

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
INSTITUTO DE MATEMÁTICA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MATEMÁTICA APLICADA

**Modelo SEIR Discreto
Espacialmente Estruturado
para a Dispersão da Dengue**

por

Luciana Rossato Piovesan

Dissertação submetida como requisito parcial
para a obtenção do grau de
Mestre em Matemática Aplicada

Profa. Dra. Maria Cristina Varriale
Orientadora

Prof. Dr. Luiz Alberto Díaz Rodrigues
Co-orientador

Porto Alegre, Julho de 2009.

CIP - CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO

Piovesan, Luciana Rossato

Modelo SEIR Discreto Espacialmente Estruturado para a Dispersão da Dengue / Luciana Rossato Piovesan.—Porto Alegre: PPGMAP da UFRGS, 2009.

114 p.: il.

Dissertação (mestrado) —Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Programa de Pós-Graduação em Matemática Aplicada, Porto Alegre, 2009.

Orientadora: Varriale, Maria Cristina; Co-orientador: Rodrigues, Luiz Alberto Díaz

Dissertação: Matemática Aplicada
Dengue, Modelos Discretos, Rede de Mapas Acoplados, Epidemiologia

Modelo SEIR Discreto Espacialmente Estruturado para a Dispersão da Dengue

por

Luciana Rossato Piovesan

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Matemática Aplicada do Instituto de Matemática da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, como requisito parcial para a obtenção do grau de

Mestre em Matemática Aplicada

Linha de Pesquisa: Sistemas Não Lineares e Aplicações

Orientadora: Profa. Dra. Maria Cristina Varriale

Co-orientador: Prof. Dr. Luiz Alberto Díaz Rodrigues

Banca examinadora:

Profa. Dra. Cláudia Pio Ferreira
PPGBiometria-UNESP

Profa. Dra. Diomar Cristina Mistro
PPGMat - UFSM

Prof. Dr. Jacques Aveline Loureiro da Silva
PPGMAp - UFRGS

Dissertação apresentada e aprovada em
17 de julho de 2009.

Prof. Dr. Waldir Leite Roque
Coordenador

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a **Deus**, que zela pela nossa felicidade e foi fundamental durante a minha caminhada.

Às peças fundamentais da minha vida: meus queridos Pais, **Clarindo** e **Zélia**, e meus Irmãos, **Fabiano** e **Silvana**, pelo apoio, incentivo, paciência e pelo carinho.

Aos meus Tios, **Belino** e **Erisvanda**, e também à minha Prima **Liz**, pelo acolhimento, pela essencial ajuda, pelo incentivo e paciência.

Ao meu Namorado **Alexandre**, pelo carinho, pela força e pelo companheirismo.

À Professora Orientadora, **Maria Cristina Varriale**, pelo dinamismo e orientação durante todo o período de aprendizado, de construção e elaboração do trabalho e também ao Professor Co-orientador **Luiz Alberto Díaz Rodrigues**, pela sua importante colaboração.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (**CNPq**) e também à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (**CAPES**).

À Universidade Federal do Rio Grande do Sul (**UFRGS**), juntamente ao Programa de Pós-Graduação em Matemática Aplicada (**PPGMAp**), por me oferecer esta oportunidade.

Aos meus **Amigos**, pois sem eles infinitas coisas não teriam sentido algum em minha vida e a todos que de alguma forma me acompanharam durante esta caminhada

