com dados experimentais e discutiremos o controle das populações humana e do inseto, além de caracterizarmos situações de epidemia através do estudo dos pontos de equilíbrio do modelo. No capítulo 3, detalharemos os resultados encontrados na solução numérica do modelo SIR generalizado, aplicado ao estudo da epidemia de dengue em uma microrregião do estado da Bahia. Alterações realizadas no modelo original permitiu variações nos parâmetros como função do tempo. O correspondente sistema de equações diferenciais ordinárias deixa de ser autônomo com a introdução da função degrau para descrever variações externas nos parâmetros ambientais.

1.2 Equações Diferenciais Ordinárias

As hipóteses sobre um sistema ambiental envolvem frequentemente uma taxa de variação de uma ou mais variáveis, a descrição matemática de todas essas hipóteses pode ser uma ou mais equações envolvendo derivadas. Em outras palavras, o modelo matemático pode ser uma equação diferencial ou um sistema de equações diferenciais (ZILL, 2003). Um modelo nada mais é do que uma abstração matemática de processo real. As equações diferenciais são usadas para construir modelos matemáticos de fenômenos físicos, sistemas ambientais, entre outros. Deste modo, o estudo de equações diferenciais é um campo extenso tanto na matemática pura quanto na matemática aplicada. Podemos classificá-las por tipo, ordem e linearidade.

Uma equação diferencial ordinária (EDO) contém somente derivadas ordinárias de uma ou mais variáveis dependentes em relação a uma única variável independente. Por exemplo

$$\frac{dy}{dx} + 5y = 0, \quad (1.1)$$

onde y é uma grandeza dependente da variável independente x . A variável dependente y é considerada uma função incógnita a ser determinada. Em modelos ambientais, geralmente as equações estão em função do espaço ou do tempo (variável independente). Já a equação diferencial parcial (EDP) contém funções com mais de uma variável independente e suas derivadas parciais. Por exemplo,

$$\frac{\partial f}{\partial x} + \frac{\partial f}{\partial y} = 0, \quad (1.2)$$

sendo x e y variáveis independentes e f a variável dependente. Nesse caso, $F = f(x, y)$ representa a função incógnita. A ordem de uma equação diferencial (seja ela uma EDO ou EDP) é a ordem de maior derivada da função incógnita na equação. por exemplo, a equação abaixo representa uma equação diferencial ordinária de segunda ordem:

$$\frac{d^2y}{dx^2} + 5 \left(\frac{dy}{dx} \right)^3 - 4y = e^x. \quad (1.3)$$

Em símbolos, podemos expressar uma equação diferencial ordinária de ordem n em uma variável dependente x na forma geral dada por $F(x, y, y', \dots, y^{(n)}) = 0$, onde F é uma função real dependente de $n + 2$ variáveis reais, $x, y, y', \dots, y^{(n)}$, e onde $y^{(n)} = d^n y / dx^n$.

Por fim, uma equação diferencial ordinária de ordem n é linear se F for linear na função y e nas derivadas $y', \dots, y^{(n-1)}$. Isso significa que uma EDO de n -ésima ordem é linear se todos os coeficientes são funções de x e a função y e as suas derivadas têm todos expoentes 1 ou 0. Uma equação diferencial é dita não linear simplesmente quando ela não for linear. Por exemplo, a EDO (1.3) é não-linear pois contém uma derivada primeira de y elevada a um expoente três.

Existem pelo menos duas abordagens para resolver uma equação diferencial: analítica e numérica. A analítica é quando todas equações em um modelo são resolvidas algebricamente, de forma exata. Como os problemas ambientais são, com frequência, altamente não lineares, nem sempre essa solução é possível. Nestes casos utilizamos as soluções numéricas, que dão uma aproximação da solução verdadeira.

1.2.1 Equações Diferenciais Ordinárias de 1ª Ordem

Considere uma equação diferencial ordinária de 1ª ordem como

$$\frac{dy}{dt} = f(t, y), \quad (1.4)$$

onde f é uma função real dada de duas variáveis, sendo y a variável dependente e t a variável independente. Uma função diferenciável $y = \pi(t)$ que satisfaz essa equação para todo t em algum intervalo real é chamada de solução neste intervalo. O objetivo é determinar se tais funções existem e, nesse caso, desenvolver métodos para encontrá-las.

Uma solução particular de uma equação diferencial (1.4) em um intervalo real I é uma função $y(t)$ definida no intervalo I tal que a sua derivada $y'(t)$ está definida no intervalo I e satisfaz a equação (1.4) neste intervalo

$$\frac{dy}{dt} = f(t, y), \quad (1.5)$$

com

$$y(t_0) = y_0, \quad (1.6)$$

onde y_0 é o valor de y no ponto t_0 .

Equações diferenciais ordinárias de 1ª ordem descrevem diversos sistemas ambientais, como o modelo de exploração constante, que será discutido em seção posterior.

1.2.2 Sistemas de EDO Acopladas

Frequentemente, em diversas aplicações ambientais, lidamos com sistemas de equações diferenciais. Em um sistema de equações diferenciais ordinárias, duas ou mais equações envolvem as derivadas de duas ou mais funções desconhecidas em relação a uma única variável independente.

Uma solução de um sistema de equações diferenciais é um conjunto de funções diferenciáveis $x_1 = \phi_1(t), x_2 = \phi_2(t), \dots, x_n = \phi_n(t)$, definidas em um intervalo I , que satisfazem cada equação do sistema nesse intervalo. Uma solução é um conjunto de equações paramétricas em um espaço vetorial de dimensão n . Para cada valor de t dado, as equações fornecem valores para as coordenadas x_1, x_2, \dots, x_n de um ponto neste espaço. À medida que t varia, as coordenadas, em geral, também mudam.

Então, a classificação de equações diferenciais depende do número de funções desconhecidas. Se existe uma única função incógnita, uma equação é suficiente. Se existem duas ou mais funções desconhecidas precisamos de um sistema de equações. Considerando que podemos reduzir a ordem de um sistema de EDO à custa de introdução de variáveis auxiliares e novas equações, limitar-nos-emos a sistemas de 1ª ordem.

Um sistema de equações diferenciais ordinárias de 1ª ordem tem a forma normal

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = f_1(t, x_1, x_2, \dots, x_n), \\ \frac{dx_2}{dt} = f_2(t, x_1, x_2, \dots, x_n), \\ \vdots \\ \frac{dx_n}{dt} = f_n(t, x_1, x_2, \dots, x_n). \end{cases} \quad (1.7)$$

Enquanto as funções x_1, x_2, \dots, x_n são funções incógnitas, a serem determinadas, as funções f_1, f_2, \dots, f_n são dadas, caracterizando cada sistema particular (1.7). Dizemos que o conjunto de equações (1.7) caracteriza um sistema dinâmico no sentido que descreve a evolução das funções x_1, x_2, \dots, x_n em relação a variável independente t que em geral representa o tempo.

Quando cada uma das funções f_1, f_2, \dots, f_n em (1.7) for linear nas variáveis dependentes x_1, x_2, \dots, x_n , obteremos a forma normal de um sistema de equações diferenciais ordinárias lineares de 1ª ordem, caso contrário, o sistema é dito não linear. De forma compacta, podemos reescrever (1.7) como

$$\frac{dx_i}{dt} = f_i(t, x_i), \quad i = 1, 2, \dots, n. \quad (1.8)$$

Quando $f_i(t, 0) = 0, i = 1, 2, \dots, n$ o sistema linear será chamado de homogêneo e, do contrário, de não homogêneo.

Um exemplo clássico de sistemas envolvendo equações diferenciais ordinárias descrevendo sistemas ambientais é o modelo predador-presa conhecido como sistema de equações de Lotka-Volterra (LOTKA, 1925; VOLTERRA, 1926) que será discutido em seção posterior.

1.3 Simulação Computacional Via Métodos de Integração Numérica

Há muitos anos pesquisadores vêm desenvolvendo estudos ligados a modelagem matemática. Entretanto, os recursos tecnológicos disponíveis alguns anos atrás eram bastante precários, o que vinha a dificultar o avanço dos modelos, considerando que a grande dificuldade centrava na complexidade numérica. Devido ao uso dos computadores isso tornou-se mais prático.

Os computadores têm pelo menos três utilidades importantes quando consideramos modelos representados por equações diferenciais. A primeira é a facilidade de efetuar cálculos e gerar aproximações numéricas precisas das soluções. A segunda é a velocidade com que produz estes resultados, o que tomaria muito tempo se fossem resolvidas à mão. Finalmente, a terceira é a habilidade de traduzir os resultados numéricos em gráficos, de modo que o comportamento das soluções seja facilmente visualizado.

O grande benefício da modelagem matemática é poder, através dos cálculos, validar o modelo, fazer previsões e simulações sobre o comportamento do sistema, bem como controlá-lo. Com o desenvolvimento da computação, a modelagem matemática tornou-se um dos instrumentos científicos mais poderosos que dispomos. Tipicamente, as aplicações científicas têm estrutura de dados simples, mas exigem um grande número de computações aritméticas com números reais (SEBESTA, 2002).

“Simulação é o processo de projetar um modelo computacional de um sistema real e conduzir experimentos com este modelo com o propósito de entender seu comportamento e/ou avaliar estratégias para sua operação ”(FILHO, 2008). Simulação numérica via computador é

um processo mais amplo, compreende não somente a construção do modelo matemático, mas, também, todo o método experimental buscando descrever o comportamento do sistema, construir teorias e hipóteses, comparar observações e prever comportamentos futuros. A simulação tem sido cada vez mais aceita e empregada como uma técnica que permite aos analistas dos mais diversos seguimentos (administradores, engenheiros, biólogos, profissionais de informática, etc.) verificar ou encaminhar soluções, com a profundidade desejada, aos problemas com os quais lidam diariamente.

Um sistema de suporte à decisão que utiliza simulação de sistemas e modelagem matemática pode servir para o planejamento ambiental propiciando informações e conhecimentos complexos, processados de forma adequada no tocante ao estado do meio ambiente sobre uma área ou região específica. Os modelos de suporte à decisão surgem baseados em sistemas de informações e servem como instrumento às tomadas de decisões pelos planejadores, empresários e políticos, é “um sistema interativo que proporciona ao usuário acesso fácil a modelos decisórios e dados a fim de dar apoio a atividades de tomada de decisões semi-estruturadas ou não-estruturadas” (FILHO, 2008). O principal apelo para o uso dessa ferramenta computacional, principalmente nas ciências ambientais, é que ele permite que questões sejam respondidas sem que os sistemas sob investigação sofram qualquer perturbação, uma vez que os estudos são realizados no computador.

No presente trabalho, para obter soluções numéricas de modelos matemáticos aplicados a sistemas ambientais, desenvolvemos algoritmos na linguagem de programação C, utilizando-se métodos de integração numérica com vistas a possibilitar comparações e validações de resultados experimentais. A linguagem C é uma linguagem de programação compilada, estruturada, multiplataforma das mais populares no mundo. É uma das mais utilizadas em ambientes científicos, pois fornece acesso de baixo nível à memória do computador e exige baixos requerimentos de hardware.

Os dados obtidos nas soluções numéricas, a partir das aplicações em C, foram plotados no gerador de gráficos Gnuplot. O Gnuplot é um programa *open source* voltado para a área das ciências exatas, possui várias ferramentas para a manipulação de dados, com ele é possível plotar gráficos de funções de uma ou mais variáveis (2D ou 3D) e trabalhar com modelos numéricos. O programa é multiplataforma, isto é, compatível com a maioria dos computadores e sistemas operacionais (Linux, UNIX, Windows, Mac OSX, etc.) podendo gerar saídas diretamente na tela, ou em muitos formatos de arquivos gráficos, incluindo PNG, EPS, SVG, JPEG e muitos outros. Ele também é capaz de produzir código LaTeX.

A modelagem ambiental através de modelos matemáticos auxilia no processo de implanta-

ção de políticas ambientais, tomando como base os resultados obtidos a partir de métodos de integração numérica realizados com auxílio do computador.

1.3.1 Método de Euler

Um modelo matemático busca representar com a maior exatidão possível o problema real e ter sua resolução analítica bem caracterizada. Porém, quanto mais detalhado o modelo, mais complicada é a sua resolução e, na maioria dos casos, não é possível obtermos uma solução analítica. Quando não podemos resolver as equações diferenciais ordinárias analiticamente, é necessária a utilização de um método de integração numérico. Considere o seguinte problema de valor inicial (PVI)

$$\begin{aligned} y' &= \frac{dy}{dt} = f(t,y), \\ y(t_0) &= y_0, \end{aligned} \quad (1.9)$$

ou seja, temos uma equação diferencial ordinária para y em função de t , caracterizada por uma função f real de duas variáveis, tal que, o valor de y no ponto t_0 é dado por y_0 . Em geral a variável independente t representa o tempo. Procuramos uma solução $y(t)$ para (1.9) em um intervalo contendo t_0 .

Usualmente, um método numérico para a solução de uma equação diferencial produz um conjunto de valores. Em nosso caso, para o problema (1.9), teríamos os pares $(t_0, y_0), (t_1, y_1), \dots, (t_n, y_n)$ como apresentado na Figura 1.

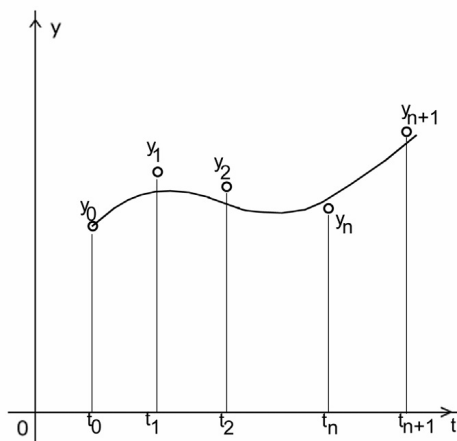


Figura 1: Aproximação da solução em um PVI.

Ou seja, a ideia é discretizar a EDO em (1.9) transformando-a em uma equação de diferenças finitas.

A primeira tentativa de resolução numérica de uma equação diferencial foi feita por Euler¹, por volta de 1768 (EULER, 1768). O método de Euler consiste em um método de integração numérica onde, conhecendo uma condição inicial e utilizando uma variação temporal Δt suficientemente pequena, é possível obter uma aproximação para uma função a partir de sua derivada em relação a t .

A ideia do método de Euler é calcular aproximações para as diferentes soluções da equação (1.9) a partir da equação da reta tangente num dado ponto. Mais precisamente, efetuamos a construção da reta tangente a $y(t)$ no ponto (t_0, y_0) a partir da equação

$$y = y_0 + f(t_0, y_0)(t - t_0). \quad (1.10)$$

Esta reta tangente é considerada uma boa aproximação para a curva solução em questão em um intervalo de tempo relativamente curto $\Delta t = t - t_0$ para que a reta tangente não se distancie demasiadamente da solução real. Assim, para valores de t_1 relativamente próximos a t_0 , é possível estimar y_1 , como

$$y_1 = y_0 + f(t_0, y_0)(t_1 - t_0). \quad (1.11)$$

Ou seja, a partir do conhecimento do valor y_0 da função em t_0 , obtemos uma aproximação para $y_1 = y(t_1)$ no instante posterior t_1 . Essa aproximação é tão melhor quanto menor o intervalo $\Delta t = t_1 - t_0$. Analogamente, é possível continuar nossa aproximação para o cálculo de $y_2 = y(t_2)$. O valor real de y_1 não é conhecido, mas é possível usar sua aproximação calculada em (1.11) e obter

$$y_2 = y_1 + f(t_1, y_1)(t_2 - t_1). \quad (1.12)$$

Assim, generalizando para y_{n+1} , temos

$$y_{n+1} = y_n + f(t_n, y_n)(t_{n+1} - t_n), \quad n = 0, 1, 2, \dots \quad (1.13)$$

Por questão de simplicidade, consideramos os instantes de tempo igualmente espaçados, de tal forma que o intervalo de tempo $h \equiv \Delta t = t_{n+1} - t_n$ permanece fixo.

Relembrando, o método de série de Taylor consiste em obtermos uma expansão em y de $f(t, y)$ até um determinado número de termos (DIPRIMA; BOYCE, 2009). Escrevendo a série de

¹Leonhard Paul Euler (1707-1783), matemático suíço, passou a maior parte da sua vida na Rússia e Alemanha. Fez importantes descobertas em campos variados em cálculo e teoria dos grafos, além de contribuir para a matemática moderna no campo da terminologia e notação, em especial para a análise matemática. Ficou famoso também por seus trabalhos em mecânica, óptica e astronomia.

Taylor para y teríamos

$$y(t+h) = y(t) + hy'(t) + \frac{h^2}{2!}y''(t) + \frac{h^3}{3!}y'''(t) + \frac{h^4}{4!}y^{(4)}(t) + \dots \quad (1.14)$$

Nas aplicações práticas da série de Taylor, onde se utiliza métodos numéricos, não é possível computar todos os seus termos. O que se faz, então, é considerar apenas um número finito deles, truncando a série após o n -ésimo termo (PEDROSA, 2008).

O método de Euler nada mais é do que uma série de Taylor de 1ª ordem, truncado no segundo termo, representado pela forma

$$\begin{aligned} y_{n+1} &= y(t_{n+1}), \\ y_{n+1} &= y(t_n + h), \\ y_{n+1} &= y(t_n) + hy'(t_n), \\ y_{n+1} &= y_n + hf(t_n, y_n). \end{aligned} \quad (1.15)$$

Ou seja, obtemos uma expressão que nada mais é do que a equação (1.13) com $h = t_{n+1} - t_n$. Como exemplo, veremos à frente na seção 1.4 o problema de exploração constante de recursos naturais, nesse caso, obteremos a solução numérica através do método de Euler e depois compararemos os resultados simulados com os dados da solução analítica.

1.3.2 Método de Runge-Kutta

Referenciado pelos matemáticos alemães Runge² e Kutta³, nessa seção aplicaremos o método de integração numérica clássico de Runge-Kutta de 4ª ordem (RK4), usualmente chamado simplesmente de método de Runge-Kutta⁴, tendo maior precisão que o método de Euler. Assim como no método de Euler, os métodos de Runge-Kutta também são provenientes de aproximações da série de Taylor. O método de Euler é o método de Runge-Kutta de 1ª ordem.

O método de Runge-Kutta mais utilizado é o de 4ª ordem. Quanto maior a ordem do método de Runge-Kutta, maior é o número de termos utilizados na aproximação. A ideia é

²Carl David Runge (1856-1927), matemático e físico alemão, trabalhou muitos anos em espectroscopia. A análise de dados o levou a considerar problemas em computação numérica e o método de Runge-Kutta teve origem em seu artigo sobre soluções numéricas de equações diferenciais.

³Martin Wilhelm Kutta (1867-1944), matemático alemão que trabalhava com aerodinâmica e é, também, muito conhecido por suas contribuições importantes à teoria clássica do aerofólio. Baseado em um artigo de Carl Runge, desenvolveu o método de Runge-Kutta, utilizado para resolver equações diferenciais ordinárias numericamente.

⁴O método de Runge-Kutta de 4ª ordem (RK4), por conveniência, passará a ser chamado neste trabalho simplesmente de método de Runge-Kutta

bastante parecida com o raciocínio do método de Euler, mas agora calculamos a função $f(t, y)$ quatro vezes, reduzindo assim o erro global de truncamento (RUNGE, 1912; KUTTA, 1900).

O método consiste em utilizar como coeficiente angular uma média ponderada de valores de $f(t, y)$ dentro do intervalo $h = \Delta t = t_n - t_{n-1}$. Assim, para resolvermos o PVI (1.9), escrevemos

$$y_{n+1} = y_n + h \left(\frac{A_{yn} + 2B_{yn} + 2C_{yn} + D_{yn}}{6} \right), \quad (1.16)$$

onde

$$\begin{aligned} A_{yn} &= f(t_n, y_n), \\ B_{yn} &= f(t_n + h/2, y_n + (h/2)A_{yn}), \\ C_{yn} &= f(t_n + h/2, y_n + (h/2)B_{yn}), \\ D_{yn} &= f(t_n + h, y_n + hC_{yn}). \end{aligned} \quad (1.17)$$

Naturalmente a implementação deve ocorrer em um número finito N de passos, isto é, $n = 1, 2, \dots, N$. A dedução técnica das equações (1.17) pode ser encontrada na literatura, por exemplo em (PRESS et al., 1992). Mostramos no apêndice A como implementar o método de Runge-Kutta em linguagem C, com a listagem explícita do código fonte.

Normalmente as soluções de uma EDO constituem curvas suaves no plano cartesiano. O objetivo de um método numérico para equações diferenciais de 1ª ordem é aproximar de alguma forma os valores y de uma solução para valores pré-selecionados de t . Começamos em um ponto inicial especificado (t_0, y_0) sobre uma curva integral e seguimos calculando passo a passo uma sequência de pontos $(t_1, y_1), (t_2, y_2), \dots, (t_N, y_N)$. Exemplificando, considere o seguinte problema de valor inicial

$$\begin{aligned} y' &= \frac{dy}{dt} = 0,2 ty, \\ y(0) &= 1. \end{aligned} \quad (1.18)$$

A título de ilustração, na Figura 2 mostramos a curva da solução analítica do problema, $y = e^{0,1t^2}$, bem como os poligonais gerados pelas aproximações numéricas dos métodos de Euler e Runge-Kutta. Observe que o método de Runge-Kutta produz uma curva integral mais próxima da solução exata. Diminuindo-se o tamanho do passo, obteríamos uma curva integral numérica (tanto pelo método de Runge-Kutta quanto pelo de Euler) não distinguível visualmente da curva integral exata no intervalo considerado.

Nas próximas páginas das seções, 1.4 e 1.5, analisaremos dois problemas concretos envolvendo equações diferenciais e sistemas de equações diferenciais, dos quais aplicaremos tanto o

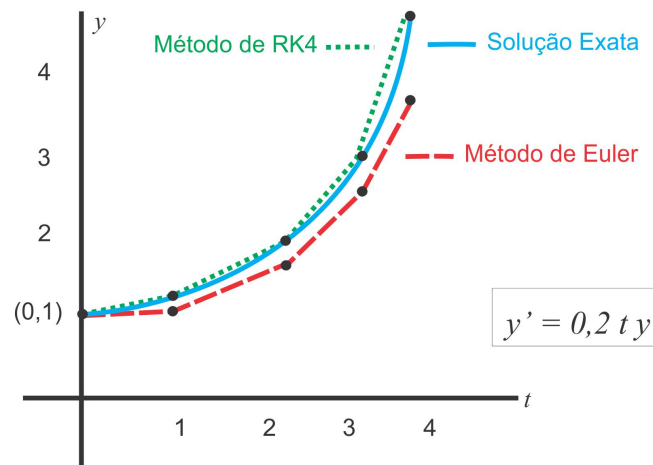


Figura 2: Gráfico ilustrativo comparando simulação numérica via método de Runge-Kutta, método de Euler e Solução Exata do PVI $y' = 0,2 t y$, $y(0) = 1$.

método de Euler quanto o de Runge-Kutta.

1.4 Modelo de Exploração Constante

Os seres humanos almejam constantemente o uso de recursos naturais renováveis como o salmão, as árvores de nossas florestas, animais como o tatu, o jacaré, aves aquáticas e tantos outros caçados anualmente. Porém a renovação destes recursos ocorre lentamente contrastando com a rapidez da sua exploração. Neste caso, é desejável desenvolver uma estratégia que possibilite extrair o máximo possível das fontes naturais renováveis, e, ainda assim, não reduzi-las a um nível abaixo do sustentável.

Vamos seguir o desenvolvimento dado por Clark em 1990. Sem a intervenção humana, supomos que uma determinada população tem o crescimento logístico⁵ dado por

$$\frac{dP(t)}{dt} = P(t)\left(r - \frac{r}{K}P(t)\right), \quad (1.19)$$

onde $P(t)$ representa a “população” de recurso natural (expressa, por exemplo, em termos de biomassa ou número de indivíduos) no instante t (medido, digamos, em anos), $r > 0$ é a taxa de crescimento intrínseco da população e K é a capacidade de suporte do meio ambiente também conhecida como nível de saturação ou limite populacional, uma vez que a população tende a esse valor no decorrer do tempo.

⁵A equação (1.20) é conhecida como equação logística e foi proposta inicialmente por Pierre François Verhulst em 1838 (VERHULST, 1838) em seu modelo de crescimento populacional com fatores de inibição do crescimento.

Vamos supor que o recurso natural explorado é constituído por indivíduos de uma população animal (Baleias da Antártida). Pretendemos identificar através de equações diferenciais ordinárias de 1ª ordem, o quão intensa pode ser a exploração, e, ainda assim, permitir uma produção sustentável evitando a extinção do animal.

Vamos então modificar a equação (1.19) inserindo uma taxa de exploração constante H .

$$\frac{dP}{dt} = P\left(r - \frac{r}{K}P\right) - H \equiv G(P). \quad (1.20)$$

Observe que a função $G(P) \equiv (-r/K)P^2 + rP - H$ é um polinômio quadrático. Se P_1 e P_2 são raízes de $G(P)$, podemos obter $P(t) = P_1$ e $P(t) = P_2$ como soluções constantes de (1.20), chamadas soluções de equilíbrio.

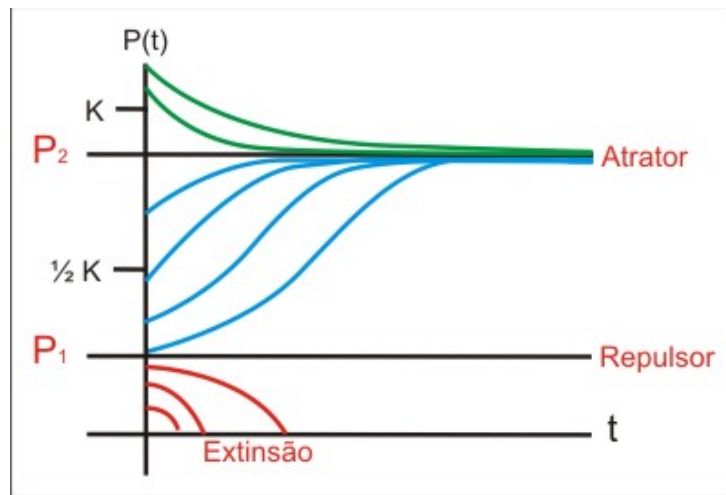


Figura 3: Comportamento qualitativo esperado para o modelo (1.26) utilizando P_0 diferentes.

Na Figura 3 descrevemos o comportamento qualitativo esperado para o modelo. Verificamos que se a população inicial P_0 for menor que P_1 , a população $P(t)$ decrescerá para zero (extinção) em tempo finito, pois para $P < P_1$ temos $\frac{dP}{dt} < 0$ e $\frac{d^2P}{dt^2} < 0$, do contrário, a população $P(t)$ tenderá para P_2 com um valor menor que K (população limite sem exploração)⁶. Quanto à estabilidade, observamos que P_2 é um ponto de equilíbrio estável assintótico ou atrator, enquanto P_1 é um ponto de equilíbrio instável ou repulsor.

Analisando as possíveis soluções do modelo, percebemos que se $H > rK/4$, ou seja, $rK/4 - H < 0$, temos que $dP/dt = G(P) < 0$ implicando no decréscimo da população $P(t)$ para zero (extinção). Mas para $H = rK/4$ a equação $G(P) = 0$ tem uma única raiz $P_1 = P_2 = K/2$ e a população $P(t)$ terá uma solução constante. Com isso esse valor de $H = rK/4$ é chamado de produção máxima sustentável (PMS). O modelo prevê a possibilidade de uma população

⁶Note que K é um ponto de equilíbrio de (1.19), mas não de (1.20).

contante com uma exploração constante igual à produção máxima sustentável.

Deduzidas as informações qualitativas, partimos para a solução da equação diferencial (1.20) sujeita à condição inicial $P(0) = P_0$. Como P_1 e P_2 são raízes, fatoramos $P - P_1$ e $P - P_2$ de $G(P)$ e escrevemos

$$\frac{dP}{dt} = -\frac{r}{K}(P - P_1)(P - P_2). \quad (1.21)$$

Sendo

$$P_1 = \frac{-r + \sqrt{r^2 - 4rH/K}}{2(-r/K)}, \quad (1.22)$$

$$P_2 = \frac{-r - \sqrt{r^2 - 4rH/K}}{2(-r/K)}. \quad (1.23)$$

Utilizando o método de separação de variáveis, temos

$$\frac{dP}{(P - P_1)(P - P_2)} = -\frac{r}{K}dt. \quad (1.24)$$

Decompondo em frações parciais e depois integrando, obtemos

$$\frac{1}{P_2 - P_1} \ln \left| \frac{P - P_2}{P - P_1} \right| = -\frac{r}{K}t + c, \quad (1.25)$$

onde c é uma constante de integração. Aplicando a condição $P(0) = P_0$ e resolvendo para $P(t)$ chegamos a

$$P(t) = \frac{P_2(P_0 - P_1) - P_1(P_0 - P_2)e^{-\alpha t}}{P_0 - P_1 - (P_0 - P_2)e^{-\alpha t}}, \quad (1.26)$$

sendo $\alpha = r(P_2 - P_1)/K = r\sqrt{1 - 4H/Kr}$.

No caso das baleias da Antártida, valores típicos são dados por $r = 0,08$ baleias por ano e $K = 400.000$ baleias, sendo 1976 o ano correspondente a $t = 0$ e $P_0 = 70.000$ a população inicial estimada da baleia em 1976 (CLARK, 1990). No modelo de exploração constante, estimamos que o valor da PMS (Produção Máxima Sustentável) seja dado por $H = rK/4 = 8.000$ baleias, para uma população fixa de $P_1 = K/2 = 200.000$ baleias. Porém, uma vez que sua população inicial é $P_0 = 70.000 < P_1$, a população declinará para zero, tendo em vista que o crescimento populacional do número de baleias no primeiro ano é menor do que a quantidade explorada.

Desenvolvemos uma aplicação em linguagem de programação C, com o objetivo de obter o gráfico da solução exata e, posteriormente, comparar com soluções numéricas. Atribuímos valores iniciais aos parâmetros e observamos o comportamento da solução analítica do modelo (1.20).

O primeiro passo do algoritmo é calcular o valor da PMS dado pela a fórmula $PMS = rK/4$.

Os valores utilizados no cálculo foram $r = 0,08$ baleias por ano e $K = 400.000$ baleias, extraídos do trabalho original. O valor calculado é $PMS = 8.000$ baleias.

O segundo passo é comparar o valor de H (taxa de exploração constante) com o valor da PMS . Caso $H < PMS$, o polinômio formado pela equação diferencial (1.20) teria duas raízes reais, entretanto se $H = PMS$ a equação tem raiz única com valor igual a $P = K/2$. Este valor de P é uma solução constante da equação diferencial, e por fim, caso $H > PMS$ a equação não possui solução aceitável para P .

Atribuímos uma taxa arbitrária de exploração $H = 6.000$ baleias por ano, este valor de H é menor que o valor da $PMS = 8.000$ baleias. Então, encontrará os valores das raízes que, para este caso, são $P_1 = 100.000$ e $P_2 = 300.000$ baleias.

O próximo passo é observar o valor estimado da população inicial P_0 das baleias. Caso este valor seja igual a um dos valores encontrados para P_1 ou P_2 , teremos seu comportamento representado por uma reta representando uma população em equilíbrio. No gráfico gerado pela aplicação (Figura 4) encontramos estes casos $P_0 = P_1$ e $P_0 = P_2$ nas linhas em roxo e azul escuro, respectivamente.

Considerando a população inicial das baleias igual a 70.000 ($P_0 < P_1$), observamos no gráfico na Figura 4 que a população das baleias declinará para zero entrando em extinção. Isso se justifica tendo em vista que a reprodução no primeiro ano é dada pela multiplicação da população inicial P_0 pela taxa de crescimento r ($70.000 \times 0,08 = 5.600$) obtendo um valor menor que o da taxa de exploração constante que neste caso é $H = 6.000$, ou seja, $\frac{dP}{dt} < 0$ para qualquer valor de t .

Para evitar a extinção teríamos que escolher um $H < 5600$ baleias por ano para que a população $P(t)$ aproxime-se lentamente de $P_2 = 300.000$ baleias ao longo do tempo. Uma técnica de gerenciamento para aumentar rapidamente o número de baleias seria limitar severamente a exploração inicial.

Na mesma Figura 4, para uma população inicial igual a 400.000 baleias ($P_0 > P_2$) observamos que a população terá um comportamento exponencial decrescente tendendo para o equilíbrio estável assintótico em P_2 , ou atrator, uma vez que outras soluções que comecem perto de P_2 se aproximam da reta horizontal $P = P_2$.

Por fim, ainda na Figura 4, considerando a população inicial igual a 150.000 baleias ($P_1 < P_0 < P_2$) identificamos que a população crescerá tendendo para o equilíbrio em P_2 .

Note, a partir desses gráficos, que poderíamos tomar como base qualquer outro recurso natural renovável para analisar o seu comportamento populacional, possibilitando a formulação

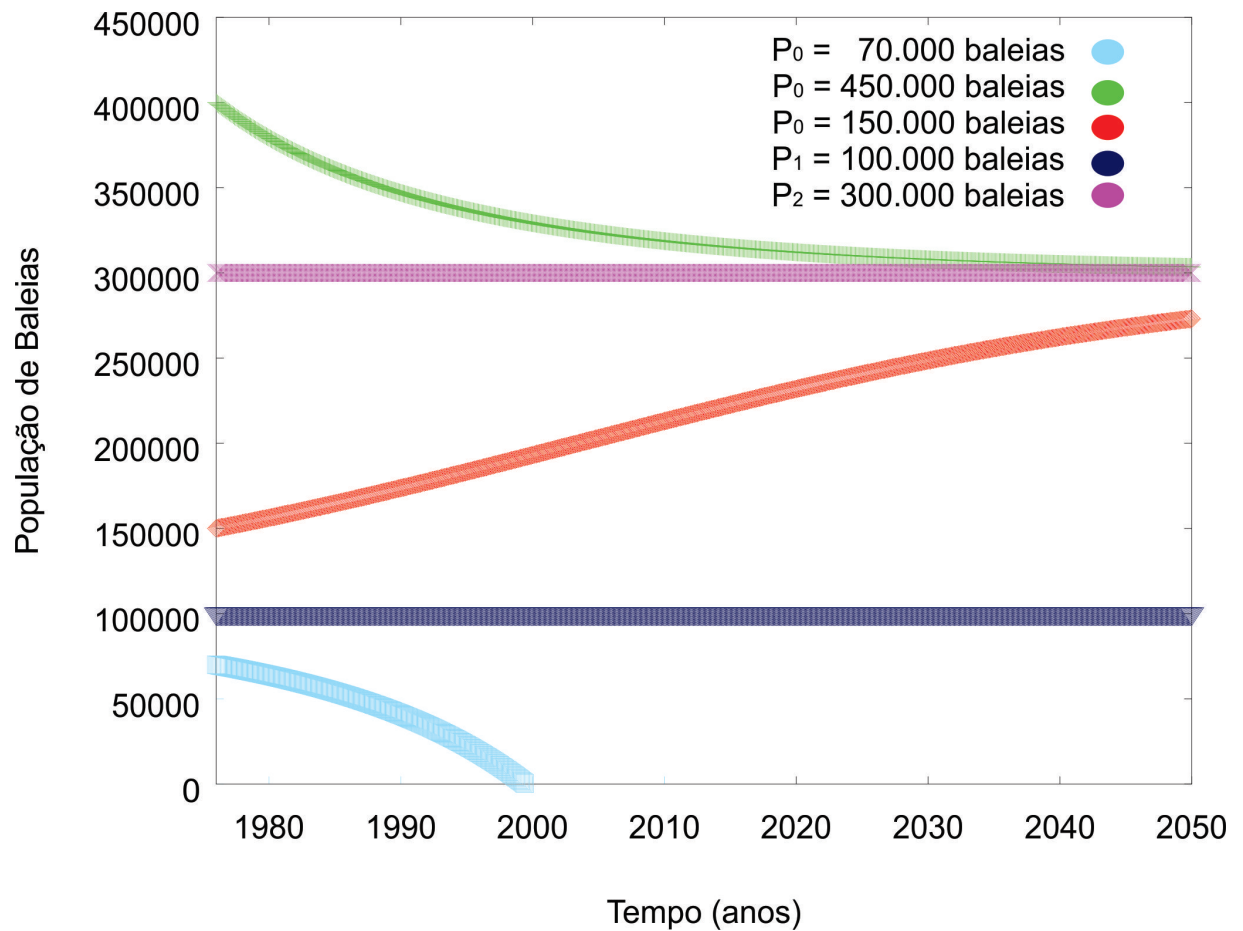


Figura 4: Gráfico da solução exata (1.26) para população de Baleias da Antártida, utilizando diferentes valores de P_0 . Valores dos parâmetros $H = 6.000$ baleias por ano, $r = 0,08$ baleias por ano e $K = 400.000$ baleias.

de métodos de correção para problemas existentes, como também estimativa antecipada de efeitos e impactos de situações hipotéticas futuras.

A título de exemplo das técnicas introduzidas nas subseções 1.3.1 e 1.3.2 realizaremos a seguir a integração numérica do modelo de exploração constante (1.20).

1.4.1 Integração Numérica Via Método de Euler

Começamos com o método de Euler discutido na subseção (1.3.1). Lembramos que a equação que descreve o modelo de exploração constante (1.20), é dada por

$$\frac{dP}{dt} = P\left(r - \frac{r}{K}P\right) - H, \quad (1.27)$$

onde $P(t)$ é a população, K é a capacidade de suporte do meio, r é a taxa de crescimento da população e H a taxa de exploração constante. Comparando com o PVI (1.9), página 19, efetuamos as associações

$$\begin{aligned} y &\longrightarrow P, \\ y_0 &\longrightarrow P_0, \\ f(t,y) &\longrightarrow G(P) = P\left(r - \frac{r}{K}P\right) - H, \\ h &\longrightarrow \Delta t, \end{aligned} \quad (1.28)$$

e a discretização de (1.27) conduz a

$$P_{n+1} = P_n + [P_n(r - \frac{r}{K}P_n) - H]\Delta t. \quad (1.29)$$

que é análoga à equação (1.15) da página 21. Note que no presente caso a função $G(P)$ não depende explicitamente do tempo - nesse sentido dizemos que a EDO (1.27) é autônoma.

Desenvolvemos uma aplicação que obtêm computacionalmente, via método de Euler, uma solução numérica para os valores da população da baleia como função do tempo t . Já é conhecido o valor inicial da população das baleias em $t_0 = 1976$. Pretendemos calcular o valor da população para o próximo ano, neste caso $t = 1977$, com um passo $\Delta t = 1$, que representa uma unidade de tempo em anos. Os parâmetros utilizados em (1.29) foram: taxa de crescimento populacional das baleias $r = 0,08$ baleias por ano, capacidade de suporte do ambiente $K = 400.000$ baleias, taxa de exploração constante $H = 6.000$ baleias por ano, população inicial $P_0 = 150.000$ baleias e $t_0 = 1976$ anos, como segue

$$\Delta P = [150.000(0,08 - \frac{0,08}{400.000}150.000) - 6000] \times 1 = 1.500, \quad (1.30)$$

Tempo	Solução Exata	Método Euler	Dif. absoluta	Dif. relativa
1976	150.000,0000	150.000,0000	0,0000	0,00000%
1977	151.514,9475	151.500,0000	14,9475	0,00010%
1978	153.059,5596	153.029,5500	30,0096	0,00020%
1979	154.633,4445	154.588,3054	45,1392	0,00029%
1980	156.236,1478	156.175,8610	60,2868	0,00039%
1981	157.867,1512	157.791,7499	75,4013	0,00048%
1982	159.525,8720	159.435,4427	90,4293	0,00057%
1983	161.211,6624	161.106,3460	105,3164	0,00065%
1984	162.923,8093	162.803,8027	120,0066	0,00074%
1985	164.661,5345	164.527,0913	134,4432	0,00082%
1986	166.423,9946	166.275,4259	148,5688	0,00089%
1987	168.210,2821	168.047,9565	162,3256	0,00097%
1988	170.019,4261	169.843,7699	175,6562	0,00103%
1989	171.850,3937	171.661,8902	188,5035	0,00110%
1990	173.702,0917	173.501,2805	200,8111	0,00116%
1991	175.573,3683	175.360,8441	212,5242	0,00121%

Tabela 1: Amostra de valores da integração numérica via método de Euler do modelo (1.20) comparado com valores obtidos pela solução exata (1.26), população inicial $P_0 = 150.000$ baleias

onde $\Delta P = \frac{dP}{dt} \Delta t = 1.500$. Portanto $P_{n+1} = P_n + \left(\frac{dP}{dt} \Delta t \right)$ sendo P_{n+1} a população no ano 1977 e P_n o valor da população no ano 1976, calculamos o valor aproximado da população P via método de Euler no ano 1977 dado por

$$P(1977) = 150.000 + (1.500 \times 1) = 151.500. \quad (1.31)$$

Verificamos que através da realização de um passo do algoritmo, conseguimos simular via método de Euler o valor aproximado da população quando $t = 1977$. Obedecendo à condição do tempo $1976 \leq t \leq 2100$ anos, podemos calcular o valor de P (população) para cada t (ano) e assim obtermos a solução aproximada da equação (1.27).

Na Tabela 1, podemos visualizar uma amostra dos valores simulados para a população das baleias e compará-los com os valores obtidos a partir da solução exata da equação. A Figura 5, representa os valores simulados via método de Euler contemplando todo intervalo de tempo $1976 \leq t \leq 2100$.

Percebemos pela Figura 5 que o método de Euler, para este modelo, conseguiu representar uma aproximação da sua solução exata: as duas curvas, solução exata e método de Euler, parecem estar uma sobre a outra. Porém, verificando a Figura 6, que é uma ampliação da Figura 5, e pela Tabela 1 é possível identificar que existem algumas diferenças entre os valores simulados

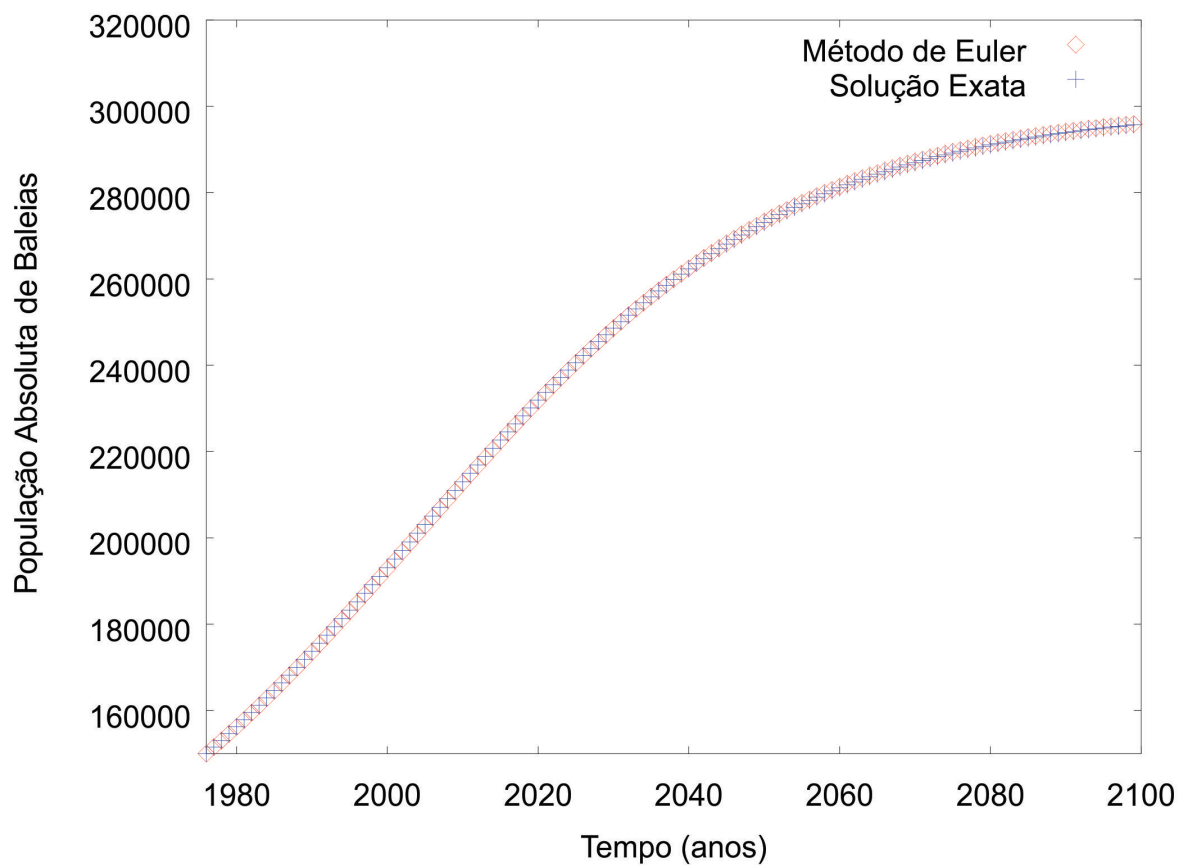


Figura 5: Comparação entre os gráficos da simulação numérica via método de Euler do modelo (1.20) e da solução exata obtida de (1.26), considerando população inicial $P_0 = 150.000$ baleias.

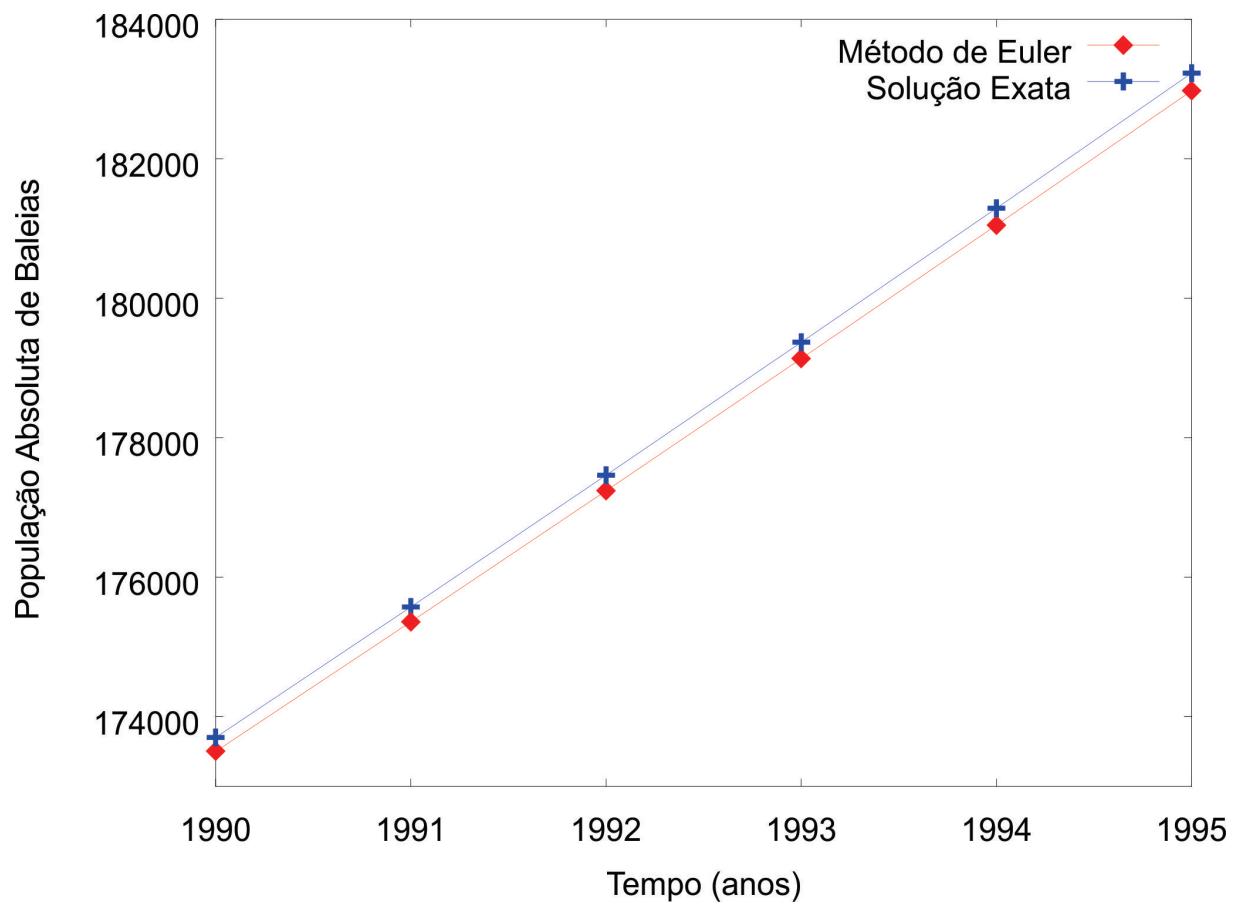


Figura 6: Ampliação da Figura 5 - Comparação entre os gráficos da simulação numérica via método de Euler do modelo (1.20) e da solução exata obtida de (1.26), considerando população inicial $P_0 = 150.000$ baleias e t de 1990 a 1995.

e os valores da solução exata.

O acordo entre as soluções exata e numérica pode ser ainda melhor se diminuirmos o intervalo de tempo discretizado, ou passo de integração, Δt . Na Figura 7 exibimos um gráfico com o erro percentual associado à integração numérica.

Ao aproximar numericamente a solução de uma equação diferencial, através de um processo de integração, uma série de erros surgem, os quais se classificam como:

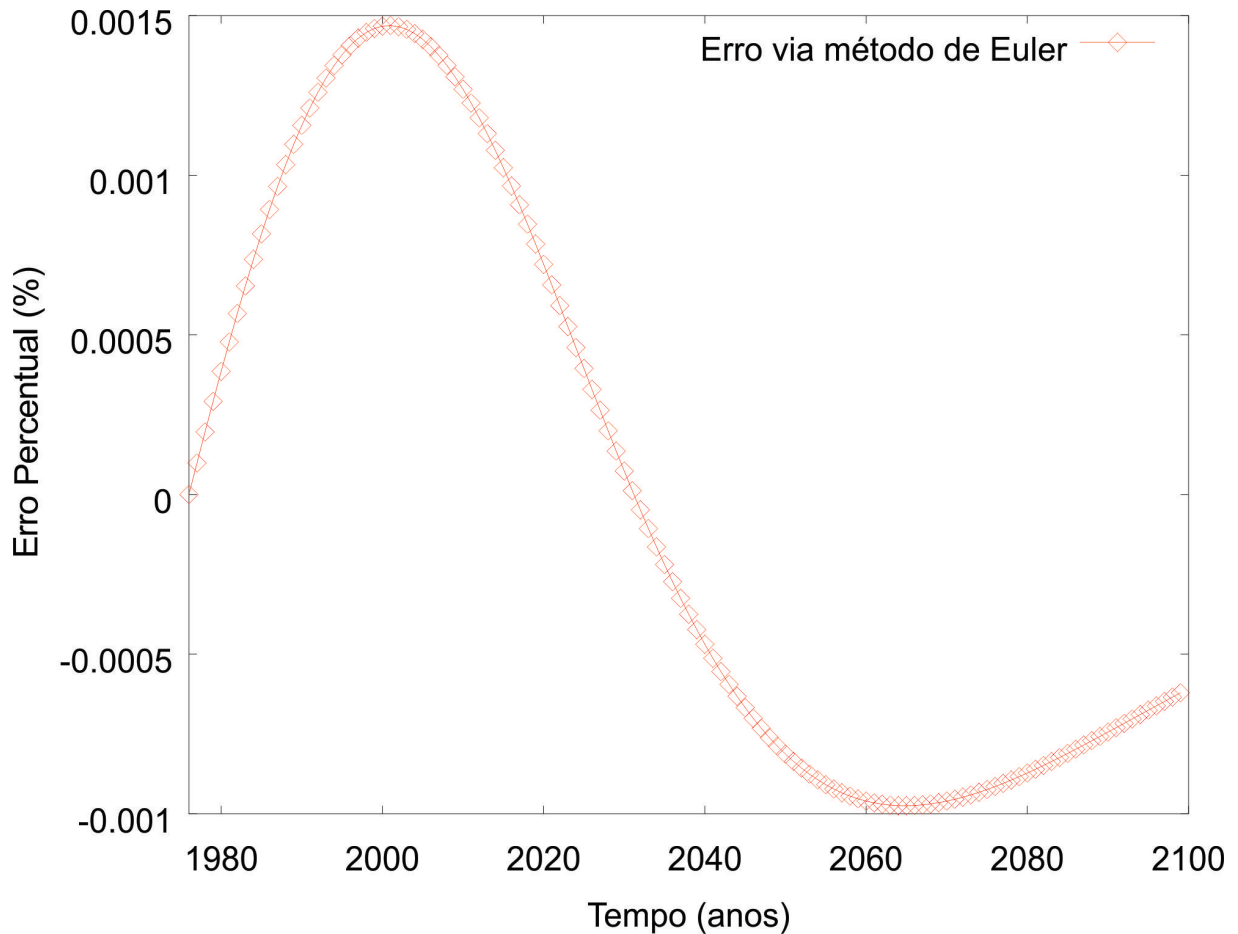


Figura 7: Erro percentual associado a aproximação pelo método de Euler do modelo (1.20) comparado com solução exata obtida de (1.26) relativo à Figura 5.

- Erro de truncamento local (ETL): é o erro existente em uma iteração da integração numérica ao substituirmos um processo infinitesimal por um de diferenças finitas. O acúmulo de ETL ao longo do processo de integração é chamado de erro de truncamento global (ETG). Isso acontece porque em cada passo usamos uma fórmula aproximada para determinar o y_{n+1} (1.15), além disso, os dados de entrada (y_n) em cada etapa (y_{n+1}) estão apenas aproximadamente corretos.
- Erro de arredondamento local (EAL): é causado pela precisão finita do computador em

uso. O acúmulo de EAL é chamado de erro de arredondamento global (EAG). Isso acontece por que efetuamos os cálculos em aritmética com números finitos de dígitos. Este tipo de erro depende do tipo de computador utilizado, da ordem em que os cálculos são efetuados, do método de arredondamento e, assim por diante.

Logo, o erro total vai ser a soma do ETG com o EAG.

Nota-se na Tabela 1 que há uma ligeira diferença entre a solução numérica e a solução exata, pois o método de Euler oferece uma aproximação linear para cada Δt . Estas diferenças podem ser minimizadas diminuindo o intervalo Δt de integração ou utilizando outros métodos de integração.

No presente caso, a solução numérica pode ser comparada com a solução exata. No entanto, a grande vantagem dos métodos numéricos ocorre nos casos em que não dispomos de solução exata.

Da mesma forma que utilizamos o método de Euler para resolver numericamente a equação diferencial ordinária de 1ª ordem (1.20), podemos utilizá-lo também para encontrar soluções numéricas em sistemas de equações diferenciais acoplados.

O modelo matemático de Lotka-Volterra que será discutido na sessão 1.5 mais à frente apresenta um sistema de equações diferenciais ordinárias de 1ª ordem (1.36), porém, contrariamente ao modelo de exploração de recursos naturais não renováveis, ele não apresenta uma solução analítica e só poderemos obter soluções aproximadas utilizando métodos de integração numérica.

1.4.2 Integração Numérica Via Método de Runge-Kutta

Pela simulação realizada na seção anterior, no ano 1976, a população inicial era de 150.000 baleias, isto é, para $t_0 = 1976$, $P_0 = 150.000$. A partir desta informação, calculamos via método de Euler o valor aproximado para a população no ano seguinte, $t_1 = 1977$, e encontramos o valor de 151.500 baleias, ou seja, $P_1 = P(1977) = 151.500$.

Nesta subseção, mudaremos o algoritmo da aplicação, a fim de encontrar um novo valor para a população de baleias no mesmo instante t que foi utilizado pelo método de Euler, porém, utilizando agora o método de Runge-Kutta.

Os parâmetros utilizados na resolução numérica via método de Runge-Kutta serão os mesmos que utilizamos via método de Euler, são eles: taxa de crescimento populacional $r = 0,08$ baleias por ano, capacidade de suporte do ambiente $K = 400.000$ baleias, taxa de exploração

constante $H = 6.000$ baleias por ano, população $P_0 = 150.000$ baleias e $t_0 = 1976$ anos.

Diferentemente do método de Euler, não poderemos ir diretamente para a fórmula que calcula o valor de P_{n+1} , teremos que fazer operações intermediárias para obter os coeficientes $A_{yn}, B_{yn}, C_{yn}, D_{yn}$ que serão utilizados na fórmula geral do método de Runge Kutta (1.16) na página 22.

O primeiro passo é calcular o valor da função $G(P)$ definida em (1.20) na página 24 para $P_0 = 150.000$ baleias.

O valor de retorno da função é o valor da variável A_{yn} . Relembrando, da equação (1.17), temos

$$A_{yn} = f(t_n, y_n) = G(P), \quad (1.32)$$

onde $n = 0$ representa o passo corrente do algoritmo.

Para o cálculo da variável B_{y0} , relembramos

$$B_{y0} = f(t_0 + h/2, y_0 + (h/2)A_{y0}), \quad (1.33)$$

onde t_0 é o tempo e y_0 a população das baleias no instante n , A_{y0} o valor já calculado anteriormente e h o tamanho do passo utilizado na simulação, observamos novamente a presença da variável t_0 como parâmetro da função, como a EDO (1.27) não possui a variável tempo na sua fórmula o valor de B_{y0} associado a (1.33) é obtido utilizando

$$B_{y0} = G(P_0 + ((h/2)A_{y0})), \quad (1.34)$$

Similarmente, a mesma sequência é seguida para o cálculo das variáveis C_{y0} e D_{y0} , utilizando o mesmo passo de integração h no mesmo instante t .

Para encontrar o valor da população das baleias para o ano $t = 1977$, calculamos o valor de P_1 que, segundo o método de Runge-Kutta, é dado por

$$P_1 = P_0 + h \left(\frac{A_{y0} + 2B_{y0} + 2C_{y0} + D_{y0}}{6} \right). \quad (1.35)$$

O valor encontrado para $t = 1977$ utilizando este método foi $P_1 = P(1977) = 151.514,9475$ para a população de baleias, enquanto que no método de Euler havia sido $P(1977) = 151.500$ baleias.

Para encontrar os valores aproximados da população P até satisfazer a condição de tempo dado por $1976 \leq t \leq 2100$ anos, é necessário repetir todos esses passos, incrementando o valor de n . A listagem explícita do código fonte em linguagem C da implementação do método de

Tempo	Solução Exata	Método RK4	Dif. absoluta	Dif. relativa
1976	150.000,0000	150.000,0000	0,00000	0,00%
1977	151.514,9475	151.514,9475	0,00001	6,60 E-11%
1978	153.059,5596	153.059,5596	0,00001	6,53 E-11%
1979	154.633,4445	154.633,4445	0,00003	1,29 E-10%
1980	156.236,1478	156.236,1478	0,00003	1,92 E-10%
1981	157.867,1512	157.867,1512	0,00004	2,53 E-10%
1982	159.525,8720	159.525,8719	0,00005	2,51 E-10%
1983	161.211,6624	161.211,6623	0,00005	3,10 E-10%
1984	162.923,8093	162.923,8093	0,00005	3,68 E-10%
1985	164.661,5345	164.661,5344	0,00007	3,64 E-10%
1986	166.423,9946	166.423,9946	0,00007	4,21 E-10%
1987	168.210,2821	168.210,2820	0,00007	4,76 E-10%
1988	170.019,4261	170.019,4260	0,00008	4,71 E-10%
1989	171.850,3937	171.850,3936	0,00009	5,24 E-10%
1990	173.702,0917	173.702,0916	0,00009	5,18 E-10%
1991	175.573,3683	175.573,3682	0,00010	5,70 E-10%

Tabela 2: Amostra de valores da integração numérica via método de Runge-Kutta do modelo (1.20) comparado com valores obtidos pela solução exata (1.26), população inicial $P_0 = 150.000$ baleias

Runge-Kutta encontra-se no apêndice A.