... os meus mais sinceros **MUITO OBRIGADA!**

Sumário

AGRADECIMENTOS	iv
RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
1 INTRODUÇÃO	1
1.1 A Dengue	2
1.2 O Número Reprodutivo Básico - R_0	5
2 O MODELO BÁSICO SEIR CONTÍNUO PARA A TRANSMISSÃO DA DENGUE	8
2.1 O Modelo	8
2.2 Equilíbrios e Análise de sua Estabilidade	14
2.3 Adimensionalizando o Modelo	32
3 O MODELO SEIR DISCRETO PARA A TRANSMISSÃO DA DENGUE	35
3.1 Construção do Modelo	36
3.2 Equilíbrios do Sistema	41
4 O MODELO DISCRETO PARA A TRANSMISSÃO DA DENGUE COM MOVIMENTAÇÃO POR DIFUSÃO UTILIZANDO REDE DE MAPAS ACOPLADOS	52
4.1 Regras de Movimentação e Condições de Fronteira	53
4.2 Simulações	57
4.3 Comparativo entre os Modelos Sem e Com Estrutura Espacial	77
5 ESTRATÉGIAS DE CONTROLE DA DENGUE	80
5.1 Variando a Capacidade dos Criadouros - C	82
5.2 Variando a Área de Ação	87

6	CONSIDERAÇÕES FINAIS	97
APÊNDICE A	LINEARIZAÇÃO DE SISTEMAS CONTÍNUOS AUTÔNOMOS	101
APÊNDICE B	SOBRE AS RAÍZES DE UM POLINÔMIO . . .	105
B.1	As Condições de Routh-Hurwitz	105
B.2	Uma outra forma de analisar raízes de um polinômio	106
APÊNDICE C	PASSAGEM DO CONTÍNUO PARA O DIS- CRETO	108
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	113

RESUMO

A infecção pelo vírus da Dengue constitui atualmente um dos maiores problemas da saúde pública pelo mundo inteiro, porque se tornou doença re-emergente em várias regiões tropicais do mundo, inclusive no Brasil, e é causada por qualquer um de quatro sorotipos distintos. Por tratar-se da infecção viral urbana mais difundida no mundo, várias pesquisas em modelagem de epidemias têm se preocupado em fornecer uma fundamentação racional para tomadas de decisão, tais como adotar estratégias de vacinação ou outras estratégias, com o objetivo de controlar a propagação da doença. O objetivo deste trabalho é o de modelar e ilustrar algumas estratégias alternativas para erradicar esta doença infecciosa.

Partindo da versão básica do modelo epidemiológico determinístico compartimental contínuo SEIR (suscetíveis \rightarrow expostos \rightarrow infecciosos \rightarrow recuperados), como um sistema de oito equações diferenciais, determinamos os estados de equilíbrio e a sua análise de estabilidade local, e apresentamos algumas simulações numéricas, para ilustrar os resultados analíticos. A seguir, propomos um modelo discreto correspondente, do qual reconhecemos estados de equilíbrio livre da doença e estados de equilíbrio endêmico, e, através de um enfoque de rede de mapas acoplados, incluímos uma estrutura espacial na qual as populações se movimentam por difusão.

Por fim, mostramos, através de simulações numéricas, que a doença pode ser erradicada do ambiente todo, por meio da retirada de acumuladores de ovos dos mosquitos, em uma área parcial do habitat todo que está em equilíbrio endêmico; então, esta estratégia tem um efeito desestabilizante, no sentido de que a estabilidade do estado endêmico pode ser destruída, levando o habitat inteiro para o estado de equilíbrio livre da doença.

ABSTRACT

Dengue virus infection is nowadays one of the major worldwide public health problems, because it has become an important re-emerging disease in many tropical regions of the world, including Brazil, and it is caused by any one of four distinct serotypes. As the most widespread urban virus infection, several researches of epidemics modeling have focused on providing a rational basis for decision making, such as vaccination strategies or other strategies, in order to control the spread of this disease. The aim of this work is to model and illustrate some alternative strategies to eradicate this infectious disease.

Starting from the basic version of the SEIR (susceptible \rightarrow exposed \rightarrow infective \rightarrow removed) deterministic compartmental epidemic continuous model, as a system of eight differential equations, the equilibrium states and local stability analysis are carried out, and some numerical simulations are presented to illustrate the analytical results. Then we propose a discrete corresponding model, where we identify disease-free and endemic stable equilibrium states, and through a coupled map lattice approach, we include a spatial structure where the populations are allowed to follow a diffusive movement.