Na Tabela 2, página 35, podemos identificar uma amostra dos valores simulados para a população de baleias e compará-las com os valores obtidos a partir da solução exata da equação.

Verificamos claramente pela Tabela 2, página 35, e pela Figura 8, página 36, que, utilizando o método de Runge-Kutta, obtemos valores mais próximos ao da solução exata do que utilizando o método de Euler. Ainda assim, o erro associado a este método de integração é constatado na Figura 9, página 37.

Podemos ainda comparar os resultados obtidos na resolução numérica via método de Euler com os obtidos via Runge-Kutta e os valores da solução exata do modelo de exploração constante. Uma amostra destes valores é observada na Tabela 3, página 40.

Para perceber mais claramente a melhor aproximação pelo método de Runge-Kutta da solução exata, plotamos apenas alguns dos valores simulados via método de Euler e via método de Runge-Kutta do modelo (1.20) em uma pequena faixa de tempo ($1990 \leq t \leq 1995$). Neste mesmo gráfico plotamos os valores relativos a esta mesma faixa de tempo obtida pela solução exata (1.26). Consideramos a população inicial $P_0 = 150.000$ baleias e chegamos ao gráfico da Figura 10, observe que visualmente a linha da solução numérica obtida via método de Runge-

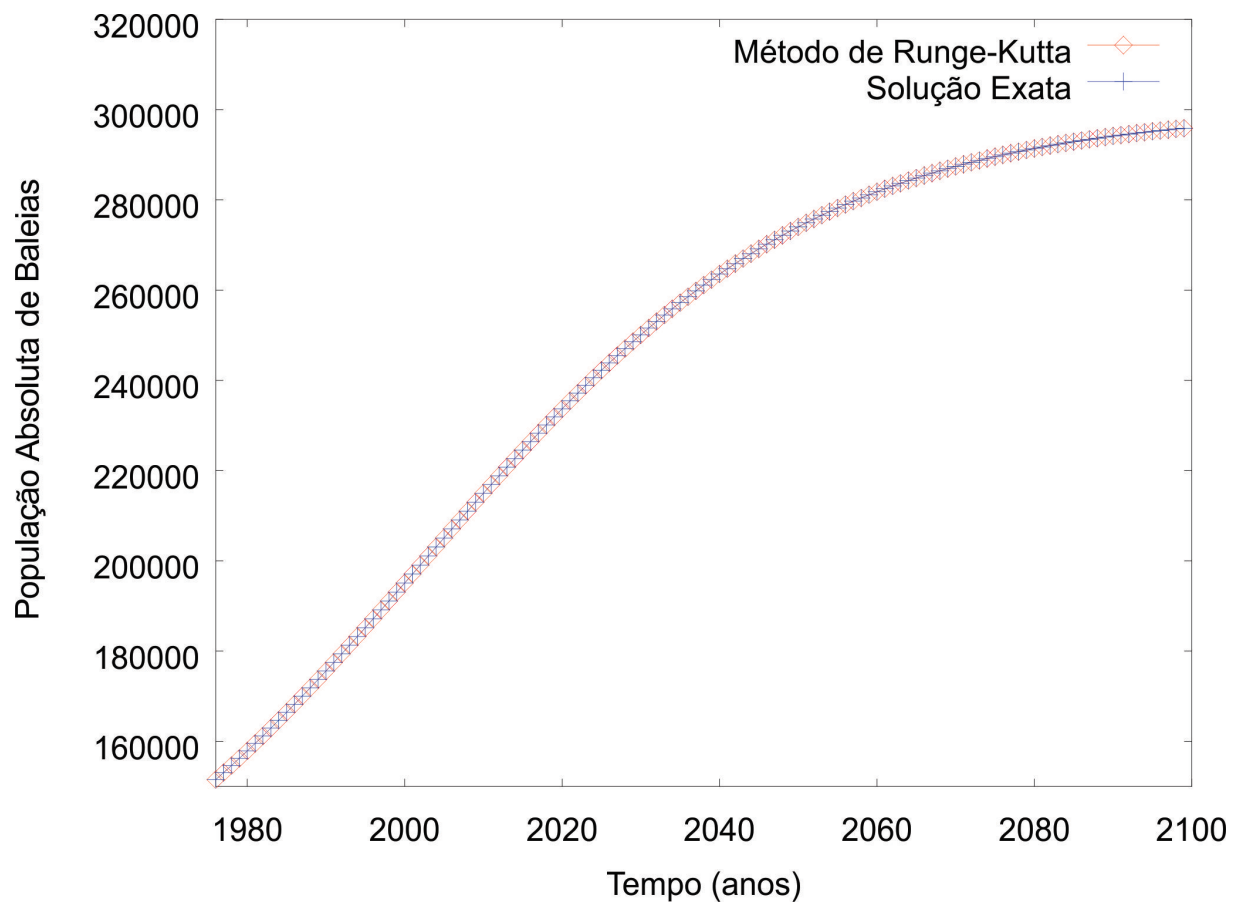


Figura 8: Comparação entre os gráficos da simulação numérica via método de Runge-Kutta de 4ª Ordem do modelo (1.20) comparado com solução exata obtida de (1.26), considerando população inicial $P_0 = 150.000$ baleias.

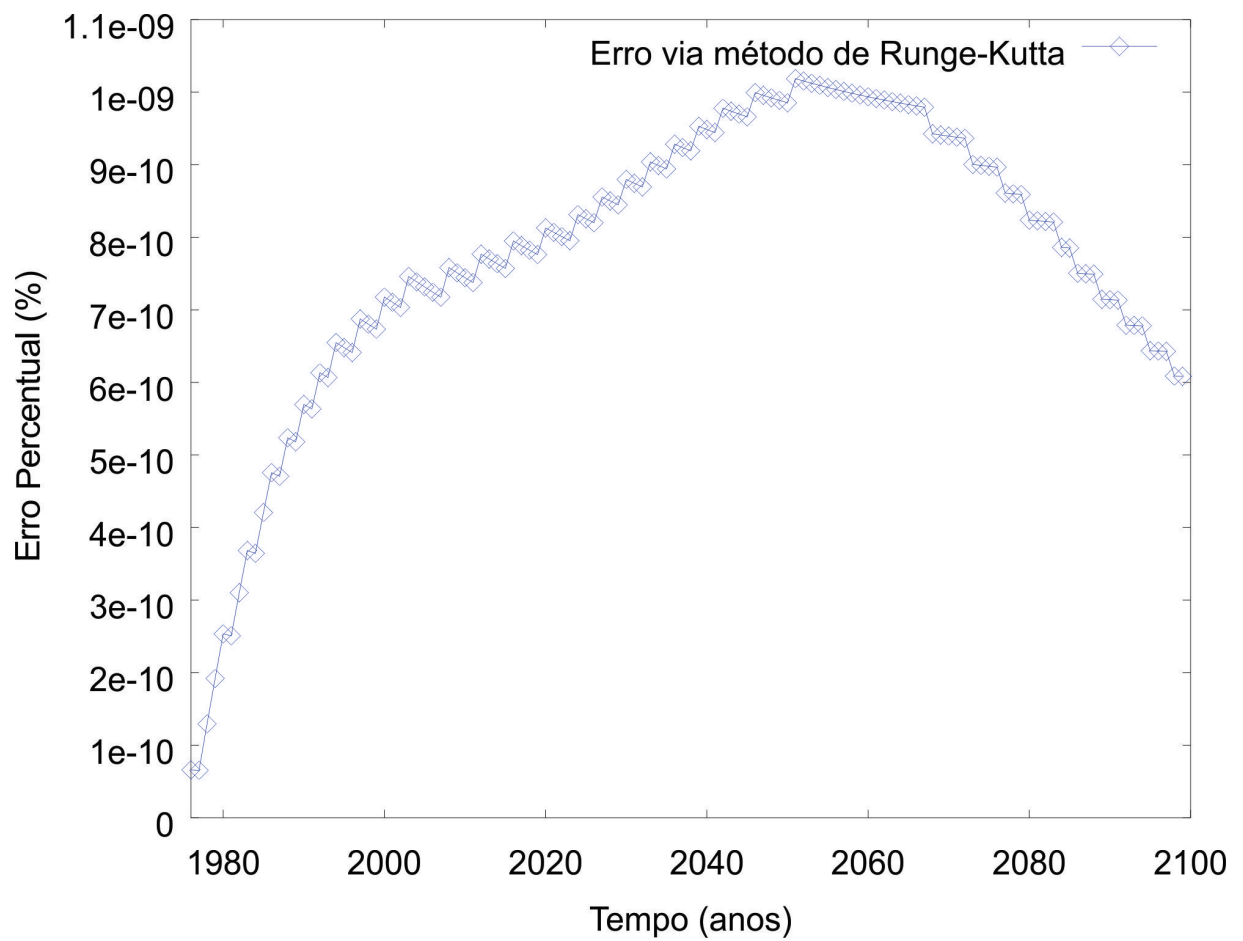


Figura 9: Erro percentual associado a aproximação pelo método de Runge-Kutta de 4ª Ordem do modelo (1.20) com a solução exata obtida de (1.26) baseado na Figura 8.

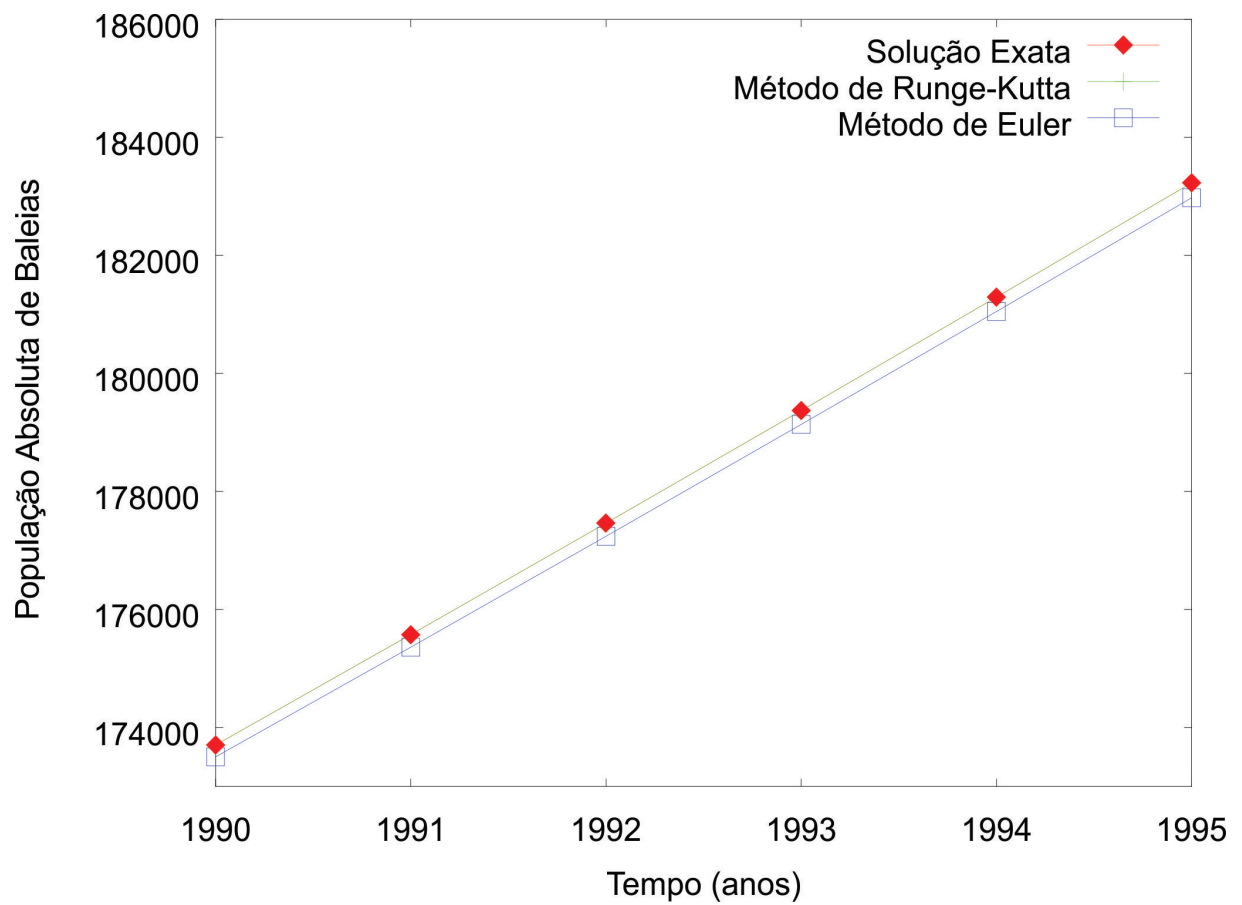


Figura 10: Comparação entre os gráficos da simulação numérica via métodos de Euler e Runge-Kutta de 4ª Ordem do modelo (1.20) comparado com solução exata obtida de (1.26), considerando população inicial $P_0 = 150.000$ baleias e faixa de tempo de exibição de 1990 a 1995.

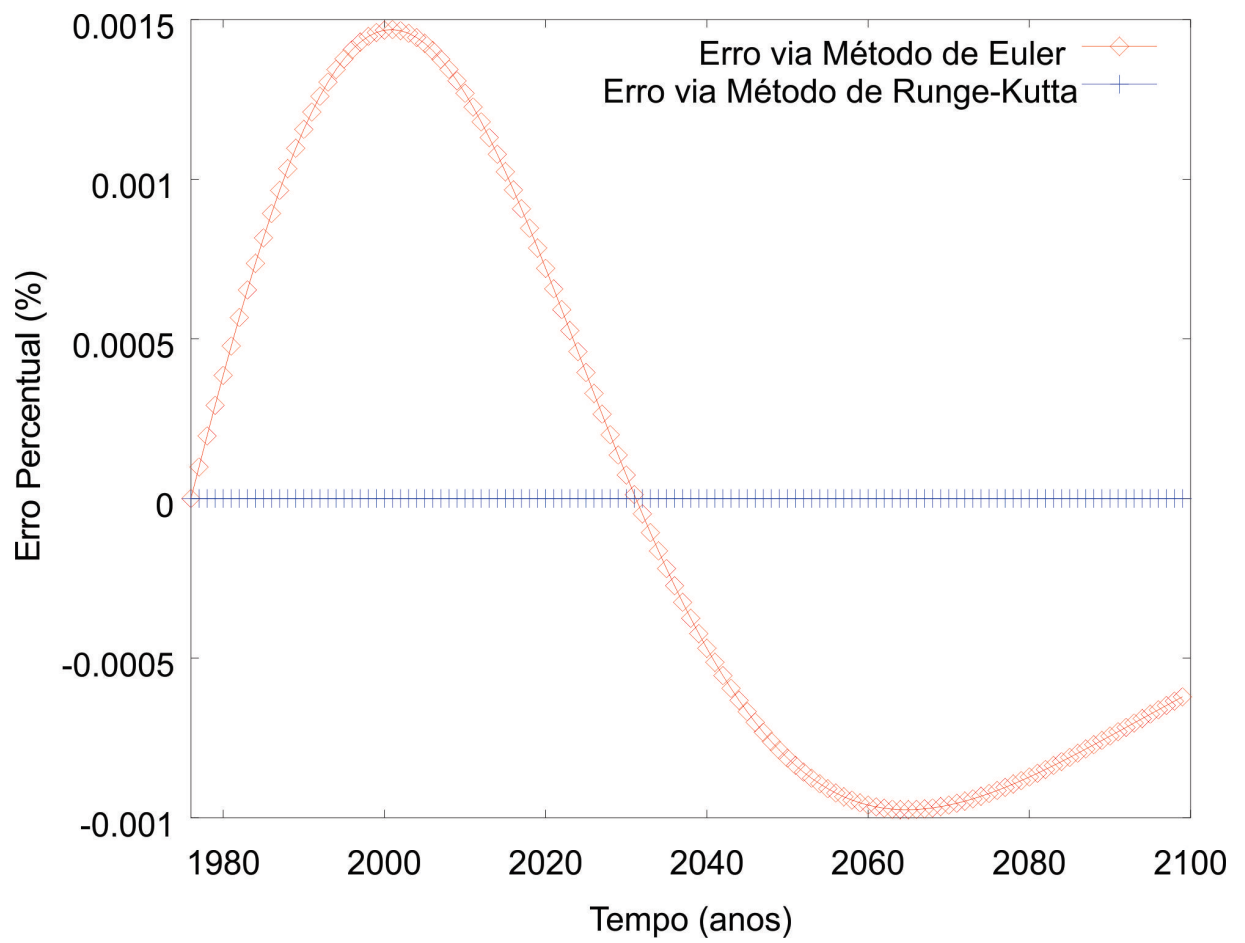


Figura 11: Erro associado à aproximação pelo método de Runge-Kutta de 4ª Ordem e método de Euler relativo a Figura 10.

Tempo	Solução Exata	Método Euler	Método RK4
1976	150.000,0000	150.000,0000	150.000,0000
1977	151.514,9475	151.500,0000	151.514,9475
1978	153.059,5596	153.029,5500	153.059,5596
1979	154.633,4445	154.588,3054	154.633,4445
1980	156.236,1478	156.175,8610	156.236,1478
1981	157.867,1512	157.791,7499	157.867,1512
1982	159.525,8720	159.435,4427	159.525,8719
1983	161.211,6624	161.106,3460	161.211,6623
1984	162.923,8093	162.803,8027	162.923,8093
1985	164.661,5345	164.527,0913	164.661,5344
1986	166.423,9946	166.275,4259	166.423,9946
1987	168.210,2821	168.047,9565	168.210,2820
1988	170.019,4261	169.843,7699	170.019,4260
1989	171.850,3937	171.661,8902	171.850,3936
1990	173.702,0917	173.501,2805	173.702,0916
1991	175.573,3683	175.360,8441	175.573,3682

Tabela 3: Amostra de valores da integração numérica via método de Euler e Runge-Kutta de 4ª Ordem do modelo (1.20) comparado com valores obtidos pela solução exata (1.26), população inicial $P_0 = 150.000$ baleias

Kutta esta sobre a linha obtida pela solução exata.

Na Figura 11 percebemos as diferenças entre os erros associados as aproximações pelos métodos de Runge-Kutta e de Euler.

1.5 Sistema de Lotka-Volterra

As equações de Lotka-Volterra (LOTKA, 1925; VOLTERRA, 1926) constituem-se em um par de equações diferenciais acopladas, não lineares, de 1ª ordem, frequentemente utilizadas para descrever a evolução dinâmica de sistemas biológicos envolvendo a interação entre duas espécies, uma como presa e outra como predadora. Estas equações foram propostas independentemente por Lotka⁷ em 1925 e Volterra⁸ em 1926 (LOTKA, 1925; VOLTERRA, 1926).

⁷Alfred J. Lotka (1880-1949) foi um biofísico, nasceu onde é hoje a Ucrânia. É lembrado principalmente por sua formulação das equações de Lotka-Volterra. Foi também o autor, em 1924, do primeiro livro sobre biologia matemática, *Elements of Physical Biology*.

⁸Vito Volterra (1860-1940), um importante matemático italiano, é particularmente famoso por seu trabalho em equações integrais e análise funcional.

As equações de Lotka-Volterra têm a forma

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = ax - \alpha xy, \\ \frac{dy}{dt} = -cy + \gamma xy, \end{cases} \quad (1.36)$$

onde $x(t)$ e $y(t)$ são as populações respectivas das espécies presa e predadora no instante t . As constantes a, α, c e γ são positivas e baseadas em observações empíricas dependendo das espécies particulares em estudo. As constantes a e c representam as taxas de crescimento da população de presas e de morte da população de predadores, respectivamente, enquanto α e γ caracterizam o efeito da interação entre as duas espécies. Observe que os termos que contém o produto xy quebram a linearidade do sistema (1.36).

O modelo matemático apresentado por Volterra tinha como objetivo a análise das variações cíclicas observadas nas populações de tubarões e pequenos peixes no mar Adriático (VOLTERRA, 1926). E na natureza podemos encontrar diversas situações em que uma das espécies (predador) se alimenta da outra (presa), enquanto a presa se alimenta de outro tipo de comida. Podemos citar as raposas e coelhos em uma floresta fechada: as raposas caçam os coelhos, que vivem da vegetação na floresta. Outros exemplos são peixes que se alimentam dos vermelhões em um lago, ou a joaninha como predador e o pulgão como presa.

Uma análise mais criteriosa de (1.36) mostra que:

1. Na ausência do predador, a população de presas aumenta a uma taxa proporcional à população atual; assim $\frac{dx}{dt} = ax, a > 0$, quando $y = 0$.
2. Na ausência da presa, o predador é extinto; assim, $\frac{dy}{dt} = -cy, c > 0$, quando $x = 0$.
3. O número de encontros entre predador e presa é proporcional ao produto das duas populações. Cada um desses encontros tende a promover o crescimento da população de predadores e a inibir o crescimento da população das presas. A taxa de crescimento da população de predadores é aumentada por um termo da forma γxy , enquanto a taxa de crescimento para a população da presa é diminuída por um termo da forma $-\alpha xy$, onde γ e α são constantes positivas.

Nas duas subseções seguintes obteremos soluções numéricas do modelo Lotka-Volterra. Salientamos que, contrariamente ao exemplo anterior de exploração constante, não dispomos de uma solução analítica para (1.36) (ABDELKADER, 1974).

1.5.1 Integração Numérica Via Método de Euler

Desenvolvemos uma nova aplicação para analisar numericamente, através do método de Euler, o comportamento do sistema (1.36) proposto por Lotka e Volterra (LOTKA, 1925; VOLTERRA, 1926).

A grande diferença em relação à aplicação desenvolvida no modelo de exploração constante, que envolve uma única equação, é que agora o nosso algoritmo precisa trabalhar com duas equações acopladas simultaneamente. Os valores das duas variáveis dependentes (x_n, y_n) precisam estar calculadas para um mesmo ponto t_n .

Escrevemos um sistema de duas equações diferenciais ordinárias acopladas como

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(t, x, y), \\ \frac{dy}{dt} = g(t, x, y). \end{cases} \quad (1.37)$$

No caso do modelo de Lotka-Volterra (1.36), temos

$$\begin{cases} f(t, x, y) = ax - \alpha xy, \\ g(t, x, y) = -cy + \gamma xy. \end{cases} \quad (1.38)$$

Como dito anteriormente, a constante a representa a taxa de crescimento da população de presas, a constante c representa a taxa de morte da população de predadores e as constantes α e γ caracterizam o efeito da interação entre as duas espécies. Os valores dessas constantes devem ser positivas e são baseadas em observações empíricas dependendo das espécies particulares em estudo.

Para exemplificarmos o comportamento do sistema (1.36), consideremos valores numéricos hipotéticos para os parâmetros a , α , c e γ tais que

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = 0,1x - 0,00001xy, \\ \frac{dy}{dt} = -0,05y + 0,00001xy. \end{cases} \quad (1.39)$$

Consideremos ainda a condição inicial de 20.000 presas ($x_0 = 20.000$) e 5.000 predadores ($y_0 = 5.000$) e analisemos a evolução do sistema durante um intervalo de tempo de 150 anos ($0 \leq t \leq 150$).

O algoritmo calcula o valor das derivadas $\frac{dx}{dt}$ e $\frac{dy}{dt}$ recebendo como parâmetro os valores

iniciais para x_0 e y_0 no instante $t = 0$.

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = 0,1 \times 20.000 - 0,00001 \times 20.000 \times 5.000 = 1.000, \\ \frac{dy}{dt} = -0,05 \times 5.000 + 0,00001 \times 20.000 \times 5.000 = 750. \end{cases} \quad (1.40)$$

Obtido os valores numéricos de $\frac{dx}{dt}$ e $\frac{dy}{dt}$ para $t_0 = 0$, calculamos os novos valores para presas x_{n+1} e predadores y_{n+1} via método de Euler para $t_1 = 1$ utilizando um passo $\Delta t = h = 1$ ano.

Para presas, relembro Euler, temos

$$x_{n+1} = x_n + \left(\frac{dx}{dt} \times h \right), \quad (1.41)$$

onde $n = 0, 1, 2, \dots, N$ e $t_{n+1} = t_n + h$. Associando (1.41) à equação das presas, obtemos

$$x_1 = 20.000 + (1.000 \times 1) = 21.000. \quad (1.42)$$

O valor de x_1 é o valor numérico esperado para população de presas em $t = 1$ e x_0 o valor inicial de presas em $t_0 = 0$.

Analogamente, para os predadoras, relembro Euler, temos

$$y_{n+1} = y_n + \left(\frac{dy}{dt} \times h \right), \quad (1.43)$$

onde $n = 0, 1, 2, \dots, N$ e $t_{n+1} = t_n + h$. Substituindo os valores numéricos em (1.43) obtemos

$$y(1) = 5.000 + (750 \times 1) = 5.750. \quad (1.44)$$

O valor de y_1 é o valor numérico esperado para população de predadores em $t = 1$ e y_0 o valor inicial de predadores em $t_0 = 0$.

Verificamos que através da realização de um passo do algoritmo, conseguimos resolver numericamente, via método de Euler, o valor aproximado da população de presas e predadores quando $t = 1$. Obedecendo à condição do tempo $0 \leq t \leq 150$ anos, podemos calcular o valor de x (presas) e y (predadores) para cada t_n (ano).

Na Tabela 4, podemos ver uma amostra dos valores simulados para a população de presas e predadores. Apesar da tabela contemplar um intervalo de apenas 16 anos, na Figura 12 contemplamos todo o intervalo de tempo.

Como não dispomos da solução analítica das equações de Lotka-Volterra (LOTKA, 1925;

Tempo	Presas	Predadores
00	20.000,0000	5.000,0000
01	21.000,0000	5.750,0000
02	22.770,0000	7.605,0000
03	23.843,6660	10.324,8340
04	23.678,9539	14.225,7959
05	21.699,1209	19.518,8401
06	17.659,0080	25.946,8931
07	12.199,8994	32.343,1140
08	6.922,5913	36.826,0906
09	3.279,2462	38.171,3449
10	1.427,4135	36.861,8923
11	647,8154	34.240,7839
12	327,1320	31.266,9519
13	185,0979	28.347,7172
14	115,8806	25.619,1825
15	7,9063	23.117,2577
16	5,8006	20.842,4015

Tabela 4: Valores de amostra da integração numérica do modelo predador presa (1.39) via método de Euler. Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com passo $h = 1$ ano.

VOLTERRA, 1926), não podemos comparar os resultados simulados com o da solução exata. Mas esperamos que a interação entre as duas espécies faça com que a população de predadores comece a crescer com o crescimento da população de presas e que assim que a população das presas comece a decair resulte em um decaimento da população dos predadores, como verificamos na Figura 12 obtido a partir da simulação numérica.

1.5.2 Integração Numérica Via Método Runge-Kutta

Pela simulação realizada na seção anterior, via método de Euler, a população inicial de 20.000 presas e 5.000 predadores aproximou-se no ano seguinte, $t_1 = 1$, para 21.000 presas e 5.750 predadores. Aplicaremos o método de Runge-Kutta a fim de encontrar os valores para as populações de predadores e presas no mesmo instante t utilizado no método de Euler.

Na subseção 1.3.2 introduzimos o método de Runge-Kutta implementado através da equação (1.16) encontrada na página 22 e que aqui repetimos para conveniência do leitor

$$y_{n+1} = y_n + h \left(\frac{A_{yn} + 2B_{yn} + 2C_{yn} + D_{yn}}{6} \right), \quad (1.45)$$

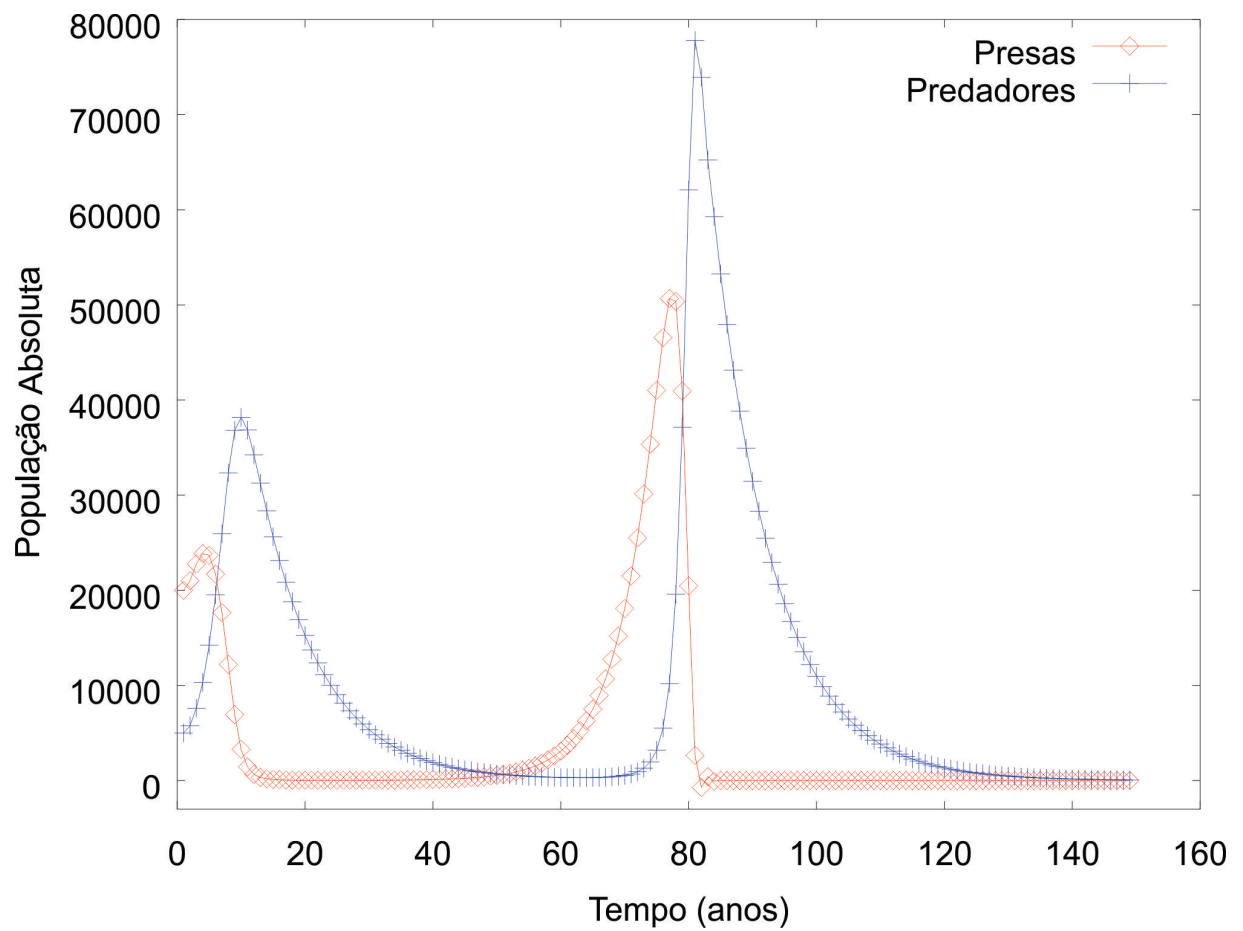


Figura 12: Gráfico da simulação numérica via método de Euler do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com passo $h = 1$ ano.

onde

$$\begin{aligned}
 A_{yn} &= f(t_n, y_n), \\
 B_{yn} &= f(t_n + h/2, y_n + (h/2)A_{yn}), \\
 C_{yn} &= f(t_n + h/2, y_n + (h/2)B_{yn}), \\
 D_{yn} &= f(t_n + h, y_n + hC_{yn}).
 \end{aligned} \tag{1.46}$$

Porém, o método apresentado resolve numericamente a dependência de apenas uma variável. Neste caso, o modelo apresenta um sistema acoplado com duas variáveis dependentes, x presas e y predadores. Generalizando (1.16) para o presente caso de sistema de duas equações diferenciais para as funções $x(t)$ e $y(t)$, obtemos

$$\begin{aligned}
 x_{n+1} &= x_n + h \left(\frac{A_{xn} + 2B_{xn} + 2C_{xn} + D_{xn}}{6} \right), \\
 y_{n+1} &= y_n + h \left(\frac{A_{yn} + 2B_{yn} + 2C_{yn} + D_{yn}}{6} \right),
 \end{aligned} \tag{1.47}$$

onde

$$\begin{aligned}
 A_{xn} &= f(t_n, x_n, y_n), \\
 B_{xn} &= f(t_n + h/2, x_n + (h/2)A_{xn}, y_n + (h/2)A_{yn}), \\
 C_{xn} &= f(t_n + h/2, x_n + (h/2)B_{xn}, y_n + (h/2)B_{yn}), \\
 D_{xn} &= f(t_n + h, x_n + hC_{xn}, y_n + hC_{yn}),
 \end{aligned} \tag{1.48}$$

e

$$\begin{aligned}
 A_{yn} &= g(t_n, x_n, y_n), \\
 B_{yn} &= g(t_n + h/2, x_n + (h/2)A_{xn}, y_n + (h/2)A_{yn}), \\
 C_{yn} &= g(t_n + h/2, x_n + (h/2)B_{xn}, y_n + (h/2)B_{yn}), \\
 D_{yn} &= g(t_n + h, x_n + hC_{xn}, y_n + hC_{yn}),
 \end{aligned} \tag{1.49}$$

sendo $n = 0, 1, 2, \dots, N$, f qualquer função de x em relação a t , g alguma função de y em relação a t e $A_{xn}, B_{xn}, C_{xn}, D_{xn}, A_{yn}, B_{yn}, C_{yn}$ e D_{yn} os valores das derivadas em pontos diferentes. Calculados, podemos resolver os valores para x_{n+1} e y_{n+1} .

Vale lembrar que todo cálculo de $(A_{xn}, B_{xn}, C_{xn}, D_{xn})$ e $(A_{yn}, B_{yn}, C_{yn}, D_{yn})$ deve ser realizado em um único passo (h) do algoritmo.

Consideraremos as mesmas condições iniciais em (1.39) de 20.000 presas ($x_0 = 20.000$) e 5.000 predadores ($y_0 = 5.000$) em um intervalo de tempo de 150 anos ($0 \leq t \leq 150$) e o passo

$h = 1$ unidade de tempo.

O primeiro passo é calcular os valores das equações $f(t, x, y)$ e $g(t, x, y)$ que recebem como parâmetros os valores iniciais de $x_0 = 20.000$ presas e $y_0 = 5.000$ predadores. Estes valores já foram calculados em (1.40), página 43, onde $f(t_0, y_0, x_0) = 1.000$ e $g(t_0, y_0, x_0) = 750$.

Os valores de A_{x0} e A_{y0} , segundo as equações descritas em (1.49), foram obtidos da seguinte forma

$$\begin{aligned} A_{x0} &= f(t_0, x_0, y_0), \\ A_{y0} &= g(t_0, x_0, y_0), \end{aligned} \quad (1.50)$$

sendo $n = 0$. Observe que as equações (1.39) da página 42 não possuem a variável t explicitamente na fórmula.

Na sequência, para o cálculo das variáveis (B_{x0}, B_{y0}) , encontraremos os valores das funções $f(t, x, y)$ e $g(t, x, y)$ em (1.39) recebendo como parâmetros os valores de x_0 e y_0 acrescidos dos valores calculados das variáveis (A_{x0}, A_{y0}) respectivamente, multiplicado cada termo por $h/2$. Ficando assim

$$\begin{aligned} B_{x0} &= f(t, x_0 + (h/2)A_{x0}, y_0 + (h/2)A_{y0}), \\ B_{y0} &= g(t, x_0 + (h/2)A_{x0}, y_0 + (h/2)A_{y0}), \end{aligned} \quad (1.51)$$

A_{x0} e A_{y0} são os valores já calculados e $h = 1$ é o tamanho do passo utilizado na integração.

Similarmente, a mesma sequência é seguida para o cálculo das variáveis (C_{x0}, C_{y0}) e (D_{x0}, D_{y0}) utilizando o mesmo passo de integração h no mesmo instante t .

Para encontrar os valores numéricos das populações dos predadores e das presas via método de Runge-Kutta para $t = 1$, calculamos os valores de x_1 e y_1 dados por (1.47). Os valores encontrados para $t = 1$ utilizando este método foram $x(1) = 20.940,7$ para a população de presas e $y(1) = 5.837,2$ para a população de predadores. Pelo método de Euler, os valores encontrados foram $x(1) = 21.000$ para a população de presas e $y(1) = 5.750$ para a população de predadores. Repetindo todos estes passos sucessivamente desde $n = 1$ até $N = 150$, ou seja, até o instante final considerando $t_{150} = 150$ anos, encontraremos os valores numéricos aproximados das populações x e y .

Feito isso, conseguimos obter numericamente, via método de Runge-Kutta, os valores aproximados das populações de predadores e presas. Na Tabela 5, podemos ver uma amostra dos

Tempo	Presas	Predadores
00	20.000,0000	5.000,0000
01	20.940,7508	5.837,1808
02	22.566,8006	7.829,3379
03	23.357,7759	10.749,2893
04	22.769,4820	14.865,1542
05	20.359,8534	20.214,1415
06	16.197,0332	26.252,0891
07	11.167,2665	31.711,4396
08	6.633,9631	35.159,9366
09	3.516,5652	36.004,4317
10	1.794,3948	34.802,7986
11	949,1282	32.534,0745
12	540,3839	29.901,8391
13	333,9030	27.254,0206
14	222,8989	24.734,9872
15	159,4402	22.397,0442
16	0,1212	20.253,2262

Tabela 5: Valores de amostra da integração numérica via método de Runge-Kutta do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com incremento $h = 1$ ano

valores calculados para estas populações.

Podemos analisar os dados gerados em toda simulação na Figura 13. Assim como na resolução via método de Euler, a interação entre as duas espécies fez com que a população de predadores crescesse enquanto a população das presas decaísse, resultando posteriormente em um decaimento da população dos predadores.

Como citado anteriormente, não dispomos de solução analítica para as equações de Lotka-Volterra, portanto não podemos comparar os resultados obtidos na resolução numérica com os dados da solução exata. Mas, naturalmente, podemos comparar os resultados das simulações realizadas pelos métodos de Euler e de Runge-Kutta. Na Figura 14 plotamos os valores simulados para a população de presas via os dois métodos de integração discutidos.

Constatamos que o comportamento qualitativo dos dois gráficos é bastante similar. Contudo, conforme o tempo t aumenta, observamos uma diferença mais significativa entre os dois métodos, resultado que podemos atribuir ao erro de truncamento total (ETG) acumulado. Embora existam métodos que apresentem uma boa precisão, os métodos numéricos sempre apresentarão erros quando comparados com as soluções exatas obtidas de uma solução analítica. Na discussão sobre erros decorrentes de métodos numéricos, é útil lembrar a aplicação prática da

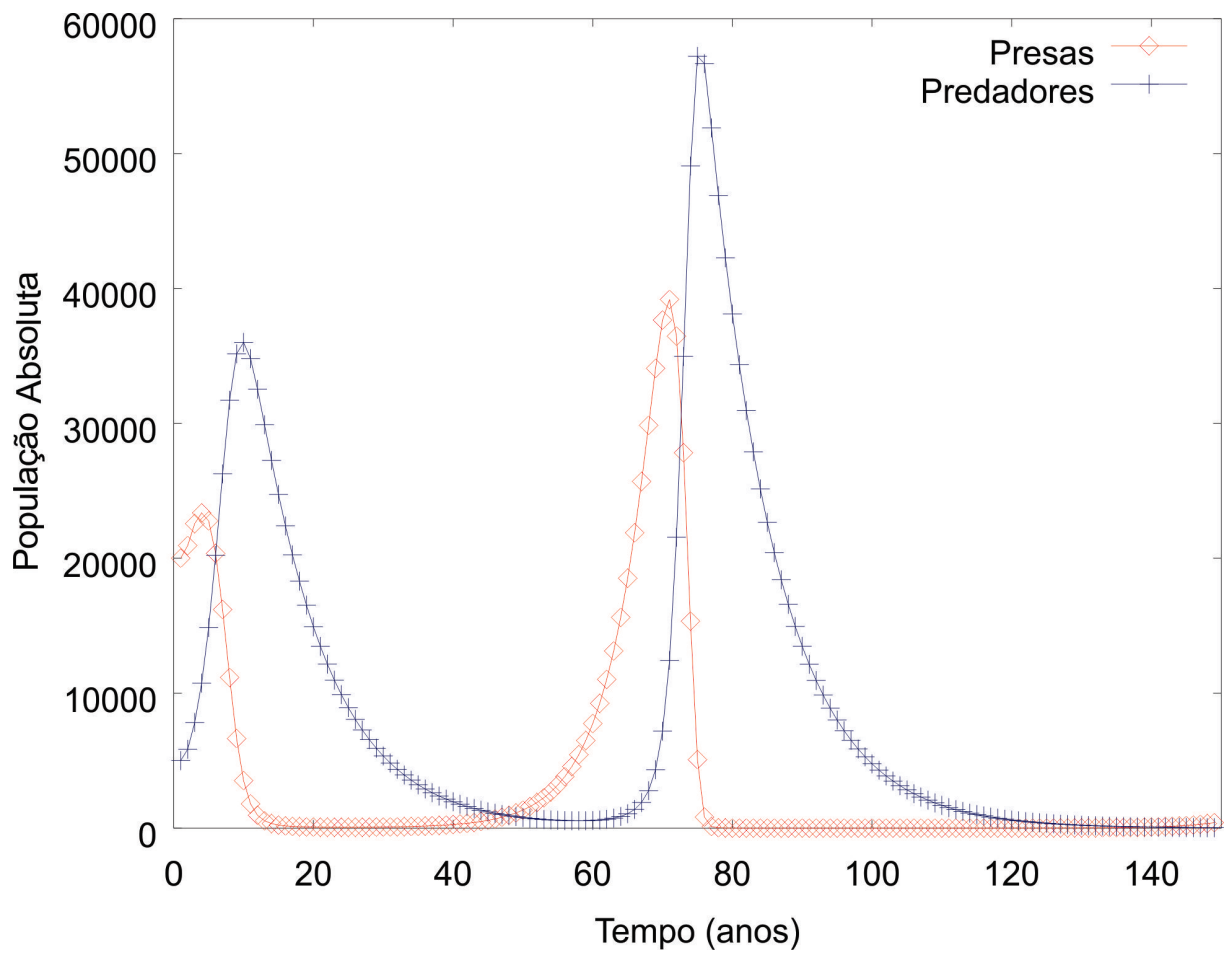


Figura 13: Gráfico da simulação numérica em sistemas via método de Runge-Kutta do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com incremento $h = 1$ ano.

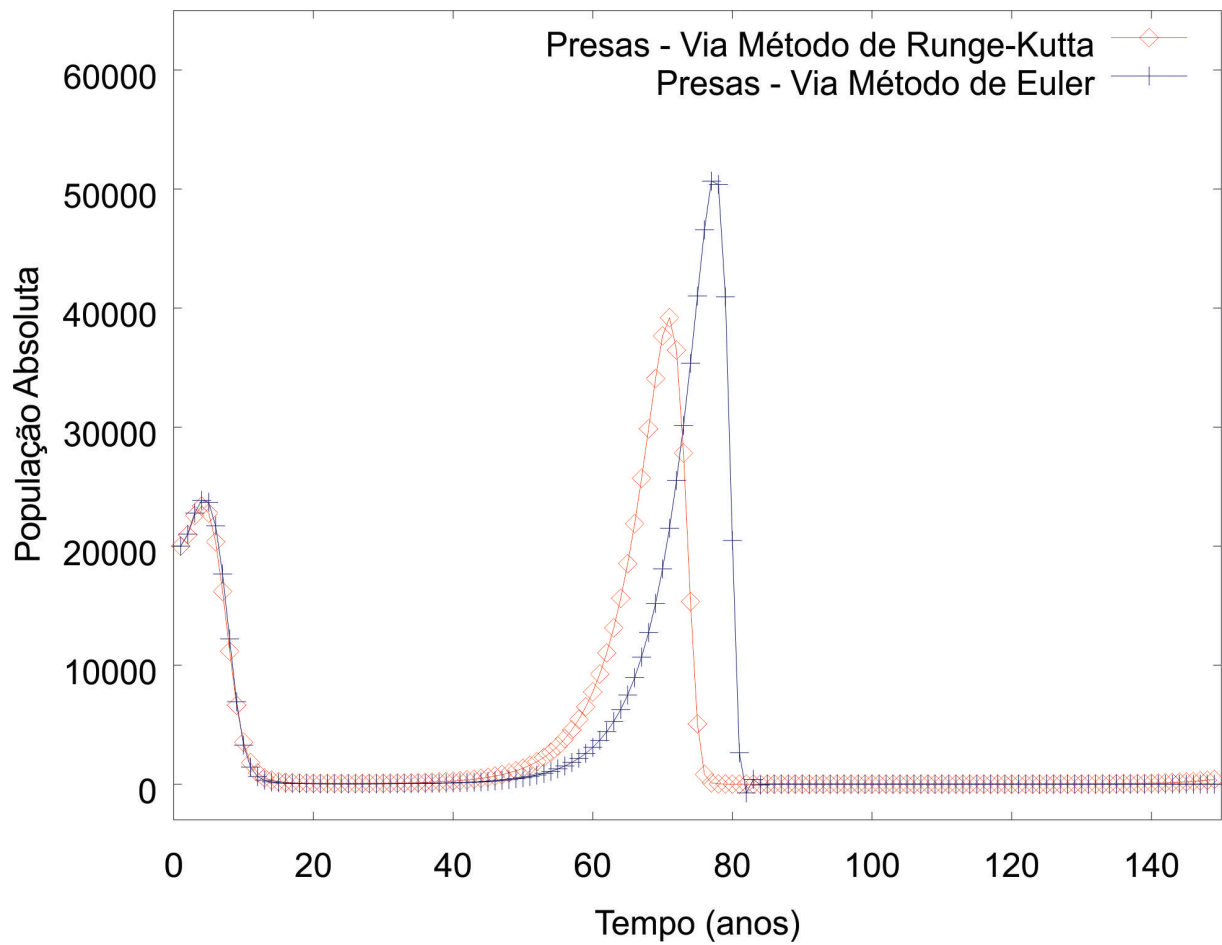


Figura 14: Gráfico comparativo da simulação numérica do número de presas realizada via método de Euler e Runge-Kutta do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com incremento $h = 1$ ano.

série de Taylor

$$y(t+h) = y(t) + hy'(t) + \frac{h^2}{2!}y''(t) + \frac{h^3}{3!}y'''(t) + \frac{h^4}{4!}y^{(4)}(t) + \dots \quad (1.52)$$

Como não é possível computar todos os termos, consideramos apenas um número finito deles truncando a série no n -ésimo termo. O método de Euler é uma aproximação à solução $y(t)$ por uma série de Taylor próximo ao ponto $y_0 = y(t_0)$ truncado no segundo termo. Então, o erro de truncamento para o método de Euler é dado por

$$E_y = \frac{h^2}{2!}y''(\xi), \quad (1.53)$$

onde $t < \xi < t+h$. Podemos afirmar que o método de Euler sofre com o erro local de truncamento citado e pelo fator de propagação deste erro, uma vez que as aproximações, em cada iteração, dependem dos valores das aproximações calculadas anteriormente. Uma maneira de reduzir estes erros é diminuir o valor do passo h , porém, dependendo da aplicação, isso aumentaria o esforço computacional (SPERANDIO; MENDES; SILVA, 2003).

Com o método de Runge-Kutta de 4^a ordem o truncamento é no quinto termo. Então, o erro de truncamento para este método é dado por

$$E_y = \frac{h^5}{5!}y^{(5)}(\xi). \quad (1.54)$$

Portanto o método de Runge-Kutta tem um erro de truncamento local menor que o erro no método de Euler (SPERANDIO; MENDES; SILVA, 2003).

Na tentativa de minimizar esse erro, realizamos uma nova simulação numérica para a população de presas. Utilizamos os métodos de Euler e de Runge-Kutta no modelo (1.39) diminuindo o passo de integração de $h = 1$ para $h = 0,1$. Na Figura 15, percebemos que a redução do passo de integração alterou o comportamento da sua solução numérica, inclusive, aproximando o resultado obtido pelos dois métodos. Após diversas simulações, com passos diferentes e menores, percebemos que as soluções tanto pelo método de Euler quanto pelo método de Runge-Kutta não apresentavam diferenças visuais significativas quando adotados $h \leq 0,01$. Sendo assim, é comum, na busca de melhores soluções ao modelo, diminuirmos o tamanho do passo de integração.

Utilizando h suficientemente pequeno $h = 0,001$, obtemos o gráfico da Figura 16 mais preciso em substituição ao gráfico da Figura 12, página 45. Sabemos que quanto menor o passo utilizado mais precisamos de esforço computacional que nem sempre está disponível ao pesquisador.

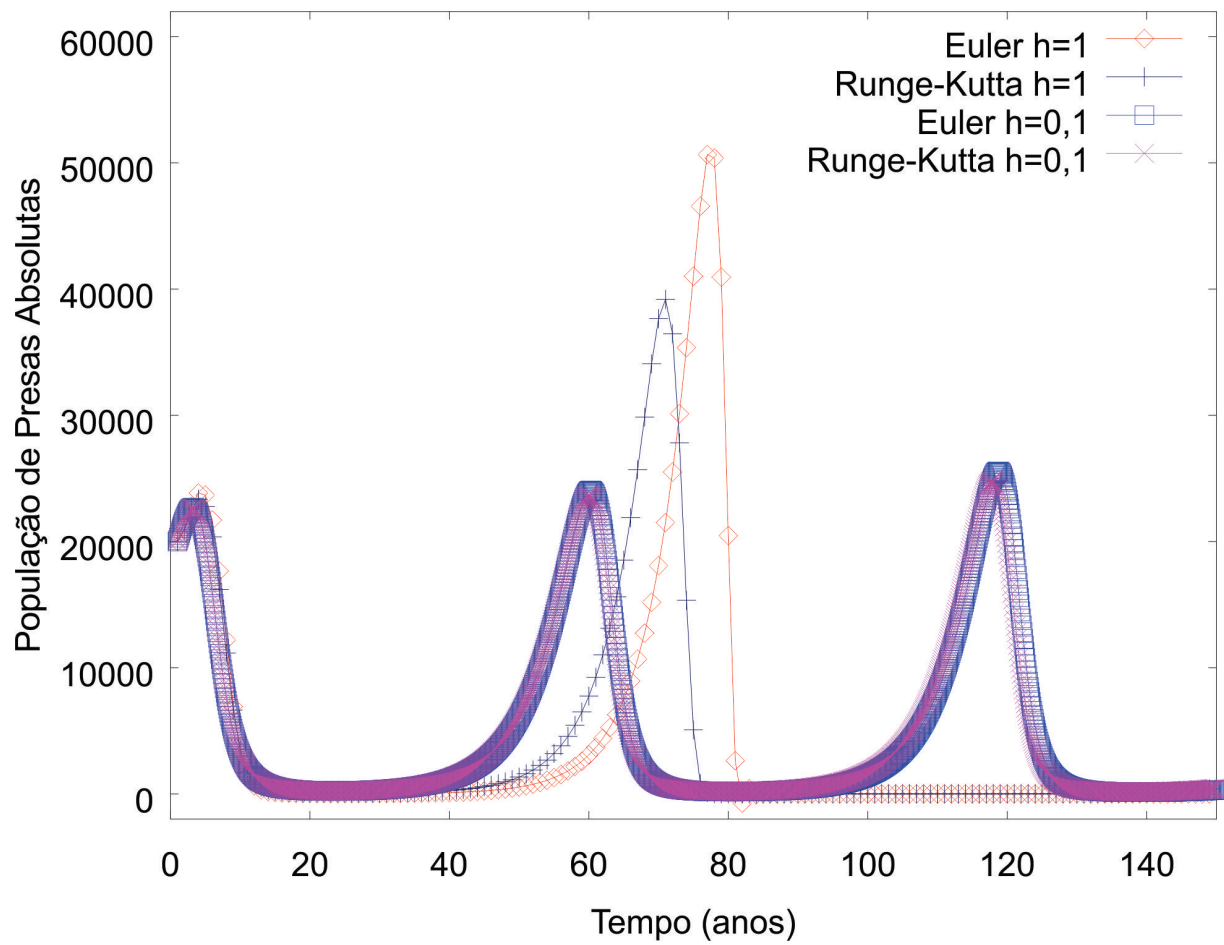


Figura 15: Gráfico comparativo da simulação numérica do número de presas realizada via método de Euler e Runge-Kutta do modelo predador-presa (1.39). Dado $x_0 = 20.000$ presas, $y_0 = 5.000$ predadores e $t_0 = 0$ com incremento $h = 0,1$ ano.

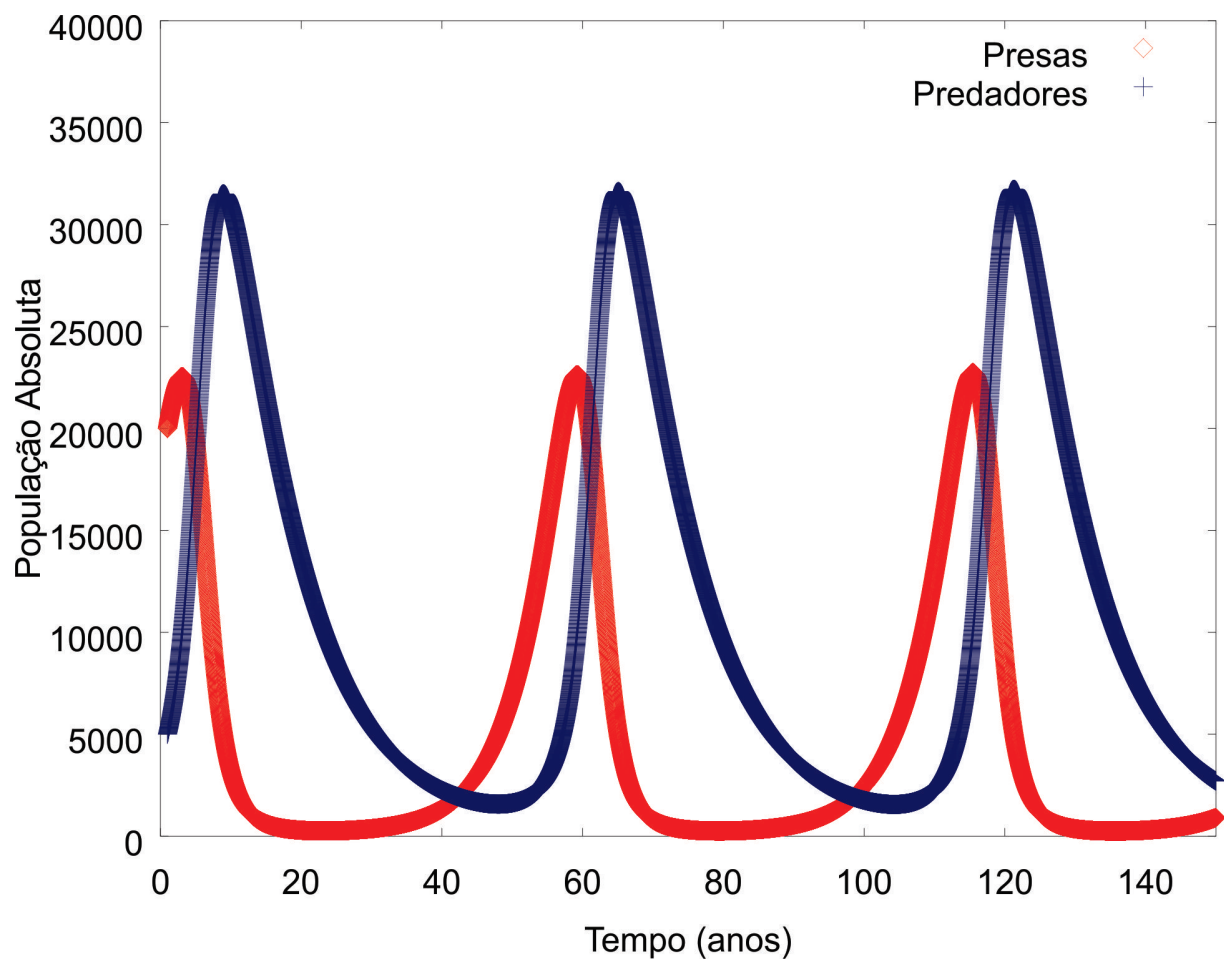


Figura 16: Gráfico da solução numérica via método de Runge-Kutta do modelo predador - presa utilizando h suficientemente pequeno $h = 0,001$.

2 Modelo SIR Generalizado Aplicado a Epidemiologia de Dengue em Microrregião Brasileira

SANTOS, Djan A. THIBES, Ronaldo Silva: Modelo SIR Generalizado Aplicado a Epidemiologia de Dengue em Microrregião Brasileira. Itapetinga - BA: UESB, 2012.

Resumo: A dengue é uma doença transmitida por vetores com um dos mais altos graus de infecção no mundo, requerendo assim estudos descritivos confiáveis para controlar seu quadro epidemiológico. Mais da metade do número de casos encontra-se nas Américas Central e do Sul onde o *Aedes aegypti* é o maior transmissor desse vírus. Tais fatos naturalmente atraem o interesse de pesquisadores e organizações nacionais e internacionais de saúde pública e coletiva. Sendo este, um problema claramente interdisciplinar, em que a matemática tem contribuído significativamente através da geração de modelos. Neste trabalho será analisado a dinâmica das populações envolvidas no problema de transmissão da dengue via contato direto vetor infectado versus humano susceptível através de sistemas de equações diferenciais ordinárias. Estudaremos também uma generalização do Modelo SIR envolvendo uma população total de humanos fixa e uma população de vetores variável, subdivididas em classes SIR, onde discutido o controle da população vetorial através da determinação de condições de limiar para a existência ou não de pontos de equilíbrio estáveis ou instáveis com vistas a caracterizar situações de epidemia. O modelo será aplicado ao estudo de uma microrregião brasileira com alto grau de incidência da doença efetuando simulações numéricas via método de Runge-Kutta de 4^a ordem implementado em linguagem de programação C.

Palavras-chave: Biomatemática, Métodos Numéricos, Modelagem Matemática, Modelo SIR, Dengue

SIR Generalized Model Applied Epidemiology of Dengue in Brazilian Microregion

SANTOS, Djan A. THIBES, Ronaldo Silva: SIR Generalized Model Applied Epidemiology of Dengue in Brazilian Microregion. Itapetinga - BA: UESB, 2012.

Abstract: *Dengue is a disease transmitted by vectors with one of the highest infection degrees in the world, thus requiring descriptive studies trusted to control its epidemiological profile. More than half the number of cases are found in Central and South America where the *Aedes aegypti* is the major transmitter of the virus. Such facts naturally attract the interest of researchers and national and international public health organizations. This is clearly an interdisciplinary problem and the field of mathematics has contributed significantly by generating models. In this paper, we analyze the dynamics of the populations involved in the problem of dengue transmission via direct contact between the infected vector and the susceptible human by systems of ordinary differential equations. A generalization of the SIR model involving a total population of fixed humans and a variable vector population, subdivided into SIR classes is studied. We discuss the control of the vector population by determining the threshold conditions for the existence of stable or unstable equilibrium points in order to characterize epidemic situations. A SIR model was used in the study of a microregion Brazilian with high incidence of the disease by performing numerical simulations via fourth-order Runge-Kutta implemented in C language.*

Keywords: *Biomathematics, Numerical Methods, Mathematical Modeling, Model SIR, Dengue*

2.1 Introdução

A dengue é considerada um dos maiores problemas de saúde pública no mundo. O vírus é transmitido pelo mosquito *Aedes aegypti*, originário da África, onde se domesticou e se adaptou ao ambiente urbano. Nas Américas é o maior transmissor da doença com importância epidemiológica.