Finally, it is shown through numerical simulations that this disease can be eradicated from the overall environment by removing reservoirs of mosquito eggs from only a partial area of the habitat. Therefore, this strategy has a destabilizing effect, in the sense that the stability of the endemic state can be destructed and the entire habitat goes to the disease-free equilibrium state.

1 INTRODUÇÃO

Modelos matemáticos estão sendo bastante aplicados na área de epidemiologia e tem se tornado uma ferramenta importante na análise da propagação e controle de doenças infecciosas.

Um tipo de modelo muito utilizado para estudar a dinâmica de epidemias é o modelo compartimental, onde a população é dividida em compartimentos. Um indivíduo pertence a um ou outro compartimento dependendo do seu estado com relação à doença. Neste trabalho, os indivíduos podem ser classificados da seguinte forma:

a) **Suscetíveis**: os indivíduos nesta classe podem adquirir a doença se estiverem expostos a ela. O número de indivíduos suscetíveis é representado por S .

b) **Expostos ou Infectados**: são os indivíduos que adquirem a doença porém ainda não a passam para outro indivíduo, ou seja, estão incubando a doença. Se a doença não tiver este período de incubação, este compartimento não será incluído no modelo. O número de indivíduos expostos é representado por E .

c) **Infecciosos, infectivos ou Infectantes**: são os indivíduos que podem transmitir a doença para algum suscetível que entre em contato com ele. O número de indivíduos desta classe é representado por I .

e) **Removidos**: depois de infectados, os indivíduos ou se recuperam e adquirem imunidade para a doença ou então morrem. Dependendo da doença esse período de imunidade pode durar a vida toda (imunidade vitalícia) ou então durar apenas um período de tempo. Neste caso, os indivíduos voltam a ser suscetíveis, podendo contrair a doença novamente. O número de indivíduos desta classe é representado por R .

Quanto aos **tempos característicos** de uma doença, podemos ter:

a) **Período Latente:** é o período em que o indivíduo está infectado mas não transmite a doença. Este é o intervalo de tempo durante o qual o indivíduo permanece no compartimento dos expostos.

b) **Período Infecioso:** é o período durante o qual um indivíduo infeccioso pode passar a doença para um indivíduo suscetível. Este é o intervalo de tempo durante o qual o indivíduo permanece no compartimento dos infecciosos.

c) **Período de Recuperação:** é o período em que o indivíduo não é mais infeccioso e nem suscetível. Se o indivíduo se torna imune à doença, esse período equivale a todo o resto de sua vida.

Neste trabalho estudaremos modelos de transmissão do vírus da Dengue, seja com equações diferenciais (modelos com tempo contínuo) ou equações a diferenças (modelos com tempo discreto), sendo que a este último, acrescentaremos uma abordagem de rede de mapas acoplados, para representar a movimentação das populações tanto de mosquitos quanto de humanos.

1.1 A Dengue

As doenças infecciosas foram as principais causas das mortes durante o último milênio. A expectativa de vida era frequentemente limitada por recorrentes epidemias incontroladas. Depois da segunda guerra mundial, com a realização de pesquisas em termos de vacinação, antibióticos e melhorias das condições de vida, pensava-se que as doenças infecciosas fossem desaparecer. Porém, as doenças infecciosas continuam sendo a maior causa de mortalidade ainda hoje em dia (AIDS, Hepatite, Malária, Febre Amarela, Dengue e outras) (DEROUICH; BOUTAYEB, 2006).

A Dengue é uma arbovirose (virose transmitida de um hospedeiro para outro por meio de um ou mais tipos de artrópodes) causada por um vírus que é transmitido para o homem através da picada do mosquito *Aedes aegypti*, que, por

ser domiciliado, é um dos mais eficientes transmissores da dengue. Conforme Yang, Ferreira e Ternes (2003), ela possui somente um ciclo epidemiológico (urbana) e tem como principais elos o homem (hospedeiro) e o mosquito (vetor) .