Desde a metade da década de 90, os países das Américas Central e do Sul passaram a contribuir com muito mais da metade dos casos notificados da doença no mundo. Em 2010 foram detectados 1,8 milhão de casos de dengue em toda a América Latina, acarretando 1.167 óbitos, comprovando a característica endêmica da doença (OPS..., 2012). Entre os países que mais registraram surtos estiveram Brasil, Colômbia, Guatemala, Honduras, Nicarágua, México, Porto Rico, República Dominicana, Venezuela, além de países e territórios do Caribe (OPS..., 2012). Entre 1º de janeiro e 3 de março de 2012, foram registrados 76.906 casos da doença no Brasil (SVS..., 2013).

Os estudos sobre a disseminação da doença indicam que fatores ambientais como temperatura e precipitação pluviométrica aliados a potenciais criadouros (recipientes que podem acumular água) e a disponibilidade de sangue (em geral de humanos) são de grande importância na atividade do mosquito, e, conseqüente disseminação da doença. A transmissão se dá pela picada da fêmea do mosquito *Aedes aegypti* no homem, pois ela precisa do sangue humano para maturação de seus ovos e acaba introduzindo o vírus pela sua saliva.

A primeira epidemia de dengue identificada no Brasil aconteceu no estado de Roraima, nos idos de 1982, possivelmente oriundo de países que fazem fronteira com o país naquela região. O Brasil é um dos países mais atingidos pela dengue, a cada ano os casos se multiplicam. Um exemplo concreto foi a epidemia de 2008 que aconteceu na cidade do Rio de Janeiro e em diversos municípios daquele estado, mais de 240.000 casos da DF (*Dengue Fever* - Dengue Clássica) foram notificados, mais de 11.000 hospitalizações, 1.364 casos de DHF (*Dengue Haemorrhagic Fever* - Dengue Hemorrágica), 169 óbitos confirmados e mais de 150 casos investigados e sem conclusão.

Atualmente, o mosquito *Aedes aegypti* encontra-se disseminado por praticamente todo o território nacional e três dos quatro sorotipos existentes do vírus (DENV-1, DENV-2 e DENV-3) estão ativos no Brasil¹ (FERREIRA, 2009). O quadro epidemiológico tem se caracterizado como epidemias recorrentes, mais visíveis nos grandes centros urbanos. As ações de controle existentes, além de custosas, têm se mostrado ineficientes, principalmente devido à explosão

¹Alguns casos isolados já foram registrados do DENV-4 no Brasil (SVS..., 2013).

populacional desorganizada e às más condições de vida da maioria da população em países como o Brasil. Neste cenário, visando entender os mecanismos de transmissão da doença, bem como compreender e dominar seus processos endêmicos, realizaremos o estudo de um modelo matemático de equações diferenciais ordinárias, chamado Modelo SIR, proposto originalmente por Kermack e McKendrick em 1927 (KERMACK; MCKENDRICK, 1927). Na literatura recente, encontra-se novas propostas de modelos matemáticos para o problema (YANG; FERREIRA, ; STEVA; VARGAS, 1998; LI; MULDOWNNEY, 1995; FERREIRA, 2009; PINHO et al., 2010).

Apoiando-se em um modelo susceptível-infectado-recuperado (SIR) generalizado, efetivamos uma análise da dinâmica das populações envolvidas (humanos e mosquitos) no problema da transmissão da dengue (SANTOS; THIBES, 2012a, 2012b, 2013b). Discutimos o controle da população vetorial através da determinação de condições de limiar para a existência ou não de pontos de equilíbrio estáveis ou instáveis com vistas a caracterizar situações de epidemia. Aplicamos o modelo a uma microrregião brasileira com alto grau de incidência da doença (SANTOS; THIBES, 2012a, 2012b, 2013b).

2.2 O Modelo Matemático

A transmissão do vírus da dengue se dá pela picada de um mosquito infectado a um ser humano exposto à doença. O modelo matemático que será discutido aqui foi proposto por Steva e Vargas (STEVA; VARGAS, 1998). Este modelo pode representar a transmissão da doença para um dos quatro tipos possíveis da dengue.

A população humana da região de estudo N_H , para efeito deste modelo de transmissão da dengue, é subdividida em três subconjuntos determinados pelas seguintes variáveis: Susceptíveis (\bar{S}_H), qualquer ser humano que não está infectado pela doença; Infectados (\bar{I}_H), humanos portadores do vírus, capaz de transmiti-los aos mosquitos; e Removidos (\bar{R}_H), indivíduos que contraíram o vírus e se tornaram imunes àquele sorotipo. Portanto, temos o vínculo

$$N_H = \bar{S}_H + \bar{I}_H + \bar{R}_H. \quad (2.1)$$

Em relação à população de vetores transmissores N_V , nesse caso, os mosquitos, serão considerados apenas dois subconjuntos determinados pelas variáveis: Susceptíveis (\bar{S}_V), mosquito hospedeiro que pode estar na fase aquática ou adulto; e Infectantes (\bar{I}_V), portador do vírus e capaz de transmiti-lo, satisfazendo

$$N_V = \bar{S}_V + \bar{I}_V. \quad (2.2)$$

Não contemplamos a possibilidade de recuperação para o mosquito. Supõe-se ainda que a população humana N_H é constante, determinada pela relação entre nascimentos e mortes, dada por μ_H . Para a população do vetor serão consideradas uma taxa de incremento A e uma taxa de mortalidade μ_V .

Na ausência do elemento humano, descreve-se a dinâmica populacional do vetor através da equação diferencial de primeira ordem $N_V' = A - \mu_V N_V$, cuja solução tende exponencialmente para o equilíbrio em A/μ_V .

A quantidade de picadas realizadas pelo mosquito por dia varia dependendo de condições climáticas, quanto maior a temperatura maior será a probabilidade de picadas do mosquito, este parâmetro será considerado constante e igual a b .

O mosquito transmissor da doença pode realizar picadas em mamíferos que não sejam humanos, então, será definido m como a quantidade de diferentes hospedeiros alternativos, tais como, vacas, cachorros, gatos, entre outros. Assim, $N_H + m$ é o total de hospedeiros disponíveis para o vetor.

As probabilidades de um humano receber picadas por unidade de tempo por mosquito e do mosquito picar um humano por unidade de tempo por mosquito são dadas respectivamente por:

$$\frac{bN_V}{(N_H + m)} \text{ e } \frac{bN_H}{(N_H + m)}. \quad (2.3)$$

A partir dessas equações podemos determinar as taxas de infecção por humanos e vetores susceptíveis, respectivamente iguais a

$$\frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{I}_V \text{ e } \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{I}_H. \quad (2.4)$$

Aqui β_H e β_V representam as probabilidades de transmissão da doença em humanos a partir do vetor infectado e em vetores a partir de humanos infectados respectivamente. Definimos ainda γ_H como a taxa de recuperação ou imunização dos humanos.

Considerando a interação entre humanos e vetores, o modelo é constituído por um sistema de cinco equações diferenciais ordinárias acopladas

$$\begin{aligned} \bar{S}_H' &= \mu_H N_H - \frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{S}_H \bar{I}_V - \mu_H \bar{S}_H, \\ \bar{I}_H' &= \frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{S}_H \bar{I}_V - (\mu_H + \gamma_H) \bar{I}_H, \\ \bar{R}_H' &= \gamma_H \bar{I}_H - \mu_H \bar{R}_H, \\ \bar{S}_V' &= A - \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{S}_V, \end{aligned}$$

$$\bar{I}'_V = \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{I}_V, \quad (2.5)$$

definidas sobre o espaço de configurações $(\bar{S}_H, \bar{I}_H, \bar{R}_H, \bar{S}_V, \bar{I}_V)$ respeitando o vínculo (2.1).

Observe que as equações $N_H = \bar{S}_H + \bar{I}_H + \bar{R}_H$ e $\bar{S}_V + \bar{I}_V = \frac{A}{\mu_V}$ definem um subespaço \mathcal{T} , sendo que qualquer solução iniciada em \mathcal{T} satisfaz as condições

$$\bar{S}'_H(t) + \bar{I}'_H(t) + \bar{R}'_H(t) = \bar{S}'_V(t) + \bar{I}'_V(t) = 0. \quad (2.6)$$

A partir das variáveis populacionais absolutas em (2.5) definimos as populações relativas

$$S_H = \frac{\bar{S}_H}{N_H}, I_H = \frac{\bar{I}_H}{N_H}, R_H = \frac{\bar{R}_H}{N_H}, S_V = \frac{\bar{S}_V}{A/\mu_V}, I_V = \frac{\bar{I}_V}{A/\mu_V}. \quad (2.7)$$

Considerando $R_H = 1 - S_H - I_H$ e $S_V = 1 - I_V$, podemos reduzir o sistema descrito em (2.5) para um sistema tridimensional de EDO (Equações Diferenciais Ordinárias não lineares), dado por:

$$\begin{aligned} S'_H(t) &= \mu_H(1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V, \\ I'_H(t) &= b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H) I_H, \\ I'_V(t) &= b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} (1 - I_V) I_H - \mu_V I_V, \end{aligned} \quad (2.8)$$

válido no limite assintótico $N_V = A/\mu_V$. A dedução de (2.8) a partir de (2.5) encontra-se no Apêndice B.

2.3 Resultados e Discussões

Efetou-se uma simulação computacional do sistema (2.8), utilizando-se do método de integração numérica de Runge-Kutta de 4ª ordem (PRESS et al., 1992) em linguagem de programação C. Para realizar estas simulações do modelo, foram utilizados alguns parâmetros obtidos a partir da literatura conforme mostra a Tabela 6.

As simulações computacionais numéricas aplicou-se para populações reais de municípios da microrregião de Itapetinga-BA.

O Município de Itapetinga está localizado no sudoeste baiano, situado a 268 metros acima do nível do mar. É a 24ª cidade mais populosa do estado e, segundo o censo 2010, possui aproximadamente 68 mil habitantes (IBGE..., 2012). O município, segundo o IBGE, ocupa uma

	Faixa Base	Faixa Usada	Fonte
β_H	0,75	0,75	Newton e Reiter(92)
β_V	1	1	Newton e Reiter(92)
γ_H	0,143 a 0,263 dias	0,143 a 0,3428 dias	Yang(2003)/Massad (2005)
μ_V	0,25 por dia	0,2 a 0,3 por dia	Esteva e Vargas (1998)
μ_H	0,0000457 por dia	457×10^{-7} a 957×10^{-7} /dia	Esteva e Vargas (1998)
b	0,5 por dia.mosquito	0,5 a 0,9 por dia.mosquito	Esteva e Vargas (1998)

Tabela 6: Parâmetros utilizados na simulação - SIR

área de $1.627,462 \text{ km}^2$ e a sua densidade demográfica é de 41.95 habitantes por km^2 . Itapetinga é uma das cidades mais urbanizadas da Bahia, pois 97% da população mora na área urbana e apenas 3% na área rural (IBGE..., 2012).

A microrregião de Itapetinga - BA envolve, além da sede, os municípios de Itororó, Ibi-
cuí, Iguai, Itambé, Macarani, Maiquinique, Potiraguá, Itarantim, Firmino Alves e Caatiba com
população total aproximada de 230.000 habitantes (DIRES, 2012).

Os gráficos foram plotados no Gnuplot, a partir de resultados da simulação computacional
numérica realizada pela nossa aplicação desenvolvida em linguagem C, buscando capturar o
número de Humanos Infectados (I_H) em toda a microrregião e em alguns municípios especí-
ficos. Nestes mesmos gráficos, foram plotados dados experimentais relativos à quantidade de
casos de dengue registrados na 14ª Dires - Diretoria Regional de Saúde do Estado da Bahia -
com sede em Itapetinga.

Na Figura 17 tem-se o resultado da simulação computacional para os valores de Humanos
Infectados (I_H) pela doença da dengue em toda microrregião de Itapetinga, comparado aos
valores de casos oficiais registrados na 14ª Dires. Além dos parâmetros já definidos na Tabela
6, ajustou-se alguns parâmetros do modelo, tais como, número de hospedeiros alternativos $m =$
30.000 habitantes e taxa de recrutamento do mosquito $A = 650.000$ vetores. A população total
é dada por $N_H = 225.530$ habitantes (IBGE..., 2012).

Na Figura 18 tem-se o resultado da simulação computacional para os valores de Humanos
Infectados (I_H) pela doença da dengue no município de Itapetinga, comparada com os valores de
casos oficiais registrados na 14ª Dires. Além dos parâmetros já definidos na Tabela 6, ajustou-
se alguns parâmetros do modelo, tais como, número de hospedeiros alternativos $m = 6.000$
habitantes e taxa de recrutamento do mosquito $A = 160.000$ vetores. A população total é dada
por $N_H = 64.580$ habitantes (IBGE..., 2012).

Por fim, nas Figuras 19 e 20 têm-se o resultado da simulação computacional para os valores

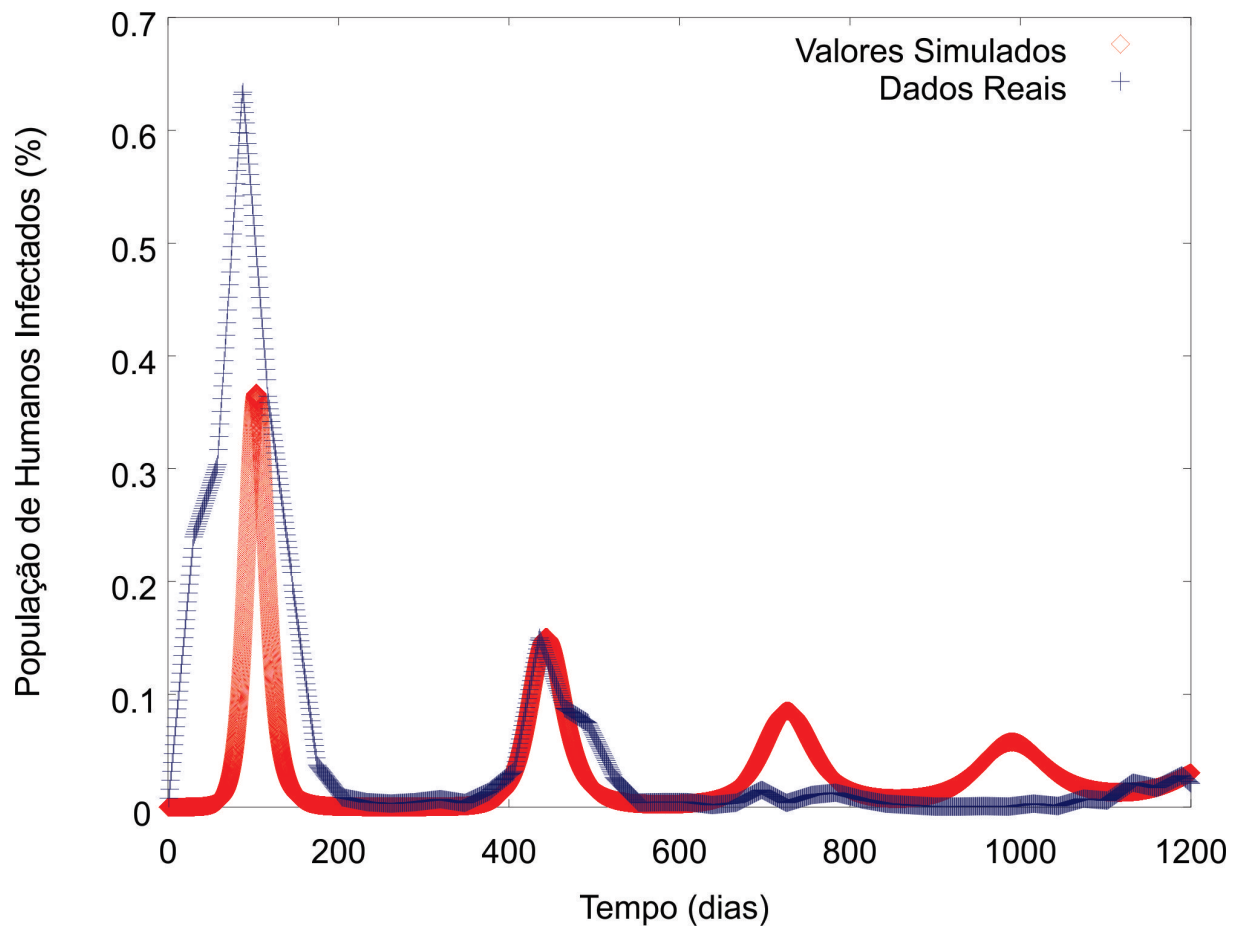


Figura 17: Simulação de humanos infectados na microrregião de Itapetinga-BA.

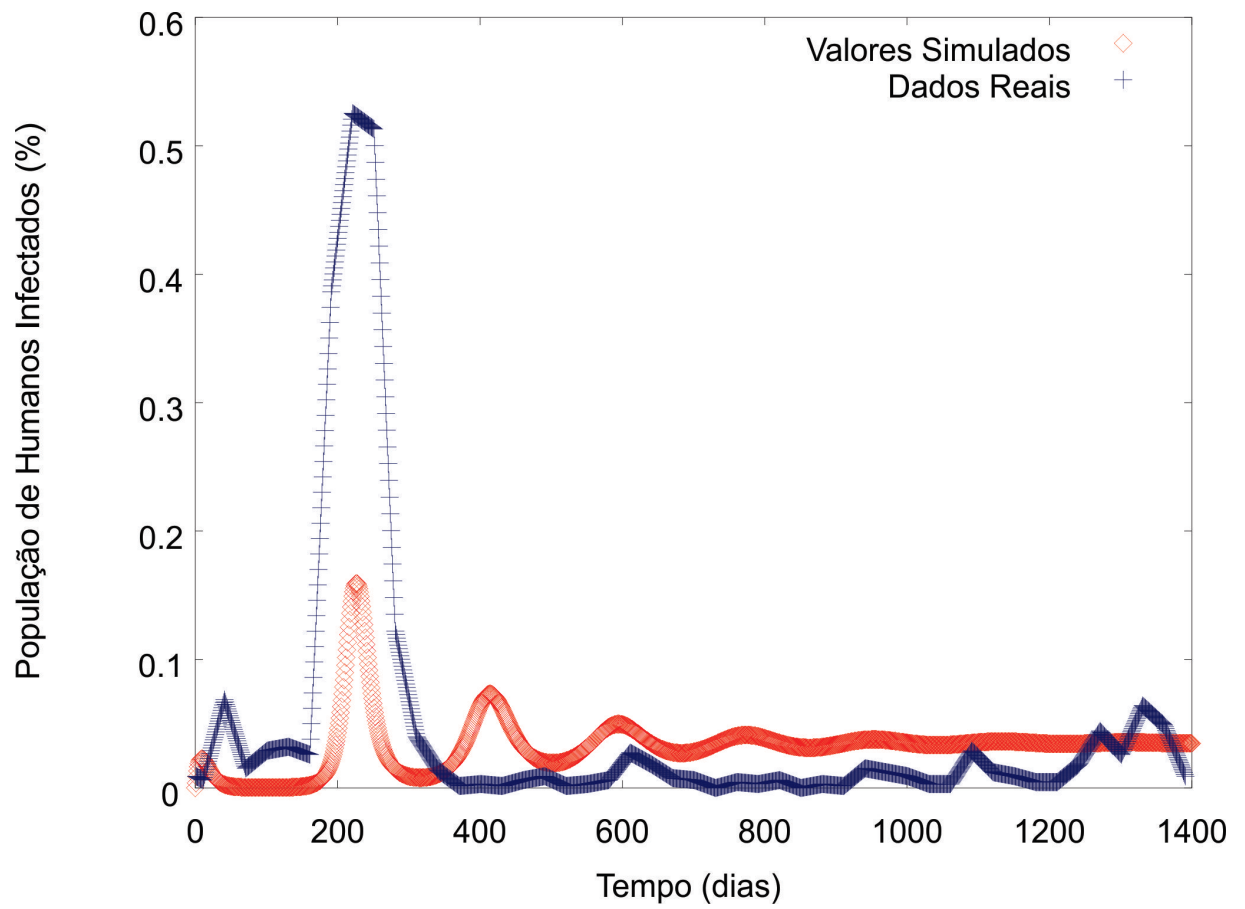


Figura 18: Simulação de humanos infectados no município de Itapetinga-BA.

de Humanos Infectados (I_H) pela doença da dengue nos municípios de Itororó e Iguai, também comparada com os valores de casos oficiais registrados na 14ª Dires. Além dos parâmetros já definidos na Tabela 6, ajustou-se alguns parâmetros do modelo. Para Itororó e Iguai temos respectivamente: População total $N_H = 19.914$ habitantes e $N_H = 25.705$ habitantes (IBGE..., 2012), número de hospedeiros alternativos $m = 4.000$ habitantes e $m = 2.000$ habitantes e taxa de recrutamento do mosquito $A = 125.000$ vetores por dia e $A = 45.000$ vetores por dia.

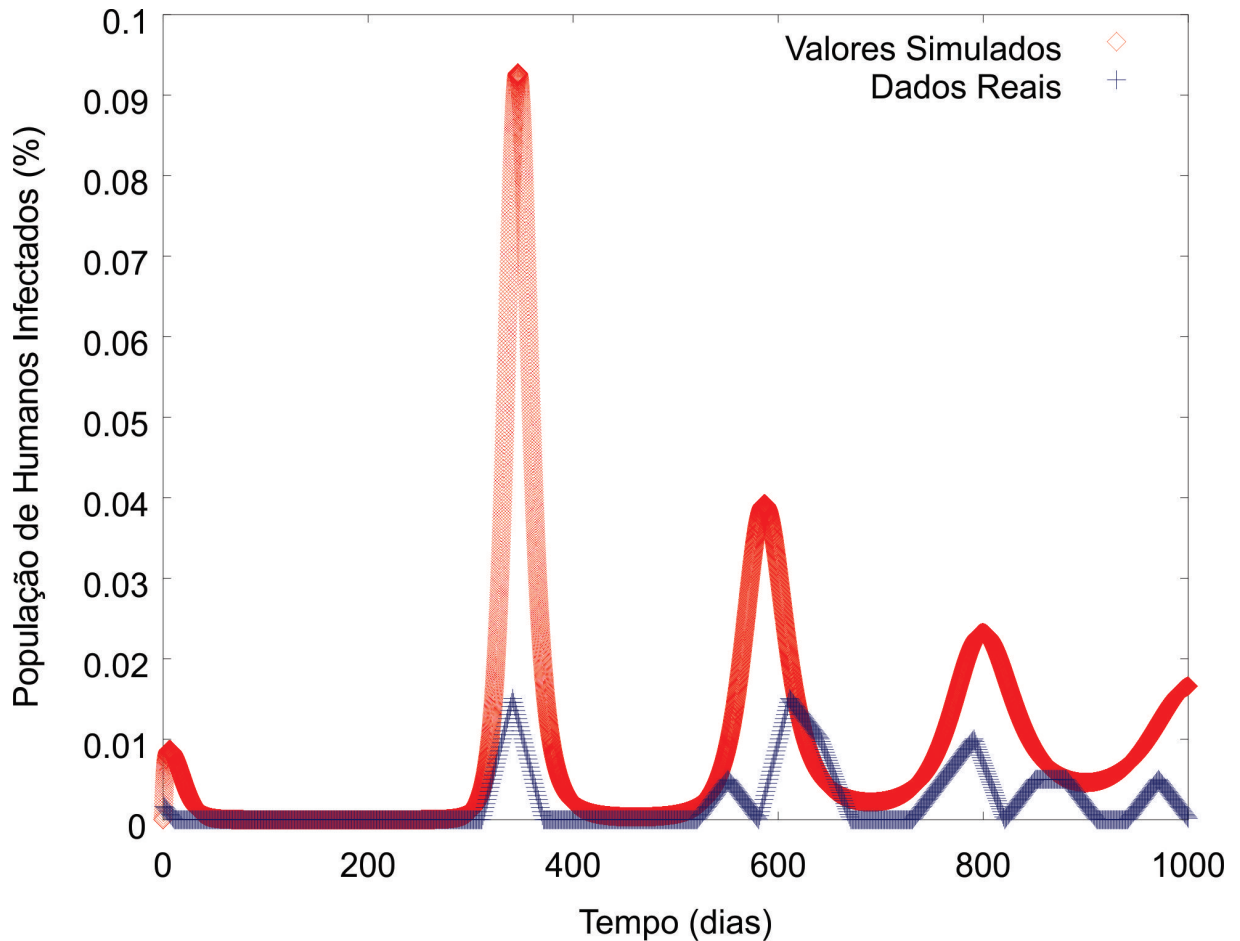


Figura 19: Simulação de humanos infectados no município de Itororó-BA.

Observa-se pelos gráficos apresentados que o comportamento epidemiológico qualitativo dos dados é evidentemente capturado pelo modelo. Nota-se também que quanto maior a população total do município ou microrregião, melhor o acordo entre o modelo e os dados experimentais. Isso se dá devido ao fato de que quanto menor seja a população de um município mais representativa será a incidência ou não de um único caso e, naturalmente, o modelo de equações diferenciais (2.8) pressupõe variáveis populacionais contínuas, gerando resultados melhores para N_H grande. Vale lembrar que os dados experimentais são os registrados pela 14ª Dires, o que evidentemente pode não representar a realidade dos fatos, haja visto que está sujeito a não notificação de algum caso e, conseqüentemente, o mesmo não esteja representado

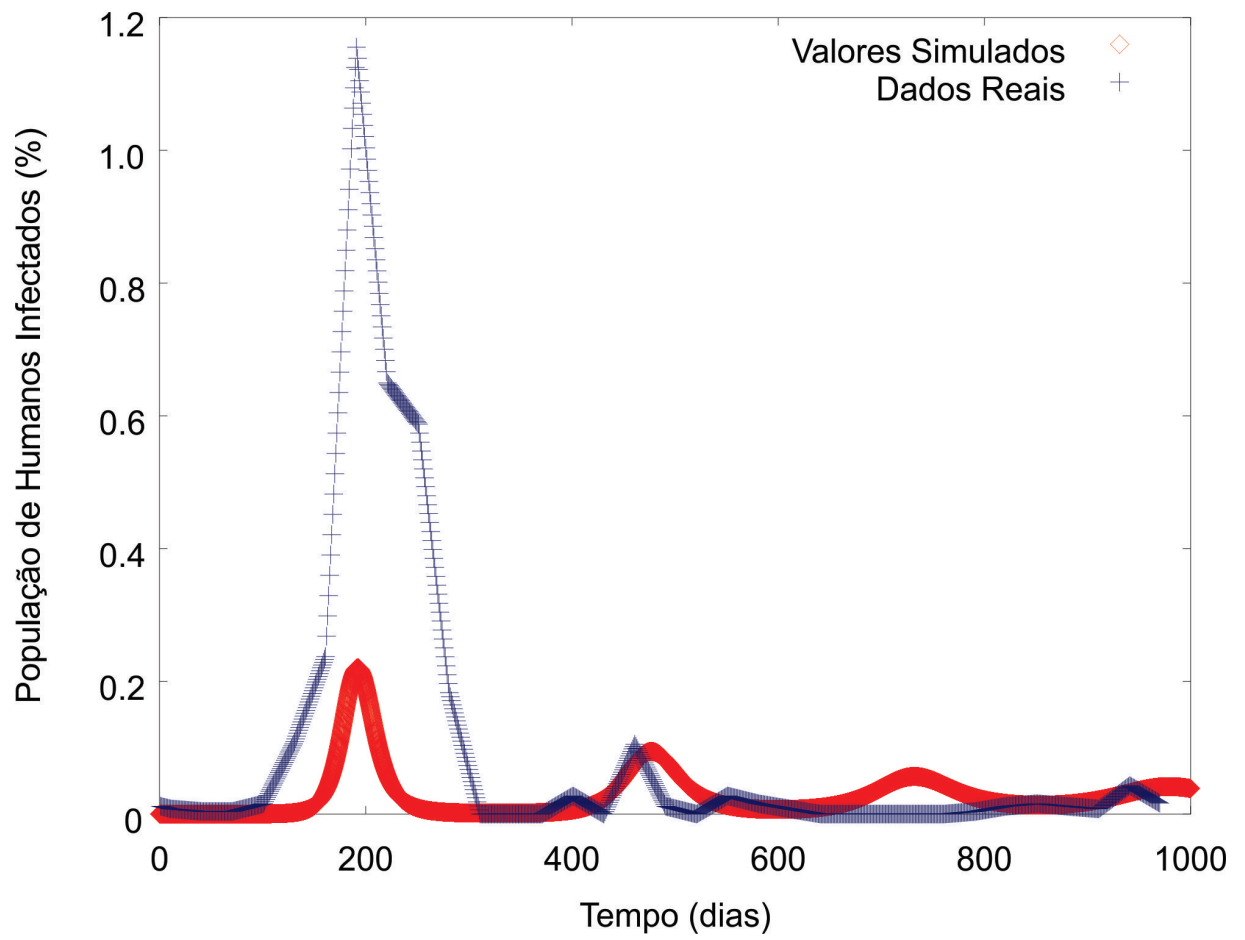


Figura 20: Simulação de humanos infectados no município de Iguai-Ba.

na amostra, gerando diferenças consideráveis.

Outros fatores que justificam as diferenças entre os dados simulados e os dados reais apresentados nos gráficos são a população e o clima. Estes parâmetros estão sendo considerados no modelo como constantes. Sabe-se que fatores migratórios, taxas de natalidade, taxas de mortalidade, entre outros, tornam variáveis o quantitativo populacional, assim como para o clima, percebem-se as diferenças registradas de pluviosidade e temperatura a cada ano.

Percebe-se nos gráficos o efeito da sazonalidade da dengue. Isso se dá, devido à maior incidência da doença do meio para o final do verão, época propícia, pois os ovos do *Aedes aegypti* são depositados pela fêmea em reservatórios de água, abundantes nesta época do ano, devido às chuvas rápidas de verão. E também devido às condições ideais de temperatura e umidade intensificando a atividade hematófaga do mosquito em relação aos mamíferos e, em especial, aos seres humanos.

Além dos humanos infectados (I_H), é possível analisar a população de vetores infectados (I_V) responsáveis pela quantidade de casos simulados para determinado período, porém, não é possível compará-los com dados reais, devido a inexistência dos mesmos e a dificuldade em mensurá-los.

Verifica-se na Figura 21 o mesmo efeito de sazonalidade para a infecção dos mosquitos. Estes dados foram obtidos a partir da simulação computacional realizada com os mesmos parâmetros da Figura 17.

Por fim, fez-se uma simulação da população de humanos susceptíveis (S_H) (Figura 22) capturada pelo modelo para a microrregião de Itapetinga, utilizando os mesmos parâmetros da Figura 17.

O uso de modelos matemáticos no processo de controle da doença aumenta a proximidade entre a teoria e a prática, tornando evidente a necessidade de desenvolvimento de tecnologias para controle de epidemias em acordo com os mesmos.

2.4 Pontos de Equilíbrio do Modelo

Para estudar os pontos de equilíbrio do modelo precisamos definir as condições biológicas do ambiente simulado. Consideramos que a região tem uma população relativa de humanos susceptíveis (S_H) e infectados (I_H) maior que zero e uma população relativa de vetores infectados

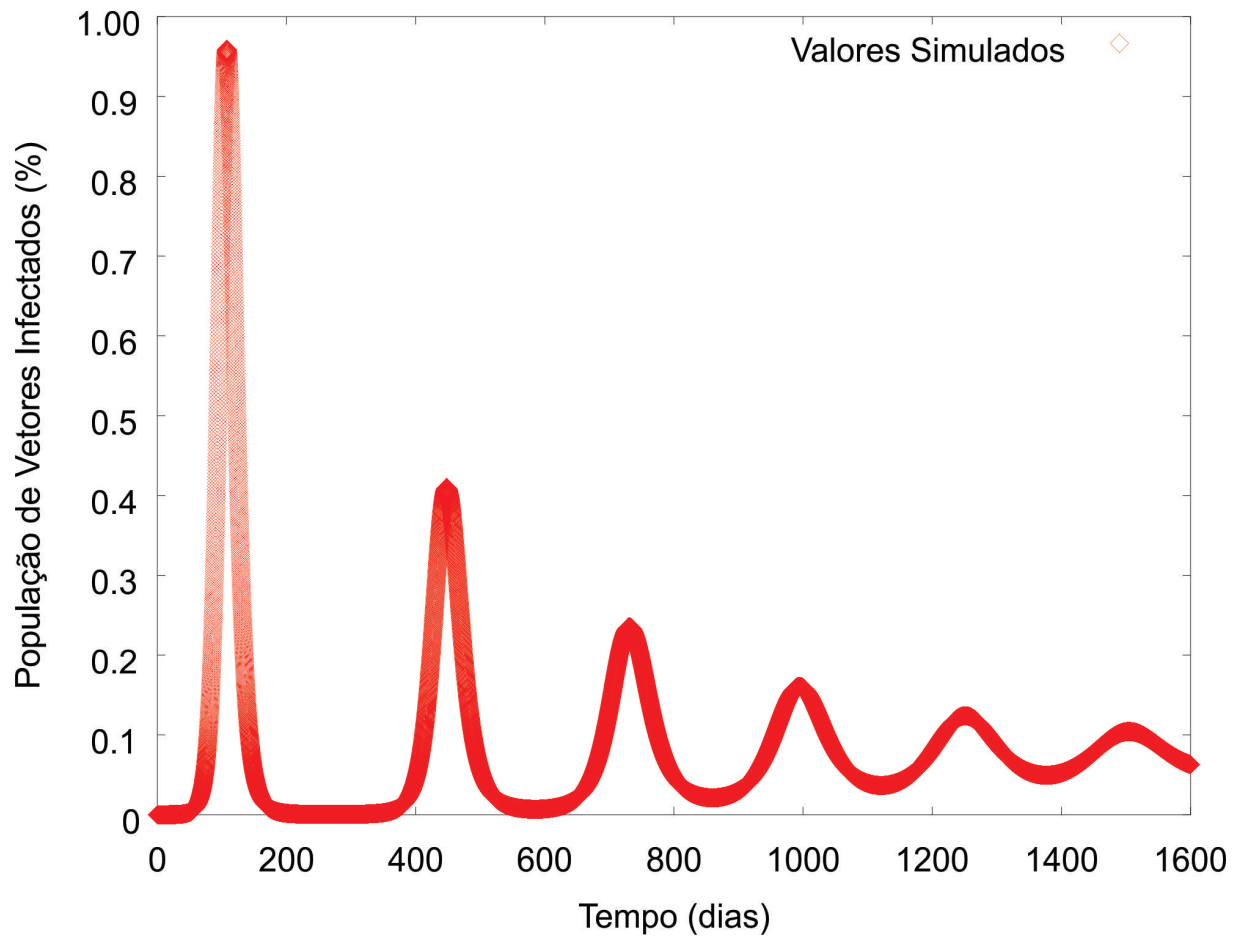


Figura 21: Simulação de vetores infectados na microrregião de Itapetinga-BA.

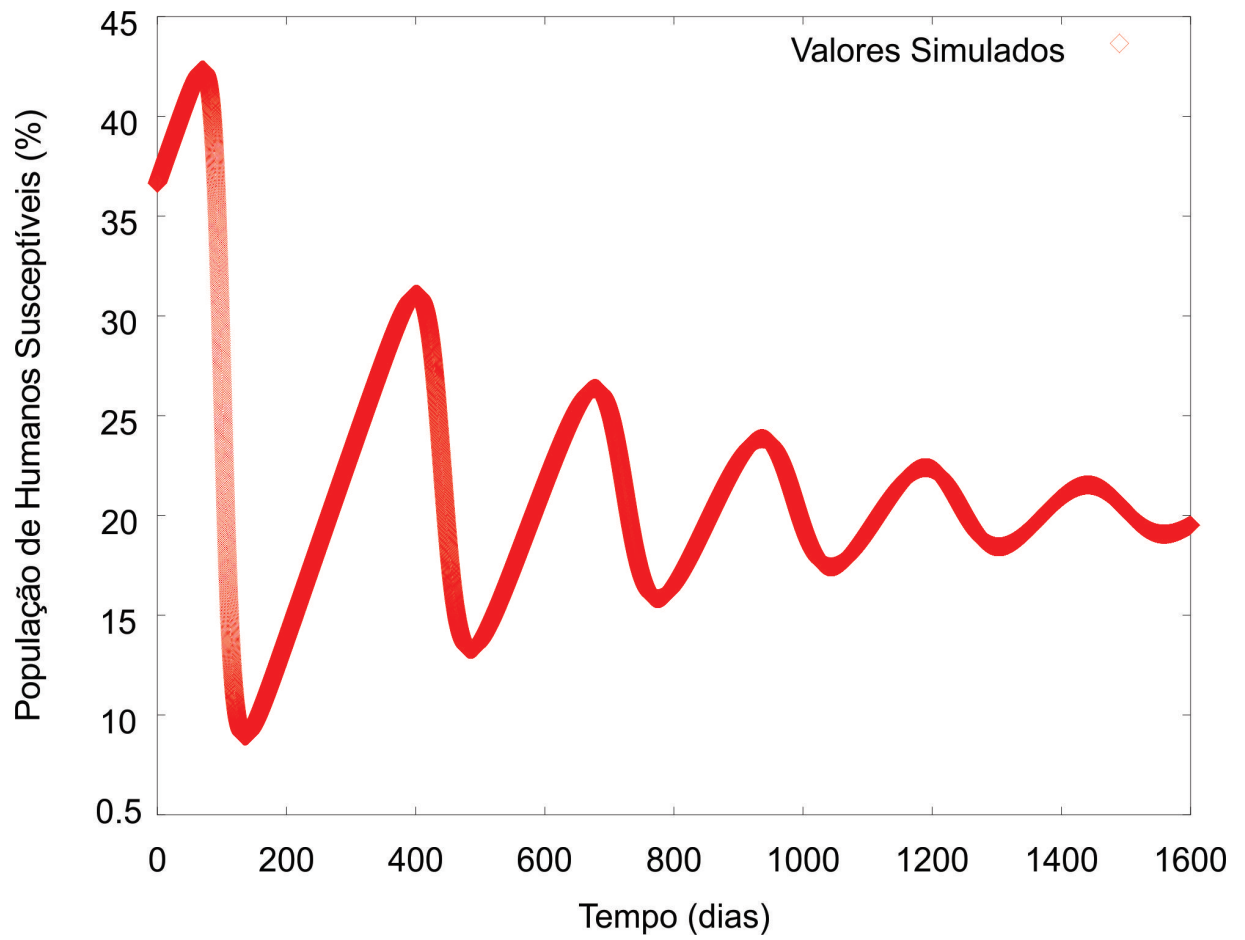


Figura 22: Simulação de humanos susceptíveis na microrregião de Itapetinga-BA.

(I_V) entre 0 e 1. Pode-se extrair:

$$\Omega = \{(S_H, I_H, I_V) : 0 \leq I_V \leq 1; 0 \leq S_H; 0 \leq I_H; S_H + I_H \leq 1\}. \quad (2.9)$$

Definida a região de interesse biológico Ω , precisa-se identificar a existência de pontos de equilíbrio E do sistema (2.8). Para encontrar os valores de cada compartimento da população em equilíbrio, deve-se reescrever as equações (2.8) e igualá-las a zero (LI; MULDOWNNEY, 1995).

Assim, os pontos de equilíbrio são definidos como $E = (S_H^*, I_H^*, I_V^*)$, onde S_H^* é a população de humanos susceptíveis no equilíbrio, I_H^* a população de humanos infectados no equilíbrio, e I_V^* a população de vetores infectados no equilíbrio. Para ser um ponto de equilíbrio, devemos encontrar valores de (S_H^*, I_H^*, I_V^*) que anulem as derivadas populacionais no (2.8).

Pode-se identificar um ponto de equilíbrio trivial no modelo, referente à situação de uma população completamente saudável. Para este caso teria-se uma população com 100% de humanos susceptíveis $S_H^* = 1$, nenhum habitante da população de humanos infectado $I_H^* = 0$ e nenhum vetor infectado $I_V^* = 0$. Substituindo estes valores em (2.8), teria-se uma identidade com todas as equações resultando em zero.

Assim, o primeiro ponto de equilíbrio do modelo $E_1 = (1, 0, 0)$. E_1 é o ponto de equilíbrio da população livre da doença. Existe um segundo ponto de equilíbrio $E_2 = (S_H^*, I_H^*, I_V^*)$ que pode ser calculado como (STEVA; VARGAS, 1998):

$$S_H^* = \frac{\beta + M}{\beta + MR_0}, I_H^* = \frac{R_0 - 1}{\beta + MR_0}, I_V^* = \frac{\beta(R_0 - 1)}{R_0(\beta + M)} \quad (2.10)$$

onde:

$$\beta = \frac{b\beta_V N_H}{\mu_V(N_H + m)}, M = \frac{\gamma_H + \mu_H}{\mu_H}, R_0 = \frac{b^2\beta_H\beta_V N_H A / \mu_V}{(N_H + m)^2 \mu_V (\gamma_H + \mu_H)} \quad (2.11)$$

Um parâmetro importante para a discussão da estabilidade do modelo é o R_0 definido em (2.11), o quantitativo $\tilde{R}_0 = \sqrt{R_0}$ representa o número básico de casos infecciosos secundários gerados por um caso primário em uma população totalmente susceptível e suficientemente grande. O parâmetro \tilde{R}_0 é um limiar que determina o comportamento dinâmico global do modelo. Se $\tilde{R}_0 < 1$, a doença é estável, a doença vai disseminar. Mas se $\tilde{R}_0 > 1$ existe um equilíbrio endêmico, implicando que a doença será sempre endêmica acima do valor limiar. Este limiar ainda é utilizado para discutir estratégias de controle (STEVA; VARGAS, 1998).

Considerando os parâmetros da simulação realizada para a microrregião de Itapetinga, a fim de determinar a estabilidade do modelo representado na Figura 17, o valor encontrado de \tilde{R}_0

Município	Valor de R_0	Valor de $\tilde{R}_0 = \sqrt{R_0}$	$E_2 = (S_H^*, I_H^*, I_V^*)$
Itapetinga	134,563	11,600	(0.007442, 0.000350, 0.001440)
Iguaí	94,239	9,707	(0.010623, 0.000268, 0.001116)
Itororó	121,777	11,035	(0.008215, 0.000102, 0.000381)
Itambé	125,791	11,215	(0.007954, 0.000147, 0.000061)

Tabela 7: Valor de \tilde{R}_0 para os municípios da microrregião

para este caso foi aproximadamente 7,05. Como este valor é maior que o limiar, determina-se que na microrregião existe um equilíbrio endêmico, implicando que a doença será sempre endêmica. O ponto de equilíbrio endêmico calculado para esta microrregião é $E_2 = (0.02130, 0.000273, 0.000767)$.

O valor de \tilde{R}_0 e E_2 para alguns municípios da microrregião encontram-se na Tabela 7.

Conforme a Tabela 7, encontramos a relação $\tilde{R}_0 > 1$ para os municípios simulados, caracterizando a microrregião em equilíbrio endêmico.

2.5 Resultados e Discussões

Neste trabalho, desenvolveu-se o estudo de um modelo matemático SIR baseado em equações diferenciais para descrever a evolução das populações envolvidas na interrelação entre mosquitos *Aedes aegypti* com a presença do vírus da dengue e os seres humanos. Descreveu-se o modelo matemático especificando cada compartimento das populações bem como os seus vínculos e correlações.

Foi implementado um programa em linguagem de programação C que possibilitou a simulação computacional das populações de humanos e vetores da microrregião de Itapetinga-Ba. Para a resolução numérica de equações diferenciais, utilizou-se o método de Runge-Kutta de 4ª ordem. A utilização deste método permitiu aproximar os resultados das simulações com os valores reais da população.

Conseguiu-se descrever a evolução das populações de humanos e mosquitos diante do espalhamento do seu vírus entre os espécimes humanos, objetivando estudar o modelo e comparar os resultados com situações realísticas. Um fator dificultador nos estudos foi o grande número de parâmetros do modelo. Porém, dentre estes parâmetros, alguns estão razoavelmente bem estabelecidos na literatura.

Sendo a dengue uma doença muito expressiva no verão, a sazonalidade apresentada mostra picos de aumento de população do mosquito e maior incidência de infecção no auge da estação.

Com relação a estabilidade identificamos que a microrregião encontra-se em equilíbrio endêmico.

Efetou-se uma simulação computacional de evolução temporal para um modelo SIR generalizado, comparando os resultados com dados reais de municípios da região do sudoeste da Bahia, obtendo bom acordo qualitativo porém, com algumas diferenças, que poderão ser minimizadas em possíveis modificações no modelo com vistas à inclusão de fatores migratórios, populações totais e temperatura variáveis.

Referências

- DIRES, . D. R. de S. [mapa da dengue na microrregião de itapetinga-ba]. *Não Publicado*, Itapetinga-BA, 2012.
- FERREIRA, J. A. Um modelo multiescalas de autômatos celulares para pandemia de dengue. *Universidade Federal de Viçosa*, Dissertação (Mestrado em Física Aplicada), Viçosa-MG, 2009.
- IBGE Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística: [boletim censo 2010]. 2012. Disponível em: <<http://www.censo2010.ibge.gov.br/>>. Acesso em: 11 de novembro 2012.
- KERMACK, W.; MCKENDRICK, A. Contributions to the mathematical theory of diseases. *Proceedings of the Royal Society*, n. 141, 1933, 1927.
- LI, Y.; MULDOWNNEY, J. Global stability for the seir model in epidemiology. *Elsevier, Mathematical Biosciences*, n. 125, p. 155-164, 1995, New York, 1995.
- OPS Organização Pan-Americana de Saúde: [boletim epidemiológico]. 2012. Disponível em: <<http://new.paho.org>>. Acesso em: 20 de Dezembro 2012.
- PINHO, S. T. R. et al. Modelling the dynamics of dengue real epidemics. *Philosophical Transactions - Royal Society*, Mathematical, Physical and Engineering Sciences, n. 368, p. 56795693, 2010.
- PRESS, W. H. et al. *Numerical Recipes in C - The Art os Scientific Computing - Second Edition*. New York: Cambridge University Press, 1992.
- SANTOS, D. A.; THIBES, R. Modelo sir generalizado aplicado a epidemiologia de dengue em regiões brasileiras. *In: IV CLAM - Argentina - Congresso Latinoamericano de Matemáticos. Trabalho Apresentado*, Córdoba, 2012.
- SANTOS, D. A.; THIBES, R. Simulação computacional numérica de quadros epidemiológicos de dengue via modelo sir generalizado. *In: CMAC Nordeste - Congresso de Matemática Aplicada e Computacional. Trabalho Apresentado*, Natal, 2012.
- SANTOS, D. A.; THIBES, R. Simulação numérica de modelo de transmissão de dengue em microrregião no sudoeste da bahia. *Revista TEMA. No Prelo*, 2013.
- STEVA, L.; VARGAS, C. Analysis of a dengue disease transmission model. *Elsevier, Mathematical Biosciences*, n. 150, p. 131-151, 1998.
- SVS Secretaria de Vigilância em Saúde: [boletim epidemiológico]. 2013. Disponível em: <<http://portalsaude.saude.gov.br>>. Acesso em: 22 de Janeiro 2013.
- YANG, H. M.; FERREIRA, C. P. Assessing the effects of vector control on dengue transmission. *Elsevier, Applied Mathematics and Computation*, n.198, p. 401413, 2008.

3 Análise de Dependência Temporal de Parâmetros em Modelo de Transmissão de Dengue

SANTOS, Djan A. THIBES, Ronaldo Silva: Análise de Dependência Temporal de Parâmetros em Modelo de Transmissão de Dengue. Itapetinga - BA: UESB, 2012.

Resumo:

A dengue é uma doença infecciosa febril aguda que pode matar e tornou-se um dos maiores problemas de saúde pública no Brasil. Por ainda não possuir uma vacina eficaz, seu quadro epidemiológico multiplica-se em todo território nacional, principalmente no verão, onde o mosquito *Aedes aegypti* vetor de transmissão da doença encontra condições ambientais favoráveis a sua alta reprodução. O governo brasileiro promoveu, nos últimos anos, ações que visam o controle da doença, como é o caso do LIRAA. Além disso, aumentou as verbas destinadas a qualificação das ações de combate ao mosquito, incluindo o aprimoramento dos planos de contingência. Todas essas ações, investimentos e condições ambientais favoráveis, são fatores externos que estão diretamente ligados ao ciclo de transmissão da doença, variando ano a ano. O objetivo de nosso estudo é analisarmos mais detalhadamente os resultados encontrados na solução numérica do modelo SIR generalizado aplicado ao estudo da epidemia de dengue em uma microrregião do estado da Bahia. Propor alterações no modelo original permitindo variações nos parâmetros em função do tempo e comparar os resultados com dados reais. As alterações serão aplicadas na mesma microrregião de estudo e será efetuado simulações numéricas via método de Runge-Kutta de 4ª Ordem implementado em linguagem C.

Palavras-chave: Biomatemática, Métodos Numéricos, Modelagem Matemática, Modelo SIR, Dengue

Analysis of Temporal Dependence on Model Parameters Transmission of Dengue

SANTOS, Djan A. THIBES, Ronaldo Silva: Analysis of Temporal Dependence on Model Parameters Transmission of Dengue. Itapetinga - BA: UESB, 2012.

Abstract: *Dengue is an serious febrile infectious disease that can kill and has become a highest public health problem in Brazil. Because not has an effective vaccine, its epidemiological multiply nationwide, especially in summer, where the mosquito vector of disease transmission is favorable environmental conditions to their high reproduction. The Brazilian government has promoted in recent years, actions that goal to control the disease, as is the case with LIRAA. Moreover, increased funding for the qualification of actions to combat mosquitoes, including the improvement of contingency plans. All these actions, investments and favorable environmental conditions, are external factors that are directly connected to the transmission cycle of the disease, changing from year to year. The objective of our study is to analyze in more detail the results search in the numerical solution of the generalized SIR model, applied to the study of the dengue epidemic in a microregion of Bahia. Propose changes to the original model allowing for variations in parameters as a function of time and compare the results with current data. The changes will be applied in the same microregion and numerical simulations will be made via fourth-order Runge-Kutta implemented in C language.*

Keywords: *Biomathematics, Numerical Methods, Mathematical Modeling, Model SIR, Dengue*

3.1 Introdução

A dengue é uma doença que causa preocupação na vida dos brasileiros. Sua ação infecciosa febril aguda pode matar. Ela é causada por um vírus da família *Flaviridae* e é transmitida, no Brasil, através do mosquito *Aedes aegypti*, também infectado pelo vírus. Existem quatro tipos da doença, já que o vírus possui quatro sorotipos: DENV-1, DENV-2, DENV-3 e DENV-4.

Por ainda não possuir vacinas, várias regiões do Brasil apresentam quadro epidemiológico grave. Segundo a revista *Veja* o primeiro estudo mundial de eficácia da vacina contra a dengue, produzida pela empresa francesa *Sanofi Pasteur* apresentou resultados positivos, porém ainda insatisfatórios, contra três dos quatro sorotipos do vírus (REVISTA..., 2012). No Brasil, os testes ocorrem nas cidades de Campo Grande, Fortaleza, Goiânia, Natal, Salvador e Vitória. A conclusão dos estudos de eficácia no país está prevista para 2014. Em Salvador, a Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz-BA) está testando a vacina em um grupo de pessoas no bairro de Pau da Lima.

Outras tentativas para diminuir o efeito epidemiológico da doença ou para a erradicação do mosquito *Aedes aegypti* foram registradas na Bahia. Como noticiou o jornal *Folha de São Paulo*, em 24 de fevereiro de 2011, o governo do estado iniciou o uso de inseto transgênico contra dengue, pesquisadores estão soltando uma versão transgênica do inseto em bairros de Juazeiro (BA). O bicho geneticamente modificado gera filhotes que não chegam à fase adulta (a Malásia adotou a mesma prática recentemente) (FOLHA..., 2011). A iniciativa, coordenada pela bióloga Margareth Capurro, pesquisadora da USP, foi aprovada pela CTNBio (Comissão Técnica Nacional de Biossegurança). A transformação genética faz com que os filhotes do mosquito produzam uma proteína que causa sua morte ainda no estágio larval ou de pupa (a fase de casulo) (MARGARETH..., 2011).

O Ministério da Saúde brasileiro promoveu, nos últimos anos, em parceria com as secretarias municipais de saúde, o LIRAA, Levantamento de Índice Rápido de Infestação por *Aedes aegypti*, sendo considerado um instrumento fundamental para orientar as ações de controle da dengue, o que possibilita aos gestores locais de saúde anteciparem as ações de prevenção (SVS..., 2013). Os municípios classificados como de risco são os que apresentam larvas do mosquito em mais de 3,9% dos imóveis pesquisados. Satisfatório é quando este índice está abaixo de 1%, e em alerta encontram-se os municípios que apresentam índices intermediários. No estudo mais recente divulgado pelo portal da saúde, em novembro de 2012, 77 municípios (sendo capital apenas Porto Velho) encontram-se em situação de risco, destes, 58 municípios realizaram o LIRAA pela primeira vez e 10 mantém a situação de risco, a exemplo de 2011

(SVS..., 2013). O LIRAA de 2012 revela ainda que 375 municípios estão em situação de alerta e 787 foram considerados satisfatórios. A pesquisa, que traça um panorama para identificar onde estão concentrados os focos de reprodução do mosquito transmissor da dengue, foi realizada em 1.239 municípios brasileiros (SVS..., 2013).

Visando qualificar as ações de vigilância, prevenção e controle da dengue, para o verão de 2013, o Ministério da Saúde repassou, em novembro de 2012, a todos estados e municípios brasileiros um total de R\$ 173,3 milhões. Os recursos representam 20% do valor anual do Piso Fixo de Vigilância e Promoção à Saúde e são destinados ao aprimoramento das atividades de controle do vetor, vigilância epidemiológica e assistência ao paciente com dengue (SVS..., 2013).

A dengue pode ser transmitida por duas espécies de mosquitos (*Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*), mas no Brasil, o principal transmissor é o *Aedes aegypti* que se reproduz dentro ou nas proximidades de habitações, em recipientes onde se acumula água limpa, tais como, vasos de plantas, pneus velhos, cisternas, etc. A transmissão pelo *Aedes albopictus* não é comum porque o mosquito não costuma frequentar domicílios. A dinâmica de transmissão da doença se dá, quando a fêmea do mosquito pica o humano infectado e mantém o vírus em sua saliva retransmitindo em novas picadas. A transmissão ocorre pelo ciclo homem-vetor-homem. Após a ingestão de sangue infectado pelo inseto fêmea, transcorre nesta fêmea um período de incubação. Após esse período, o mosquito torna-se apto a transmitir o vírus em todas as picadas que vier a realizar.

No capítulo anterior, apoiando-se em uma discussão do modelo matemático SIR, caracterizado por descrever quadros epidemiológicos de doenças virais envolvendo população suscetível, infectada e recuperada, o modelo foi generalizado para as populações humanas e do vetor dentro da dinâmica de transmissão do vírus da dengue (STEVA; VARGAS, 1998).

Neste trabalho, estudamos os resultados aplicados a uma microrregião brasileira, modificando comportamentos de parâmetros, identificando a sua relação com situações reais, com vistas a melhorar o ajuste dos gráficos obtidos no estudo anterior. Efetuamos ainda uma simulação computacional via integração numérica, a fim de identificar o melhor valor para cada parâmetro do modelo em um determinado período de tempo (SANTOS; THIBES, 2013a).

Conforme vimos no capítulo anterior, podemos descrever o problema dinâmico de transmissão de dengue através de um modelo SIR generalizado representando a interação entre humanos e vetores constituídos por um sistema de cinco equações diferenciais ordinárias acopladas dadas

por

$$\begin{aligned}
\bar{S}'_H &= \mu_H N_H - \frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{S}_H \bar{I}_V - \mu_H \bar{S}_H, \\
\bar{I}'_H &= \frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{S}_H \bar{I}_V - (\mu_H + \gamma_H) \bar{I}_H, \\
\bar{R}'_H &= \gamma_H \bar{I}_H - \mu_H \bar{R}_H, \\
\bar{S}'_V &= A - \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{S}_V, \\
\bar{I}'_V &= \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{I}_V,
\end{aligned} \tag{3.1}$$

definidas sobre o espaço de configurações $\mathcal{V} = (\bar{S}_H, \bar{I}_H, \bar{R}_H, \bar{S}_V, \bar{I}_V)$ com o vínculo

$$N_H = \bar{S}_H + \bar{I}_H + \bar{R}_H, \tag{3.2}$$

sendo N_H a população humana total suposta constante.

As funções $\bar{S}_H(t), \bar{I}_H(t), \bar{R}_H(t), \bar{S}_V(t)$ e $\bar{I}_V(t)$ indicam respectivamente as populações absolutas de humanos susceptíveis, infectados e recuperados e as populações absolutas dos vetores susceptíveis e infectados.

Em relação à população humana, μ_H representa a relação entre nascimentos e mortes, β_H a probabilidade de transmissão da doença em humanos a partir do vetor infectado e γ_H a taxa de recuperação ou imunização dos humanos. Em relação à população de vetores, μ_V representa a taxa de mortalidade, β_V a probabilidade de transmissão do vírus em vetores a partir de humanos e A a taxa de incremento. O parâmetro b , ainda em (3.1), representa a taxa de picadas do mosquito por dia, por mosquito por dia.

No apêndice B, mostramos que o sistema (3.1), no limite assintótico $t \rightarrow \infty$, pode ser reduzido a

$$\begin{aligned}
S'_H &= \mu_H(1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V, \\
I'_H &= b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H) I_H, \\
I'_V &= b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} (1 - I_V) I_H - \mu_V I_V,
\end{aligned} \tag{3.3}$$

onde S_H, I_H e I_V representam as populações absolutas respectivamente de humanos susceptíveis, humanos infectados e vetores infectados definidas por

$$S_H = \frac{\bar{S}_H}{N_H}, I_H = \frac{\bar{I}_H}{N_H}, I_V = \frac{\bar{I}_V}{A/\mu_V}. \tag{3.4}$$

No capítulo anterior, efetuamos a integração numérica do sistema (3.3), com parâmetros fixos específicos para uma microrregião do estado da Bahia e comparamos com dados experimentais relativos ao período de junho de 2008 a maio de 2012. Com o intuito de melhoria no acordo entre o modelo e os dados empíricos, consideraremos neste capítulo a possibilidade de variação externa de parâmetros em relação ao tempo.

3.2 Variação de Parâmetros

Ao longo do período analisado no capítulo anterior, junho de 2008 até maio de 2012, a cada ano, os Governos Federal, Estaduais e Municipais, aumentaram os investimentos para ações de combate ao mosquito transmissor, o que sugere a hipótese de que a cada ano, alguns valores de parâmetros possam variar significativamente. Além disso, efeitos de sazonalidade nos ciclos de reprodução do mosquito e transmissão da doença também sugerem a possibilidade de variação externa dos parâmetros.

Dentre os nove parâmetros do modelo presentes em (3.1), selecionamos três para estudo. Mais especificamente, consideramos variações temporais em

- μ_V - taxa de mortalidade do mosquito;
- b - taxa de picadas dos mosquitos por dia;
- A - índice de recrutamento do mosquito.

A cidade de Itapetinga-BA foi a escolhida para aplicar as modificações propostas ao modelo, já que possui a maior população dentro da microrregião estudada.

Para identificar se houve um melhor ajuste após as modificações no parâmetro, utilizamos como base de comparação o erro quadrado médio do número de humanos infectados, dado por

$$E^2 = \sum_{i=0}^N \frac{[I_{Hr}(t_i) - I_{Hm}(t_i)]^2}{N} \quad (3.5)$$

onde, E^2 é o erro quadrado médio obtido variando t do instante inicial t_0 até o final t_N em intervalos de 1 ano, I_{Hr} é o número de humanos infectados obtido através dos dados reais num instante t , I_{Hm} é o número de humano infectados obtidos através do modelo no mesmo instante t (HEINZ, 2011).