A infecção se dá da seguinte forma: a fêmea do mosquito, suscetível, infecta-se com o vírus da dengue quando se alimenta de um indivíduo humano infectante (no período de viremia - período de transmissibilidade que ocorre quando houver vírus no sangue). Depois o mosquito passa um intervalo de tempo como infectado mas ainda não infeccioso, período este que vai desde a ingestão do sangue infectado até o momento em que é capaz de transmitir o vírus pela sua reuplicação nas glândulas salivares. Após esse período de incubação, o mosquito torna-se infectante (transmitindo o vírus) até a sua morte, sem nada sofrer e nem sequer apresenta lesões mínimas.

Com relação ao ser humano, quando um mosquito infectante injeta vírus da dengue no humano suscetível, durante a sua alimentação, este também passará por um período de incubação que em geral varia de 4 a 6 dias (no mínimo 3 dias e no máximo 10 dias). Passado este período, a dengue pode evoluir para sua forma assintomática ou para sua forma clássica com febre, mialgias (dores nos músculos dos ombros, pescoço, testa ou qualquer outro) e artralgias (que é a sintomatologia dolorosa associada a uma ou mais articulações) e posteriormente o indivíduo desenvolve imunidade específica de longa duração. A dengue pode ainda evoluir para a forma grave, conhecida como "Dengue Hemorrágica" ou Febre Hemorrágica da Dengue (FHD) / Síndrome do Choque da Dengue (SCD), que tem sintomas semelhantes aos da Dengue Clássica, no início do quadro clínico, porém evolui com tendência a hemorragias, dores abdominais intensas, palidez cutânea, pele pegajosa e fria, agitação, sonolência, dificuldade respiratória, pulso rápido e fraco, podendo levar o paciente ao choque e à morte. O mosquito macho não transmite a doença, pois alimenta-se da seiva de plantas.

Existem quatro sorotipos da dengue (Den 1, Den 2, Den 3 e Den 4), sendo que um indivíduo infectado por um sorotipo se torna imune para esse sorotipo

(CIRINO; SILVA, 2004). A dengue apresenta baixa imunidade cruzada (termo empregado quando um anticorpo induzido especificamente para um antígeno A é capaz de reconhecer um antígeno B contra o qual este não foi especificamente gerado), ocorrem as chamadas infecções secundárias após a primeira infecção por um determinado sorotipo, entretanto não há evidências que possa ocorrer uma reinfecção pelo mesmo sorotipo. Acredita-se que a infecção primária por um dos vírus ocasiona o quadro clássico da virose, porém ao ocorrer uma reinfecção por outro sorotipo, em um intervalo inferior a 5 anos, seria então desencadeado o quadro hemorrágico da dengue (YANG, 2003).

Neste trabalho, estudaremos um modelo SEIR (Suscetível, Exposto, Infecioso, Recuperado), considerando que um único sorotipo circula no ambiente.

A dengue é a virose urbana mais difundida no mundo. Com exceção da Europa, ocorre em todos os continentes. É uma doença de áreas tropicais e subtropicais, onde as condições do meio ambiente favorecem o desenvolvimento do mosquito *Aedes aegypti*.

No Brasil há relatos de prováveis epidemias de dengue no início deste século: em 1916, em São Paulo, e em 1923, em Niterói. Entretanto, a primeira epidemia documentada clínica e laboratorialmente ocorreu em Boa Vista, Roraima, em 1982.

A cada ano a doença vem se repetindo no Brasil, onde o maior número de casos se concentra no período de chuvas, que é a época em que as condições ambientais são propícias para o desenvolvimento e proliferação do mosquito vetor. A partir de 1994, as epidemias têm apresentado maior vulto, espalhando-se para todas as regiões geográficas.