Utilizando valor contante em toda a simulação para as variáveis $\mu_V = 0,2 \text{ dia}^{-1}$, $b = 0,9$

picadas por dia mosquito e $A = 166.000$ mosquitos por dia, encontramos

$$E = 0,00102122. \quad (3.6)$$

3.2.1 Taxa de Mortalidade do vetor

O Ministério da Saúde repassou, em novembro de 2012, um adicional de cerca de R\$ 173 milhões para o combate à dengue a ser gasto no período de dezembro 2012 a maio de 2013. Este é o período no qual se concentram os maiores índices de infecção da doença, causados principalmente pelas chuvas de verão (SVS..., 2013). Deste total, R\$ 143,6 milhões foram destinados às secretarias municipais de saúde e R\$ 29,7 milhões às secretarias estaduais de saúde. Todos os 5.565 municípios brasileiros receberam os recursos adicionais. Os recursos são para qualificação das ações de combate ao mosquito transmissor da doença, o *Aedes aegypti*, o que inclui o aprimoramento dos planos de contingência. Estas ações de combate ao mosquito estão diretamente ligadas ao parâmetro μ_V do modelo em estudo. Os municípios precisam cumprir algumas metas, como disponibilizar quantitativo adequado de agentes de controle de endemias, garantir cobertura das visitas domiciliares pelos agentes, adotar mecanismos para a melhoria do trabalho de campo, realizar o LIRAA (Levantamento Rápido de Infestação por *Aedes Aegypti*) com ampla divulgação nos veículos de comunicação locais, comprar equipamentos, treinar pessoal, notificar os casos graves suspeitos de dengue, entre outras ações. Nos últimos três anos, os recursos totais para o financiamento de ações de vigilância, totalizaram aproximadamente R\$ 1,05 bilhão em 2010, em 2011 foram R\$ 1,34 bilhão e em 2012 cerca de R\$ 1,72 bilhão. Segundo a Secretaria Municipal de Saúde de Itapetinga, o município possuía, em dezembro de 2008, um efetivo de 27 Agentes de Combate a Endemias (ACE). Devido a epidemia registrada no verão de 2009, 30 novos agentes foram contratados, através de uma seleção emergencial temporária, aumentando o contingente para 57 agentes. Eles foram responsáveis pelas ações de combate ao vetor da doença até junho de 2011, quando foram desligados do quadro, dando lugar a 42 novos agentes concursados. De junho de 2011 até hoje o município conta com 69 agentes de Combate a Endemias. Nos verões dos anos de 2010, 2011 e 2012 foram realizados mutirões da saúde, a prefeitura convocou voluntários de outras secretarias, realizando limpeza em possíveis focos do vetor em casas, terrenos e edificações prediais.

Diante disso, analisamos a hipótese de que a taxa de mortalidade do mosquito cresça ao longo do tempo. Para comprovar, implementamos modificações no algoritmo, com o intuito de modificar o comportamento do parâmetro μ_V .

Dividimos o período de tempo simulado (1400 dias) em anos, e para cada ano, subdividimo-

lo de acordo com as estações do ano. O objetivo é encontrar o melhor valor para o parâmetro μ_V que, durante o verão, sofre alterações por ser o período onde há maior investimento nas ações de combate ao mosquito.

Explicitamente, consideramos

$$\mu_V = \begin{cases} 0,1930 & \text{para } 180 \leq t \leq 270, \text{ (verão, 1º ano)} \\ 0,2001 & \text{para } 545 \leq t \leq 635, \text{ (verão, 2º ano) ,} \\ 0,2005 & \text{para } 910 \leq t \leq 1000, \text{ (verão, 3º ano) ,} \\ 0,2010 & \text{para } 1275 \leq t \leq 1365, \text{ (verão, 4º ano) ,} \\ 0,2000 & \text{para qualquer outro } t. \end{cases} \quad (3.7)$$

O baixo valor de μ_V para 2008 justifica-se pelo efetivo de agentes de endemia que trabalhavam na secretaria de saúde do município na época.

Para a simulação realizada com o valor do parâmetro variável, o erro quadrado médio apresentado foi de 0,00102039.

Verificamos que o valor do erro quadrado médio na simulação realizada com μ_V variável foi menor que o erro da simulação do μ_V constante (3.6). Fornecendo um melhor ajuste aos dados simulados do modelo.

Observando a Figura 23, notamos a diferença entre as simulações realizadas com μ_V constante e com o μ_V variável em uma determinada faixa de tempo.

Podemos também visualizar o resultado das simulações, comparando os dados reais dos humanos infectados na cidade de Itapetinga, observado na Figura 24.

3.2.2 Taxa de picadas do vetor

A transmissão do vírus da dengue se dá pela picada de um mosquito infectado a um ser humano exposto à doença. A quantidade de picadas realizadas pelo mosquito por dia mosquito varia dependendo de condições climáticas, quanto maior a temperatura maior será a probabilidade de picadas do mosquito, este parâmetro é representado por b . Os países tropicais são os mais atingidos pela doença em função de suas características ambientais e climáticas (RIBEIRO et al., 2006). De acordo com Forattini, as condições climáticas, caracterizadas pelas precipitações atmosféricas e temperaturas elevadas, em geral, mostram relação positiva com a transmissão de dengue (FORATTINI, 2002). Segundo Reiter isso geralmente é aceito, entretanto, deve-se considerar que as taxas de infecção viral no vetor também variam com as condições climáticas (REITER, 1985).

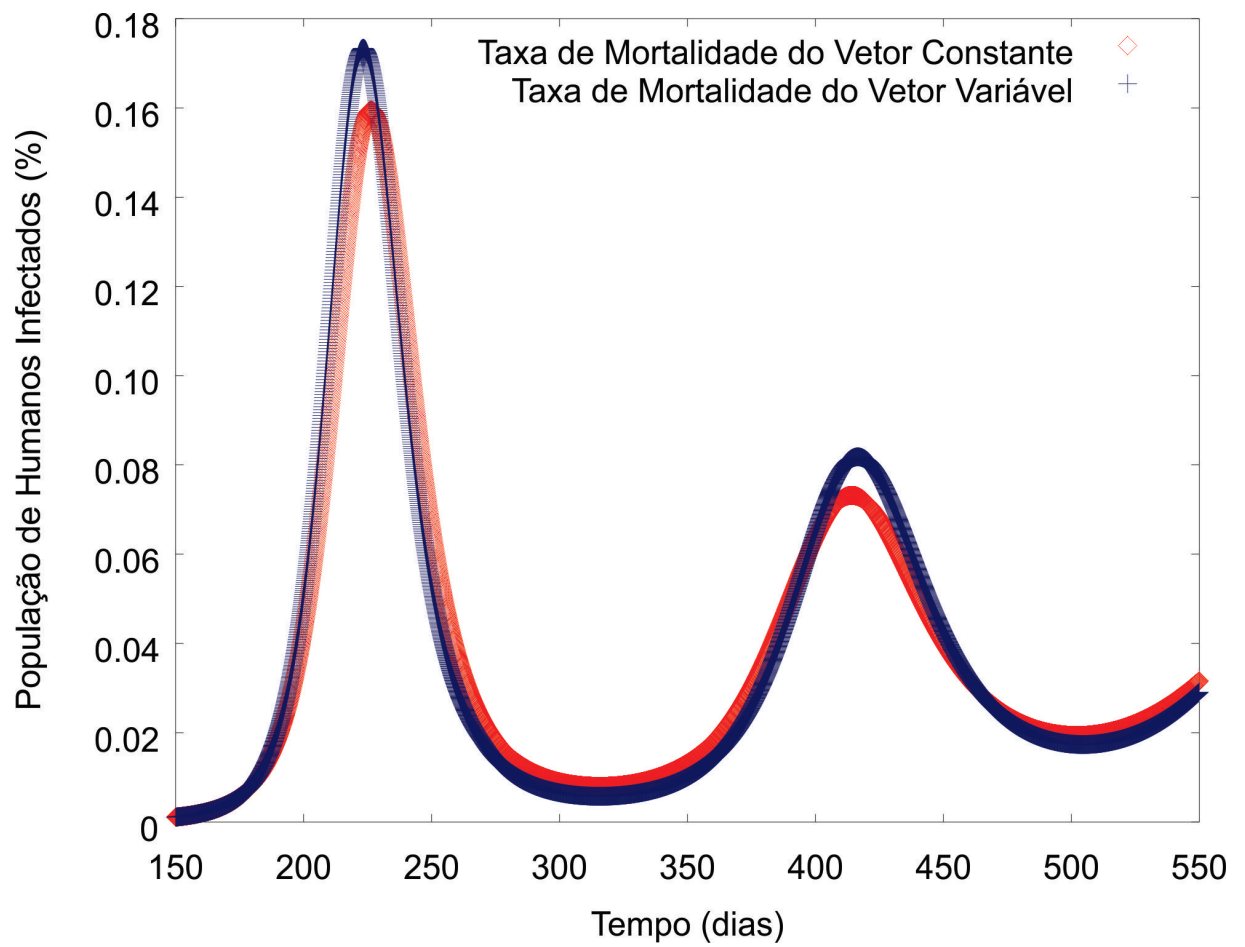


Figura 23: Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando μ_V variável e μ_V constante.

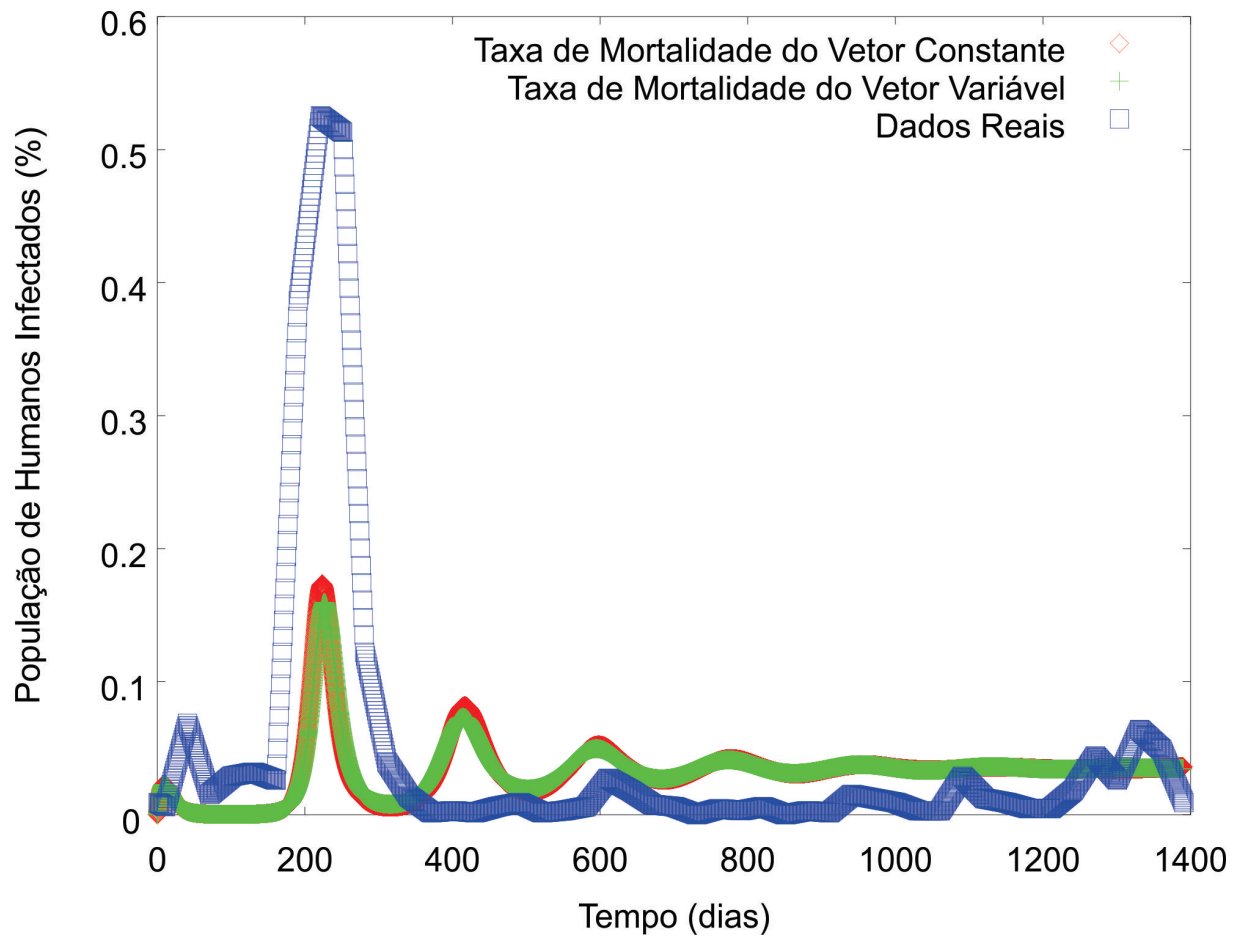


Figura 24: Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando μ_V variável, μ_V constante e dados reais.

Baseado nestas informações, implementamos modificações no algoritmo, com o intuito de modificar o comportamento do parâmetro b .

Assim como no caso do μ_V , dividimos o período de tempo simulado (1400 dias) em anos, e para cada ano, subdividimo-lo de acordo com as estações do ano. O objetivo é encontrar o melhor valor para o parâmetro b , que aumenta durante o verão, devido ao maior número de picadas realizadas pelo vetor por dia em condições ambientais mais favoráveis.

Para identificar se houve um melhor ajuste após as modificações no parâmetro, utilizamos novamente como critério o erro quadrado médio do número de humanos infectados (3.5).

Explicitamente, consideramos

$$b = \begin{cases} 0,845 = 1 \leq t \leq 90 \text{ ou } 366 \leq t \leq 455 \text{ ou } 731 \leq t \leq 820 \text{ e } 1096 \leq t \leq 1185, \\ 0,849 = 91 \leq t \leq 180 \text{ ou } 455 \leq t \leq 545 \text{ ou } 821 \leq t \leq 910 \text{ e } 1186 \leq t \leq 1275, \\ 0,970 = 181 \leq t \leq 270 \text{ ou } 546 \leq t \leq 635 \text{ ou } 911 \leq t \leq 1000 \text{ e } 1276 \leq t \leq 1360, \\ 0,965 = 271 \leq t \leq 365 \text{ ou } 636 \leq t \leq 730 \text{ ou } 1001 \leq t \leq 1095 \text{ e } 1361 \leq t \leq 1400. \end{cases} \quad (3.8)$$

Para este conjunto de dados o valor do erro quadrado médio foi de 0,00100817.

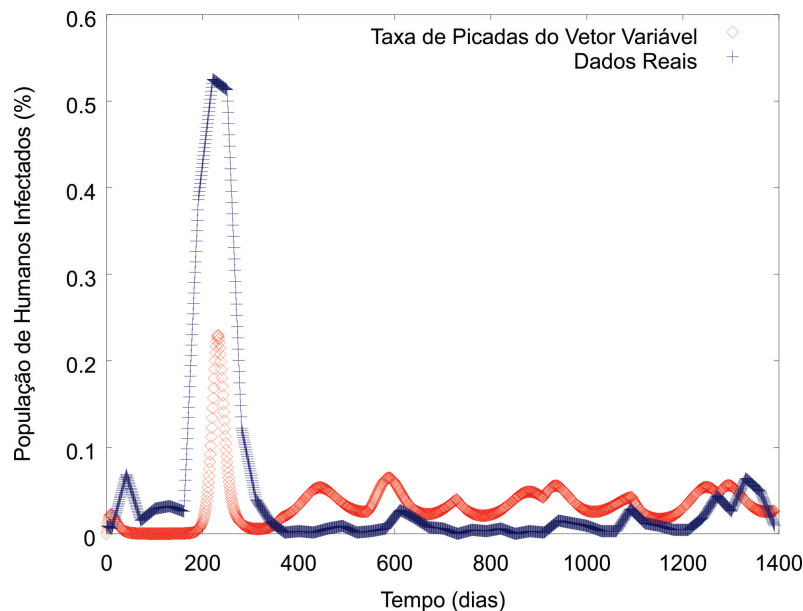


Figura 25: Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando b variável e comparando com dados reais.

Os valores de b variam de acordo com as características climáticas. O verão, por ser a estação climática que apresenta maiores temperaturas, tem o valor maior para b , e o inverno, que tem temperaturas médias mais baixas, tem o valor menor para b .

Verificamos que o valor do erro quadrado médio na simulação realizada com o parâmetro b

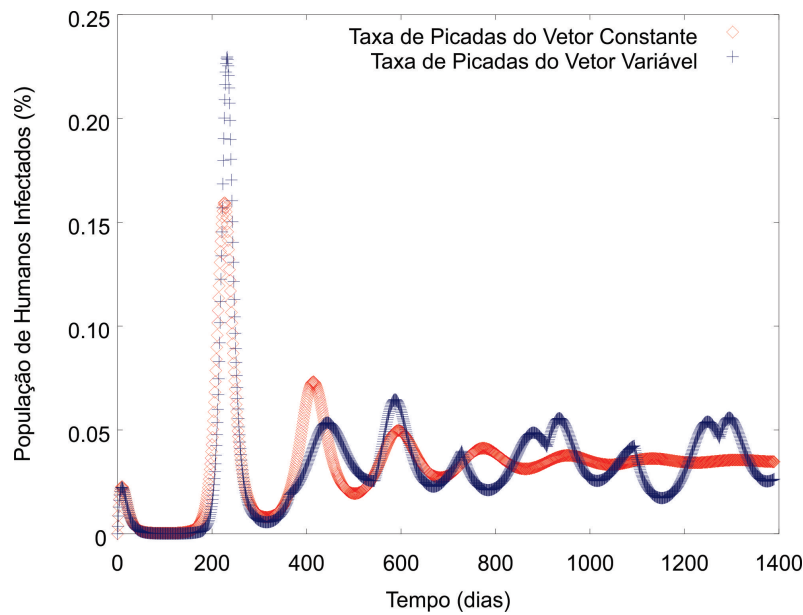


Figura 26: Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando b variável comparado com b contante.

variável foi menor que o erro da simulação utilizando b constante (3.6). Fornecendo um melhor ajuste aos dados simulados do modelo.

3.2.3 Taxa de Recrutamento do vetor

A população do vetor cresce considerando uma taxa de incremento A fixa. O aumento das chuvas e o calor contínuo no verão, em diferentes estados, favorecem a proliferação do *Aedes aegypti*. Dentre as condições que favorecem o aumento do número de criadouros disponíveis e também o desenvolvimento do vetor, estão as condições climáticas, aumento da temperatura, pluviosidade e umidade do ar (MOORE, 1985). Segundo Câmara, os meses mais quentes do ano constituem o período do clímax reprodutivo do *Aedes Aegypti*. A taxa de metabolismo do vetor aumenta nos meses quentes, abreviando seu ciclo evolutivo em até oito dias, ou prolongando-o até 22 dias nos meses frios. Também a replicação e maturação do vírus no inseto (período extrínseco) são aceleradas com o aumento da temperatura. A associação entre proliferação do *Aedes aegypti*, epidemias de dengue e estações chuvosas é contraditória, contudo, há um consenso de que a temperatura climática está correlacionada às infestações por *Aedes aegypti* e epidemias de dengue (CÂMARA et al., 2009). Segundo Keating, entre outros fatores, a temperatura e a pluviosidade afetam a sobrevivência, a reprodução do vetor, as mudanças na sua distribuição e a densidade (KEATING, 2001). Esses fatores abióticos climáticos têm mostrado associação com casos de dengue. O padrão sazonal de incidência da doença coincide com o verão, devido a maior ocorrência de chuva e aumento de temperatura nesta estação (KEATING,

2001). Diante disso, analisamos a hipótese de que a taxa de recrutamento do mosquito durante o verão seja maior do que durante as outras estações do ano. Para comprovar, implementamos modificações no algoritmo, com o intuito de modificar o comportamento do parâmetro A .

Analogamente aos casos dos parâmetros anteriores, dividimos o período de tempo simulado (1400 dias) em anos, e para cada ano, subdividimo-lo de acordo com as estações do ano. O objetivo é encontrar o melhor valor para o parâmetro A , que aumenta durante o verão, devido às altas temperaturas e ao curto ciclo de reprodução do mosquito.

Para identificar se houve um melhor ajuste após as modificações no parâmetro, utilizaremos novamente a comparação pelo valor do erro quadrado médio do número de humanos infectados (3.5).

Para a variação temporal do parâmetro A , consideramos explicitamente,

$$A = \begin{cases} 167100 & \text{para } 180 \leq t \leq 270, \text{ (verão, 1}^\circ \text{ ano) ,} \\ 166100 & \text{para } 545 \leq t \leq 635, \text{ (verão, 2}^\circ \text{ ano) ,} \\ 176900 & \text{para } 910 \leq t \leq 1000, \text{ (verão, 3}^\circ \text{ ano) ,} \\ 172700 & \text{para } 1275 \leq t \leq 1365, \text{ (verão, 4}^\circ \text{ ano) ,} \\ 166000 & \text{para qualquer outro } t. \end{cases} \quad (3.9)$$

Os valores de A variam de acordo com as características climáticas. O verão, por ser a estação climática que apresenta maiores temperatura, tem o valor maior para A , e o inverno, que tem temperaturas médias mais baixas, tem o valor menor para A .

Para este conjunto de dados o valor do erro quadrado médio foi de 0,00102070.

Verificou-se que o valor do erro quadrado médio na simulação realizada com o parâmetro A variável foi menor que o erro da simulação utilizando A constante. Fornecendo um melhor ajuste aos dados simulados do modelo.

A mudança do comportamento da variável A , observada na Figura 27, foi bem discreta, mesmo a simulação resultando um valor de erro menor do que (3.6). Nas comparações entre os erros de quadrado médio das variáveis abordadas neste estudo, A foi a que obteve o menor resultado.

3.2.4 Variação Simultânea de Parâmetros

Discutimos, até agora, resultados de simulações envolvendo mudanças em três parâmetros b , A e μ_V , as duas primeiras possuindo relação com o clima e a última com investimentos feitos

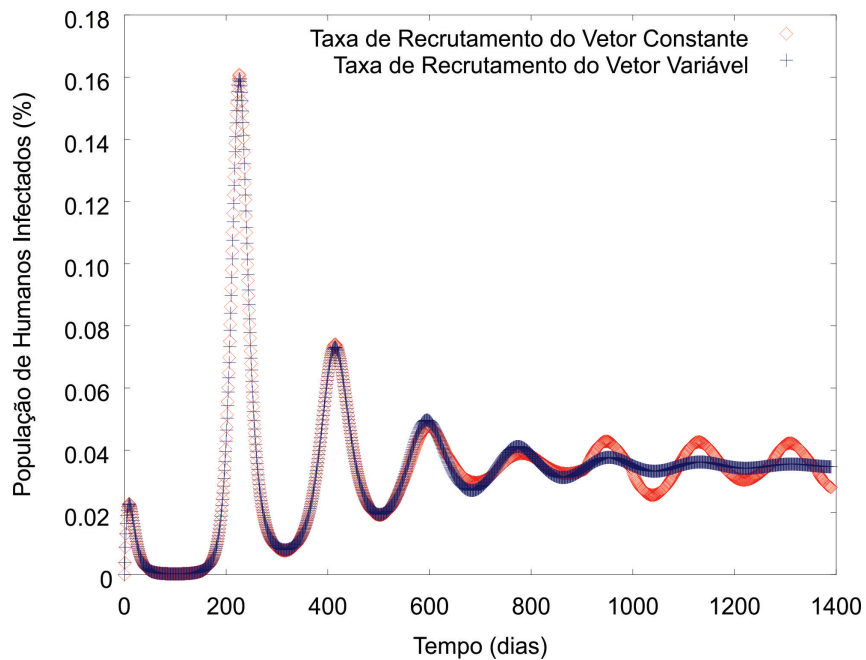


Figura 27: Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando o parâmetro A variável e constante comparado com dados reais.

Parâmetro	Parâmetros Constantes	Parâmetros com Variação Temporal
μ_V	0,00102122	0,00102039
b	0,00102122	0,00100817
A	0,00102122	0,00102070

Tabela 8: Tabela com os erros quadrado médio obtidos das simulações numéricas de (3.3) envolvendo os parâmetros com valores constantes e variáveis.

pelo Governo Federal, Estadual e Municipal. Porém, todas as simulações foram realizadas considerando a mudança de comportamento de apenas uma das variáveis citadas e encontramos o erro quadrado médio em cada simulação. A Tabela 8 apresenta estes erros.

Na tentativa de encontrar o melhor ajuste para o modelo, fizemos uma simulação variando os três parâmetros ao longo do intervalo de tempo.

Os valores dos parâmetros utilizados na simulação encontram-se na tabela da Figura 28.

Para este novo conjunto de dados, utilizando parâmetros com valores variáveis a cada estação do ano, conseguimos reduzir o valor do erro quadrado médio para $0,0010079 \text{ dia}^{-1/2}$.

Percebe-se, pela comparação com (3.6), que obtivemos um ajuste melhor quando utilizamos os parâmetros com valores variáveis, observado na Figura 29.

Parâmetros utilizados na Simulação de Humanos Infectados na cidade de Itapetinga - BA, com tempo total de 1400 dias.		Verão	Outono	Inverno	Primavera
	2008	Não contemplado	Não contemplado	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,845$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,849$
2009	$\mu_v = 0,1930$ $A = 172700$ $b = 0,97$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,965$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,845$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,849$	
2010	$\mu_v = 0,2001$ $A = 176900$ $b = 0,97$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,965$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,845$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,849$	
2011	$\mu_v = 0,2005$ $A = 166100$ $b = 0,97$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,965$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,845$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,849$	
2012	$\mu_v = 0,2010$ $A = 167100$ $b = 0,97$	$\mu_v = 0,2$ $A = 166000$ $b = 0,965$	Não contemplado	Não contemplado	

Figura 28: Valores dos parâmetros variáveis durante o período simulado.

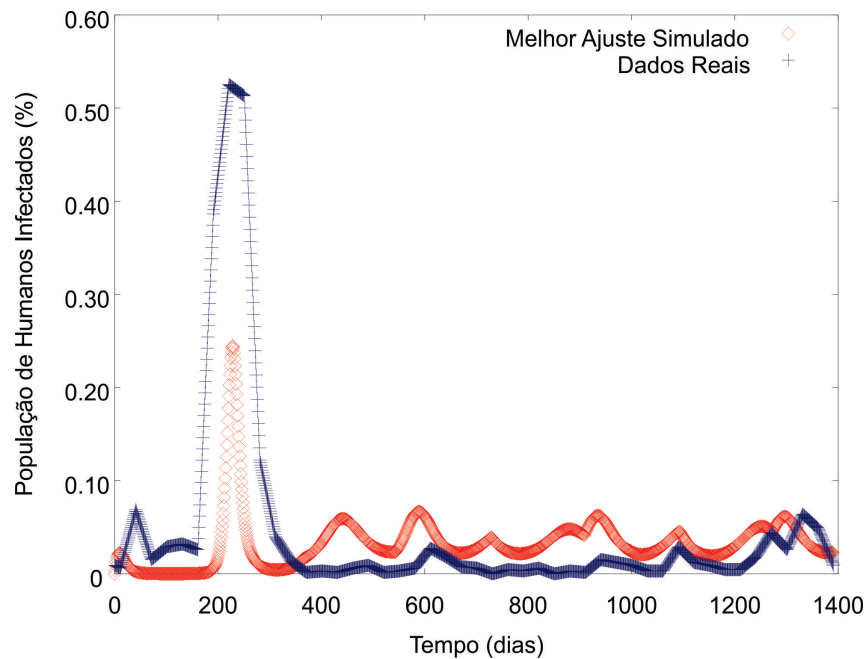


Figura 29: Gráfico de simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando o melhor ajuste comparado com dados reais.

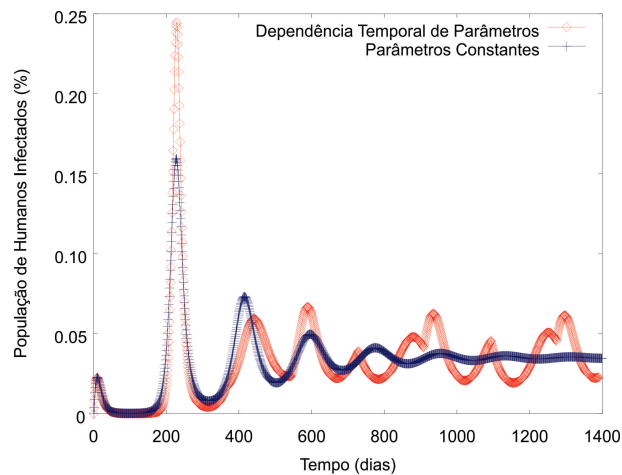


Figura 30: Gráfico da simulação numérica de humanos infectados no município de Itapetinga-BA utilizando os parâmetros constantes e variáveis.

3.3 Resultados e Discussões

As condições climáticas atreladas às precipitações atmosféricas e temperaturas elevadas, mostram relação positiva com a transmissão de dengue. O conhecimento desse processo poderá propiciar maior entendimento sobre a dinâmica de transmissão e, conseqüentemente, contribuir para o seu controle.

O município de Itapetinga-BA teve uma epidemia no verão de 2009 e manifestou picos de infecção nos verões dos anos subsequentes. Observamos que no ano que aconteceu a epidemia, o valor da variável μ_V foi mais baixa do que nos outros anos, representando um parâmetro importante na identificação de períodos endêmicos. Uma das justificativas é justamente o fato de que em 2009 o município contava com poucos agente de endemias. Não temos dados referente à variação de temperatura entre as estações do ano na cidade, mas baseado na relação período do ano mais quente (verão) e período do ano mais frio (inverno) pudemos variar os parâmetros A e b . Na estação mais quente, maior é a possibilidade de picada do mosquito, assim variamos o b colocando valores mais altos para o período quente e valores mais baixos para o período mais frio. Com temperaturas elevadas aceleram-se os ciclos reprodutivos do vetor, tornando o seu incremento A maior nestas épocas do ano.