De acordo com a Secretaria de Estado da Saúde de São Paulo, os primeiros casos de dengue hemorrágica apareceram no Rio de Janeiro em 1990, com a introdução de um novo sorotipo, o Den 2. Com a disseminação desse sorotipo para outras regiões do país, infectando pessoas que já haviam contraído a doença an-

teriormente, foram surgindo casos de dengue hemorrágica em outros estados (Ceará, Espírito Santo, Rio Grande do Norte, Pernambuco e Rio de Janeiro). De acordo com a Organização Mundial da Saúde (OMS), atualmente, a dengue é a arbovirose mais comum que atinge o homem e estima-se que entre 50 a 100 milhões de pessoas se infectem anualmente, em mais de 100 países.

Yang e Ferreira (2008) afirmam que a erradicação do mosquito (vetor) através de mecanismos de controle tem sido uma estratégia adotada para prevenir as ocorrências de surtos de dengue, pois as vacinas contra a dengue ainda não estão disponíveis (encontram-se em fase experimental). Entre essas estratégias, podemos citar a utilizada por Esteva e Yang (2006), que sugere e apresenta um modelo matemático para se controlar o mosquito transmissor da dengue, usando uma técnica de liberação de mosquitos machos estéreis. Outra estratégia será por nós apresentada e analisada, e consistirá em reduzir os acumuladores de ovos dos mosquitos.

1.2 O Número Reprodutivo Básico - R_0

O número reprodutivo básico (ou taxa reprodutiva básica) R_0 é o número médio de indivíduos diretamente infectados por um indivíduo infeccioso durante todo o seu período infeccioso, quando ele entra em uma população totalmente suscetível (GIESECKE, 2002).

Um exemplo disso pode ser esquematizado como na Figura 1.1, onde uma determinada doença é levada para dentro do grupo onde indicamos "início". Nesta figura, as circunferências representam indivíduos; quando vazias são suscetíveis; quando preenchidas são infecciosos e o número de suscetíveis para os quais um infeccioso passa a doença está indicado no esquema.

Passado um certo tempo, teremos um total de 15 infectados que pegaram a doença, através de 10 indivíduos infecciosos. A média de $\frac{15}{10} = 1,5$ indivíduos infectados por um indivíduo infeccioso implica que $R_0 = 1,5$.

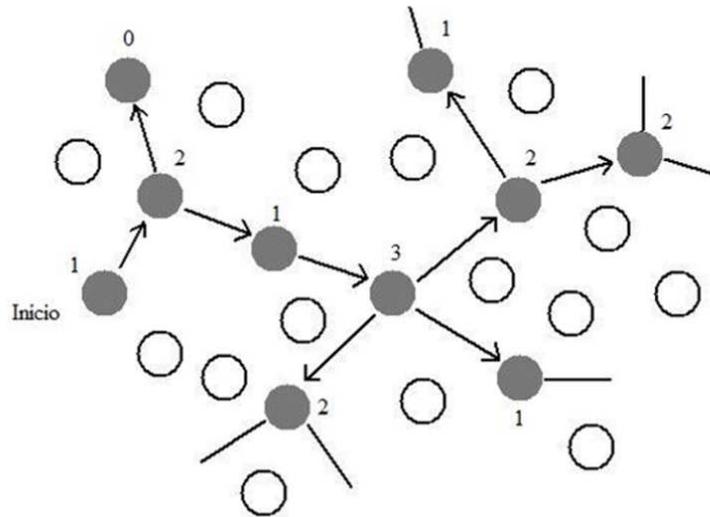


Figura 1.1: Esquema de espalhamento de uma infecção na população durante o período infeccioso.

Se uma doença confere imunidade após a infecção, então o número de suscetíveis decrescerá com o tempo e aumentará o número de contatos de pessoas infecciosas com pessoas imunes. A taxa reprodutiva atual, R , então decresce com o espalhamento da infecção mas a taxa *reprodutiva básica* R_0 não é afetada com isto.

A questão é: quando poderá ocorrer uma epidemia?