Analisando isoladamente cada parâmetro, A foi o que obteve o menor valor de erro em diferença absoluta em relação a (3.6) e b foi o que encontrou a maior diferença, proporcionando o melhor resultado. Porém, nenhuma diferença foi maior do que quando utilizados os três parâmetros de forma conjunta variando seu valor durante o tempo. O resultado da simulação pode ser observada na Figura 29. O comportamento qualitativo em relação aos dados reais foi alcançado e melhorado em relação ao modelo original, porém ainda encontramos algumas

diferenças que poderão ser minimizadas em possíveis modificações no modelo com vistas à inclusão de fatores que alterem o comportamento de outros parâmetros.

É importante ressaltar que estamos utilizando o modelo para analisar um período de tempo relativamente grande (1400 dias) aumentando assim a complexidade do estudo, já que existem fatores econômicos, culturais e sociais difíceis de serem mensurados relacionados à transmissão da dengue. Ainda podemos citar o fato de que este modelo está associado a infecção nos humanos por apenas um tipo de sorotipo e que tanto a população de humanos quanto a dos vetores, só transmitem o vírus após um estado de latência, não contemplado em (3.3).

Referências

- CÂMARA, F. P. et al. Clima e epidemias de dengue no estado do rio de janeiro. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* n.42 p. 137-140, 2009.
- FOLHA de São Paulo: Bahia inicia uso de inseto transgênico contra dengue. 2011. Disponível em: <<http://www1.folha.uol.com.br/>>. Acesso em: 24 de fevereiro 2011.
- FORATTINI, O. P. Culicidologia médica: Identificação, biologia e epidemiologia. *Edusp, Volume 2*, São Paulo-SP, 2002.
- HEINZ, S. *Mathematical Modeling*. New York: Springer, 2011.
- KEATING, J. An investigation into the cyclical incidence of dengue fever. *Elsevier, Social Science Medicine*, n. 53, p. 15871597.
- MARGARETH Capurro: Promovendo mortalidade em aedes aegypti infectado pelo vírus da dengue. *Revista FAPESB*, n.08/10254-1, 2011. Disponível em: <<http://revistapesquisa.fapesp.br>>. Acesso em: 21 de fevereiro 2011.
- MOORE, C. G. Predicting aedes aegypti abundance from climatological data. *In: Lounibos LP, Rey JR, Frank JH, editors, Ecology of mosquitoes*, p. 223-33, VeroBeach (FL), 1985.
- REITER, P. W. Vector biology and arboviral recrudescence. *In: Monath TP, editor, The arboviruses: epidemiology and ecology*, p. 245-55., Boca Raton (FL), 1985.
- REVISTA VEJA: Primeira vacina contra a dengue tem eficácia parcial. 2012. Disponível em: <<http://veja.abril.com.br/>>. Acesso em: 11 de setembro 2012.
- RIBEIRO, A. F. et al. Associação entre incidência de dengue e variáveis climáticas. *Revista Saúde Pública*, n. 40, p. 671-6, Taubaté-SP, 2006.
- SANTOS, D. A.; THIBES, R. Análise de dependência temporal de parâmetros em modelo de transmissão de dengue. *Trabalho em andamento*, 2013.
- STEVA, L.; VARGAS, C. Analysis of a dengue disease transmission model. *Elsevier, Mathematical Biosciences*, n. 150, p. 131 - 151, 1998.
- SVS Secretaria de Vigilância em Saúde: [boletim epidemiológico]. 2013. Disponível em: <<http://portalsaude.saude.gov.br>>. Acesso em: 22 de Janeiro 2013.

4 Considerações Finais

Resolver um problema ambiental por meio de equações diferenciais ordinárias tornou-se um grande desafio nas pesquisas científicas. Utilizar e modificar modelos, comparar dados realísticos com dados simulados e principalmente prever e avaliar impactos de uma atividade humana sobre as condições do meio ambiente podem ser a solução para problemas ambientais, cada vez mais frequentes em nossa sociedade.

Percebemos a importância do uso de equações diferenciais na tentativa de formular ou descrever certos fenômenos físicos em termos matemáticos. Os métodos de integração numérica de Euler e Runge-Kutta transformados em algoritmos computacionais possibilitam simular sistemas ambientais nas mais diversas condições, fazer previsões, tomar decisões, explicar e entender melhor o fenômeno. Desenvolver modelos matemáticos é construir pontes entre os níveis da observação e as proposições teóricas. Os modelos de Lotka e Volterra e de exploração constante de recursos naturais foram incrementados em nosso referencial teórico ao produzirmos aplicativos computacionais personalizados para a resolução dos mesmos. Foram essenciais para correlacionar a importância de modelos matemáticos para as ciências ambientais.

Discutimos um dos maiores problemas de saúde pública do mundo atual. A dengue é uma doença viral e perigosa capaz de levar o ser humano que a contraiu à morte. Aplicamos nossos estudos simulando os níveis de infecção da doença em humanos na microrregião de Itapetinga-BA, obtendo bons resultados qualitativos. Conseguimos descrever a evolução das populações de humanos e mosquitos diante do espalhamento do seu vírus entre os espécimes humanos.

Analisamos um modelo para a transmissão da doença da dengue. Baseado no conhecido modelo SIR com especial atenção a interpretação de parâmetros, especificamente, taxa de recrutamento e mortalidade da população do vetor e taxa de picadas do inseto por dia. O modelo analisado, contudo, prevê a infecção por apenas um sorotipo e não contempla fatores migratórios, estado de latência do homem e do mosquito, densidade demográfica, aspectos culturais, sociais e financeiros. Percebemos que o modelo descreve bem o comportamento qualitativo da doença para simulações com faixas de tempo relativamente curtas (aproximadamente 1 ano),

perdendo precisão ao longo do tempo. Além disso, quando comparados a dados reais ajusta-se melhor a populações (N_H) grande.

Discutimos a estabilidade do modelo a partir do número básico representativo da doença ($\tilde{R}_0 = \sqrt{R_0}$), quando $\tilde{R}_0 > 1$ a região simulada é endêmica, quando $\tilde{R}_0 < 1$ a região está livre da doença. A microrregião estudada caracterizou-se endêmica.

É uma obrigação das autarquias governamentais controlar os índices de infecção da doença, que durante o verão, tornam-se uma preocupação para a população brasileira. São feitos diversos investimentos buscando a erradicação da doença que vão desde conscientização da população através da mídia para eliminação dos criadouros do mosquito até investimento em testes com vacinas. Outras ações de destaque são as contratações de agentes de endemias, que visitam os ambientes residenciais a procura de focos do mosquito, utilização de inseticidas em fumacê, além de pesquisas relacionadas à utilização de mosquitos modificados geneticamente e inseticidas naturais. Reduzir os criadouros do vetor parece ser a forma mais efetiva para controlar a doença. Porém, infelizmente, durante os períodos de baixa de transmissão, a maioria das pessoas, incluindo entidades governamentais, perde o interesse no controle do mosquito. Esta característica sazonal de investimentos no controle do vetor, de condições ambientais favoráveis a sua reprodução e dos altos índices de infecção nos humanos motivou realizarmos um estudo sobre a dependência temporal de alguns dos parâmetros do modelo.

Identificamos que, durante o verão, o mosquito realiza mais picadas por dia, devido às condições ambientais favoráveis. Aumentamos o valor do parâmetro b nas épocas quentes do ano e diminuímos o seu valor para o período com temperaturas médias mais baixas. O ciclo de reprodução do mosquito durante o verão é mais rápido, sugerindo um incremento maior de mosquitos nesta época do ano e justificando as alterações realizadas no valor do parâmetro A . Por fim, as ações de combate ao mosquito durante o período mais infeccioso do ano aumentam a taxa de mortalidade μ_V do mosquito.

Utilizando o erro quadrado médio para as populações de humanos infectados, comparamos um melhor ajuste entre os dados reais e os obtidos pela simulação com variações temporais dos parâmetros (HEINZ, 2011). Em princípio, as alterações dos parâmetros do modelo foram feitas individualmente, um parâmetro por simulação, porém o melhor ajuste nos resultados obteve-se quando a simulação combinou as alterações dos três parâmetros de uma só vez. Portanto, o modelo em estudo precisa ser modificado para se ajustar melhor às condições ambientais pesquisadas, bem como para produzir resultados melhores quando utilizado um período maior de tempo na simulação. Uma alternativa ao modelo SIR estudado seria o modelo SEIR, que acrescenta ao modelo, um estado de latência para as populações dos humanos e do vetor (LI;

MULDOWNEY, 1995). Com base nesses modelos está sendo realizadas simulações para os dados da microrregião estudada nesta dissertação (SANTOS; THIBES, 2013c).

APÊNDICE A – Implementação do Método de Runge-Kutta de 4ª Ordem em Linguagem de Programação C

Neste apêndice, mostramos a implementação do algoritmo em linguagem de programação C para realizar a integração numérica de uma um PVI (1.9) via método de Runge-Kutta de 4ª ordem.

Preparamos o ambiente de programação importando algumas bibliotecas que contém funções básicas indispensáveis e pré-programadas.

```
\#include <stdio.h> //biblioteca padrão da linguagem C
\#include <iostream> //biblioteca padrão da linguagem C
\#include <fstream> //biblioteca de manipulação de dados
\#include <math.h> //biblioteca matemática
```

Próximo passo é criar um método que calcule o valor da função $f(t,y)$. Ela deverá receber como parâmetro o valor de y_n no instante t_n . Utilizaremos o tipo de dado double (valor real de precisão dupla) para as variáveis da função.

```
double Calculaf(double tn, double yn)\{
return $f(t,y)$;\}
```

Antes de começar a programação propriamente dita, vamos criar e definir as variáveis que definem nosso problema de valor inicial (PVI).

```
double yn = 0, tn = 0;
```

Agora, criaremos uma estrutura de repetição (loop) com o mesmo tamanho da variação de tempo (Δt) desejável para a simulação. Iniciando em $t_n = 1$ e finalizando em $t_n = N$, onde $n = 1, 2, \dots, N..$ Ao final de cada execução do algoritmo presente dentro da estrutura de repetição, a variável t que controla cada repetição do algoritmo, deve ter seu valor incrementado com o passo de integração h desejável.

```

ofstream fout; //cria um arquivo para registro dos dados
fout.open ("dados.txt"); // abre o arquivo de dados
double ti = tn; // tempo inicial da estrutura de repetição
double tf = 1000; //tempo final da estrutura de repetição
double t = ti;
double h = 1;//incremento do tempo (passo de integração)
for (t=ti+h;t<=tf;t+=h){

// loop iniciando em ti e finalizando em tf.

//A1,B1,C1 e D1 armazenam o valor função f (tn,xn,yn)

A1=Calculaf(tn, yn);

B1=Calculaf(tn +h/2, yn + ((h/2) * A1);

C1=Calculaf(tn +h/2, yn + ((h/2) * B1);

D1=Calculaf(tn +h, yn + (h * C1));

}

```

Calcular o valor das variáveis $A_{yn}, B_{yn}, C_{yn}, D_{yn}$ introduzidas em (1.17). Os nomes das variáveis devem obedecer as características da linguagem, que neste caso não admite o uso do sobrescrito. Para finalizar, vamos calcular o valor obtido para y_n neste passo de integração numérica.

```
yn = yn + h*((A1 + (2*B2) + (2*B3) + B4)/6);
```

Note que o valor da variável y_n , que no primeiro passo armazena o valor de y_0 , será substituído pelo valor calculado de y_1 , e assim sucessivamente para todos n . Para que estes valores não sejam perdidos, exibiremos temporariamente na tela e os guardaremos em um arquivo permanente de dados.

```

printf(` ` %f ` %f ``, t , yn);
//imprime na tela o valor de t e yn
fout << t << yn << endl;

```

//grava os valores calculados no arquivo Por fim, repetiremos todo o processo até t atingir o valor de tf .

APÊNDICE B – Redução Dimensional do Sistema de Equações Diferenciais do Modelo SIR Generalizado

Neste apêndice, mostramos explicitamente como o sistema de cinco equações (2.5) pode ser reduzido ao mais simples (2.8) constituído por apenas três equações relacionando as funções, $S_H(t), I_H(t), I_V(t)$ no subespaço \mathcal{V} , definido pelo vínculo (2.1).

Por conveniência, repetimos aqui o sistema (2.5)

$$\begin{aligned}
 \bar{S}'_H &= \mu_H N_H - \frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{S}_H \bar{I}_V - \mu_H \bar{S}_H, \\
 \bar{I}'_H &= \frac{\beta_H b}{N_H + m} \bar{S}_H \bar{I}_V - (\mu_H + \gamma_H) \bar{I}_H, \\
 \bar{R}'_H &= \gamma_H \bar{I}_H - \mu_H \bar{R}_H, \\
 \bar{S}'_V &= A - \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{S}_V, \\
 \bar{I}'_V &= \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{I}_V,
 \end{aligned} \tag{B.1}$$

onde as funções \bar{S}_H, \bar{I}_H e \bar{R}_H indicam respectivamente as populações absolutas de humanos susceptíveis, infectados e recuperados, enquanto, \bar{S}_V e \bar{I}_V representam as populações absolutas dos vetores susceptíveis e infectados. Os parâmetros relativos à população humana μ_H, β_H e γ_H representam a relação entre nascimentos e mortes, a probabilidade de transmissão da doença em humanos a partir do vetor infectado e a taxa de recuperação ou imunização dos humanos, respectivamente, enquanto, relativos à população de vetores, os parâmetros μ_V, β_V e A representam a taxa de mortalidade, a probabilidade de transmissão do vírus em vetores a partir de humanos e a taxa de incremento. Ainda relativo a (B.1), N_H representa a população total de humanos suposta constante dada por

$$N_H = \bar{S}_H + \bar{I}_H + \bar{R}_H, \tag{B.2}$$

e b indica a probabilidade de picadas do mosquito. Ressaltamos que com a “linha” em (B.1)

representamos a derivada em relação ao tempo. Assim, por exemplo, $\bar{S}'_H \equiv \frac{d}{dt}\bar{S}_H(t)$ etc. A soma das duas últimas equações do sistema (B.1) conduz a

$$\bar{N}'_V = A - \mu_V \bar{N}_V, \quad (\text{B.3})$$

sendo $\bar{N}_V \equiv \bar{S}_V + \bar{I}_V$ o número total de vetores, cuja solução tende assintoticamente para A/μ_V no limite $t \rightarrow \infty$. No espaço vetorial $\mathcal{V} \equiv (\bar{S}_H, \bar{I}_H, \bar{R}_H, \bar{S}_V, \bar{I}_V)$ de soluções do sistema (B.1) definimos o subespaço $\mathcal{T} \subset \mathcal{V}$ através dos vínculos (B.2) e

$$\bar{S}_V + \bar{I}_V = \frac{A}{\mu_V}, \quad (\text{B.4})$$

Qualquer solução de (B.1) em \mathcal{V} converge assintoticamente para \mathcal{T} com tempo de relaxamento da ordem de μ_V^{-1} .

Para reescrevermos (B.1) em termos das populações relativas, redefinimos as populações absolutas de humanos e vetores como

$$S_H = \frac{\bar{S}_H}{N_H}, I_H = \frac{\bar{I}_H}{N_H}, R_H = \frac{\bar{R}_H}{N_H}, S_V = \frac{\bar{S}_V}{A/\mu_V}, I_V = \frac{\bar{I}_V}{A/\mu_V}. \quad (\text{B.5})$$

Após redefinirmos as populações absolutas temos que

$$\bar{S}_H = S_H N_H, \quad (\text{B.6})$$

e

$$\bar{I}_V = I_V \frac{A}{\mu_V}. \quad (\text{B.7})$$

Substituindo os valores de \bar{S}_H e \bar{I}_V na primeira equação de (B.1) temos

$$S'_H N_H = \mu_H N_H - \frac{\beta_H b}{N_H + m} S_H N_H I_V \frac{A}{\mu_V} - \mu_H S_H N_H. \quad (\text{B.8})$$

Eliminando N_H , fator comum a todos os termos, temos

$$S'_H = \mu_H - \frac{\beta_H b}{N_H + m} S_H I_V \frac{A}{\mu_V} - \mu_H S_H. \quad (\text{B.9})$$

Colocando μ_H em evidência e reorganizando as variáveis, chegamos à primeira equação de (2.8) como segue

$$S'_H(t) = \mu_H(1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V. \quad (\text{B.10})$$

De (B.5) podemos escrever \bar{I}_H como

$$\bar{I}_H = I_H N_H. \quad (\text{B.11})$$

Substituindo-o na segunda equação de (B.1) juntamente com os valores de \bar{S}_H e \bar{I}_V temos

$$I'_H N_H = \frac{\beta_H b}{N_H + m} S_H N_H I_V \frac{A}{\mu_V} - (\mu_H + \gamma_H) I_H N_H. \quad (\text{B.12})$$

Eliminando N_H , fator comum a todos os termos, temos

$$I'_H = \frac{\beta_H b}{N_H + m} S_H I_V \frac{A}{\mu_V} - (\mu_H + \gamma_H) I_H. \quad (\text{B.13})$$

Reorganizando as variáveis, chegamos a

$$I'_H(t) = b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H) I_H, \quad (\text{B.14})$$

que coincide com a segunda equação de (2.8). A partir de (B.5) obtemos

$$\bar{S}_V = S_V \frac{A}{\mu_V}, \quad (\text{B.15})$$

sendo

$$S_V = 1 - I_V, \quad (\text{B.16})$$

temos

$$\bar{S}_V = (1 - I_V) \frac{A}{\mu_V}. \quad (\text{B.17})$$

Substituindo o valor de \bar{S}'_V na última equação de (B.1), temos

$$I'_V \frac{A}{\mu_V} = \frac{\beta_V b}{N_H + m} (1 - I_V) \frac{A}{\mu_V} I_H N_H - \mu_V I_V \frac{A}{\mu_V}, \quad (\text{B.18})$$

$$(\text{B.19})$$

eliminando $\frac{A}{\mu_V}$, comum a todos os termos, temos

$$I'_V = \frac{\beta_V b}{N_H + m} (1 - I_V) I_H N_H - \mu_V I_V. \quad (\text{B.20})$$

Reorganizando as variáveis, obtemos

$$I'_V(t) = b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} (1 - I_V) I_H - \mu_V I_V. \quad (\text{B.21})$$

que nada mais é que a terceira equação de (2.8).

As terceira e quarta equações do sistema (B.1) ao serem reescritas em termos relativos conduzem a identidades uma vez que

$$\bar{R}_H = \gamma_H \bar{I}_H - \mu_H \bar{R}_H,$$

$$\begin{aligned}
R_H &= \gamma_H I_H - \mu_H R_H, \\
-\bar{S}_H - \bar{I}_H &= \gamma_H I_H - \mu_H R_H, \\
-\mu_H(1 - S_H) + (\gamma_H + \mu_H)I_H &= \gamma_H I_H - \mu_H R_H, \\
-\mu_H(-1 + S_H - I_H) + \gamma_H I_H &= \gamma_H I_H - \mu_H R_H, \\
-\mu_H R_H + \gamma_H I_H &= \gamma_H I_H - \mu_H R_H,
\end{aligned} \tag{B.22}$$

e

$$\begin{aligned}
\bar{S}_V &= A - \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \bar{S}_V, \\
-\bar{I}_V &= A - \frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H - \mu_V \left(-\bar{I}_V + \frac{A}{\mu_V}\right), \\
-\frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H + \mu_V \bar{I}_V &= -\frac{\beta_V b}{N_H + m} \bar{S}_V \bar{I}_H + \mu_V \bar{I}_V.
\end{aligned} \tag{B.23}$$

Assim, obtemos o sistema com três equações diferenciais ordinárias, em termos relativos, de (B.10), (B.14) e (B.21), dado por

$$\begin{aligned}
S'_H(t) &= \mu_H(1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V, \\
I'_H(t) &= b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H)I_H, \\
I'_V(t) &= b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} (1 - I_V)I_H - \mu_V I_V,
\end{aligned} \tag{B.24}$$

envolvendo apenas as funções $S'_H(t)$, $I'_H(t)$ e $I'_V(t)$ conforme afirmado no capítulo 2, equações (2.8).

APÊNDICE C – Pontos de Equilíbrio do Modelo

Neste apêndice, obtemos os pontos de equilíbrio do modelo a partir das equações de (2.8) para as classes populacionais. Para isso, devemos reescrever todas as equações do sistema igualando-as a zero.

Relembrando, a derivada da classe dos vetores infectados (I_V) se comporta como

$$I'_V(t) = b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} (1 - I_V) I_H - \mu_V I_V, \quad (\text{C.1})$$

igualando-a a zero obtemos

$$0 = b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} (1 - I_V) I_H - \mu_V I_V, \quad (\text{C.2})$$

resolvendo para I_V , obtemos

$$\begin{aligned} 0 &= b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H - b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_V I_H - \mu_V I_V, \\ -b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H &= I_V (b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H - \mu_V), \\ I_V &= \frac{b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H}{b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H + \mu_V}, \\ &= \frac{b\beta_V \frac{N_H}{\mu_V (N_H + m)} I_H}{b\beta_V \frac{N_H}{\mu_V (N_H + m)} I_H + 1}, \end{aligned} \quad (\text{C.3})$$

definindo

$$\beta = \frac{b\beta_V N_H}{\mu_V (N_H + m)}, \quad (\text{C.4})$$

reescrevemos (C.3) como

$$I_V = \frac{\beta I_H}{\beta I_H + 1}. \quad (\text{C.5})$$

Por outro lado a derivada da classe dos humanos susceptíveis (S_H) é dada por

$$S'_H(t) = \mu_H (1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V, \quad (\text{C.6})$$

igualando-a a zero

$$0 = \mu_H(1 - S_H) - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V, \quad (\text{C.7})$$

isolando S_H

$$\begin{aligned} -\mu_H &= S_H(-\mu_H - b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} I_V), \\ S_H &= \frac{\mu_H}{(\mu_H + b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} I_V)}, \end{aligned} \quad (\text{C.8})$$

substituindo (C.3) em (C.8) obtemos

$$S_H = \frac{\mu_H}{(\mu_H + b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} \frac{b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H}{b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H + \mu_V})}, \quad (\text{C.9})$$

multiplicando todos os termos por $b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H + \mu_V$

$$S_H = \frac{\mu_H (b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H + \mu_V)}{\mu_H (b\beta_V \frac{N_H}{N_H + m} I_H + \mu_V) + \frac{b^2 \beta_H \beta_V A/\mu_V N_H}{(N_H + m)^2} I_H}, \quad (\text{C.10})$$

dividindo todos os termos por $\mu_H \mu_V$

$$S_H = \frac{b\beta_V \frac{N_H}{(N_H + m)\mu_V} I_H + 1}{(b\beta_V \frac{N_H}{(N_H + m)\mu_V} I_H + 1) + \frac{b^2 \beta_H \beta_V A/\mu_V N_H}{(N_H + m)^2 (\mu_H \mu_V)} I_H}, \quad (\text{C.11})$$

utilizando β definido em (C.4) e ainda definindo

$$R_0 = \frac{b^2 \beta_H \beta_V N_H A/\mu_V}{(N_H + m)^2 \mu_V (\gamma_H + \mu_H)} \text{ e } M = \frac{\gamma_H + \mu_H}{\mu_H} \quad (\text{C.12})$$

reescrevemos S_H como

$$S_H = \frac{\beta I_H + 1}{(\beta + MR_0) I_H + 1} \quad (\text{C.13})$$

Por sua vez a taxa de variação temporal da classe dos humanos infectados (I_H) é dada por

$$I'_H(t) = b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H) I_H, \quad (\text{C.14})$$

igualando-a a zero

$$\begin{aligned} 0 &= b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V - (\gamma_H + \mu_H) I_H, \\ (\gamma_H + \mu_H) I_H &= b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} S_H I_V, \end{aligned} \quad (\text{C.15})$$

substituindo (C.5) e (C.13) em (C.15) obtemos

$$(\gamma_H + \mu_H)I_H = b\beta_H \frac{A/\mu_V}{N_H + m} \frac{\beta I_H + 1}{(\beta + MR_0)I_H + 1} \frac{\beta I_H}{\beta I_H + 1} \quad (\text{C.16})$$

observando que $\frac{\beta b\beta_H A/\mu_V}{N_H + m} = R_0(\gamma_H + \mu_H)$ obtemos uma equação quadrática dada por

$$-(\beta + MR_0)I_H^2 + (R_0 - 1)I_H = 0. \quad (\text{C.17})$$

Assim, as soluções da equação (C.17) serão $I_H = 0$ e $I_H = R_0 - 1/\beta + MR_0$. Para obtermos os pontos de equilíbrio do modelo (2.8) substituimos inicialmente $I_H = 0$ em (C.5) e (C.13) encontrando os valores $S_H = 1$ e $I_V = 0$ perfazendo o primeiro ponto de equilíbrio do modelo dado por $E_1 = (1, 0, 0)$. E_1 é o ponto de equilíbrio da população livre da doença. Utilizando $I_H = R_0 - 1/\beta + MR_0$ e substituindo novamente em em (C.5) e (C.13) encontramos o segundo ponto de equilíbrio do modelo dado por $E_2 = (S_H^*, I_H^*, I_V^*)$, sendo

$$S_H^* = \frac{\beta + M}{\beta + MR_0}, I_H^* = \frac{R_0 - 1}{\beta + MR_0}, I_V^* = \frac{\beta(R_0 - 1)}{R_0(\beta + M)}, \quad (\text{C.18})$$

onde S_H^* é a população de humanos susceptíveis no equilíbrio, I_H^* a população de humanos infectados no equilíbrio, e I_V^* a população de vetores infectados no equilíbrio. E_2 é um ponto de equilíbrio endêmico, implicando que a doença será sempre endêmica.

Referências

- ABDELKADER, M. A. Exact solutions of lotka-volterra equations. *Mathematical Biociences*, 1974.
- CHRISTOFOLETTI, A. *Modelagem de Sistemas Ambientais*. São Paulo: 1ª edição Editora Edgard Blucher, 1999.
- CLARK, C. W. *Mathematical Bioeconomics: The Optimal Management of Renewable Resources*. 2ª ed. New York: John Wiley & Sons, 1990.
- DIPRIMA, R. C.; BOYCE, W. E. *Equações Diferenciais Elementares e Problemas de Valores de Contorno*. Rio de Janeiro - RJ: LTC, 2009.
- DIRES, . D. R. de S. [mapa da dengue na microrregião de itapetinga-ba]. *Não Publicado*, Itapetinga-BA, 2012.
- EULER, L. P. *Institutiones calculi integralis*. St Petersburg, 1768.
- FERREIRA, J. A. Um modelo multiescalas de autômatos celulares para pandemia de dengue. *Universidade Federal de Viçosa*, Dissertação (Mestrado em Física Aplicada), Viçosa-MG, 2009.
- FILHO, P. J. de F. *Introdução à modelagem e simulação de sistemas*. 2ª edição. Florianópolis-SC: Visual books, 2008.
- IBGE Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística: [boletim censo 2010]. 2012. Disponível em: <<http://www.censo2010.ibge.gov.br/>>. Acesso em: 11 de novembro 2012.
- KERMACK, W.; MCKENDRICK, A. Contributions to the mathematical theory of diseases. *Proceedings of the Royal Society*, n. 141, 1933, 1927.
- KUTTA, M. W. Beiträge zur näherungsweise integration totaler differentialgleichungen. *Ludwig-Maximilians-Universität München*, 1900.
- LI, Y.; MULDOWNY, J. Global stability for the seir model in epidemiology. *Elsevier, Mathematical Biosciences*, New York, n. 125, p. 155–164, 1995.
- LOTKA, A. J. *Elements of physical biology*. *Baltimore: Williams and Wilkins. Reprinted with Corrections and Bibliography as Elements of Mathematical Biology*, 1925.
- OPS Organização Pan-Americana de Saúde: [boletim epidemiológico]. 2012. Disponível em: <<http://new.paho.org>>. Acesso em: 20 de Dezembro 2012.
- PEDROSA, D. P. F. Resolução numérica de equações diferenciais ordinárias. *Universidade Federal do Rio Grande do Norte*, 2008.

- PINHO, S. T. R. et al. Modelling the dynamics of dengue real epidemics. *Philosophical Transactions Royal Society*, Mathematical, Physical and Engineering Sciences, n. 368, p. 5679–5693, 2010.
- PRESS, W. H. et al. *Numerical Recipes in C - The Art os Scientific Computing - Second Edition*. New York: Cambridge University Press, 1992.
- RUBIN, E. S. *Introduction to engineering the Environment*. New York: McGraw-Hill, 2001.
- RUNGE, C. Graphical methods. *Columbia University Press*, New York, 1912.
- SANTOS, D. A.; THIBES, R. Simulação numérica do modelo seir de transmissão de dengue. *Trabalho em andamento*, 2013.
- SEBESTA, R. W. *Conceitos de Linguagem de Programação*. São Paulo: Bookman, 2002.
- SPERANDIO, D.; MENDES, J. T.; SILVA, L. H. M. e. *Cálculo Numérico - Características Matemáticas e Computacionais dos Métodos Numéricos*. [S.l.]: Prentice-Hall, 2003.
- STEVA, L.; VARGAS, C. Analysis of a dengue disease transmission model. *Elsevier*, n. 150, p. 131–151, 1998.
- SVS Secretaria de Vigilância em Saúde: [boletim epidemiológico]. 2013. Disponível em: <<http://portalsaude.saude.gov.br>>. Acesso em: 22 de Janeiro 2013.
- VERHULST, P. F. Notice sur la loi que la population poursuit dans son accroissement. *Correspondance Mathématique et Physique*, 1838.
- VOLTERRA, V. Fluctuation in the abundance of a species considered mathematically. *Nature*, 1926.
- YANG, H. M.; FERREIRA, C. P. Assessing the effects of vector control on dengue transmission. *Elsevier*, Applied Mathematics and Computation.
- ZILL, D. G. *Equações Diferenciais com Aplicações em Modelagens*. São Paulo-SP: Thomson Learning, 2003.