Na situação apresentada na Figura 1.1, a média foi de que toda pessoa infecciosa passou a doença para mais do que uma pessoa suscetível induzindo que a condição necessária para uma epidemia é que R_0 seja maior que 1. Assim, existe três situações possíveis:

1^a) $R_0 > 1$: existirá uma epidemia, pois o número de indivíduos infectados sempre aumentará.

2^a) $R_0 = 1$: a doença se tornará endêmica, ou seja, permanecerá na meio porém de forma controlada.

3^a) $R_0 < 1$: após um certo tempo a doença desaparecerá, já que as novas ondas de infecção na população consistirão de menos indivíduos do que a anterior.

No decorrer do trabalho surgirão novos parâmetros, cujas definições serão apresentadas no contexto, conforme a necessidade.

Em nosso trabalho, o capítulo 2 será dedicado à descrição da transmissão da dengue através de um modelo básico SEIR contínuo, com equações diferenciais, proposto por Yang et al. (2009). No capítulo 3, proporemos e estudaremos um modelo SEIR discreto, governado por equações a diferenças baseadas no modelo contínuo apresentado no capítulo 2. No capítulo 4, o espaço será incluído no modelo proposto no capítulo 3, usando a abordagem de redes de mapas acoplados, onde incluiremos mobilidade das populações.

Uma técnica de controle será sugerida e analisada no capítulo 5, onde mostraremos que uma retirada de acumuladores de ovos dos mosquitos, em uma área parcial do habitat todo que está em situação endêmica, pode promover o controle da doença levando todo o habitat ao equilíbrio livre da doença. Conclusões e sugestões para trabalhos futuros serão apresentadas no capítulo 6. Complementarmente, alguns cálculos auxiliares serão apresentados nos apêndices.

2 O MODELO BÁSICO SEIR CONTÍNUO PARA A TRANSMISSÃO DA DENGUE

Modelos contínuos podem ser representados por Sistemas de Equações Diferenciais Ordinárias, cuja variável independente é geralmente o tempo, ou por Sistemas de Equações Diferenciais Parciais, quando consideramos como variáveis independentes, além do tempo, as variáveis "espaço" e/ou possivelmente alguma outra variável independente.

2.1 O Modelo

O Modelo Básico SEIR Contínuo que apresentaremos a seguir é aquele proposto por Yang et al. (2009), constituído por um sistema de equações diferenciais ordinárias, cuja variável independente é o tempo. Como o vírus da dengue se propaga por causa da interação entre a população humana e a dos mosquitos *Aedes aegypti* em áreas urbanas, o modelo compartimental modelará a variação de ambas as populações. Também será considerada apenas a população de fêmeas pois apenas elas são hematófagas.

A espécie humana será dividida em quatro grupos: 1) os Suscetíveis, 2) os Expostos (ou Infectados), 3) os Infecciosos e 4) os Recuperados, sendo que estes últimos adquirem imunidade após a recuperação; as populações desses grupos serão representadas, respectivamente, pelas letras S, E, I e R.

A espécie de mosquitos também será dividida em 4 grupos: 1) o grupo que inclui as Fases Ovo, Larva e Pupa que será denominando como Fase Aquática, 2) os Suscetíveis, 3) os Expostos (ou Infectados) e 4) os Infecciosos, sendo que estes não se recuperam pois a expectativa de vida do mosquito é muito pequena quando comparada com a do vírus da dengue; as populações desses grupos serão representadas, respectivamente, pelas letras A, M_1 , M_2 e M_3 .

O modelo básico SEIR contínuo, que escreveremos abaixo, resulta das seguintes hipóteses e considerações:

Representando por ϕ a taxa de oviposição das fêmeas, por k ($0 < k < 1$) a fração de ovos viáveis (a mortalidade dos ovos está imbutida) que se transformarão em larvas e sendo f ($0 < f < 1$) a fração destes que são fêmeas, tem-se que $kf\phi$ é a taxa de crescimento intrínseco *per capita* da população de mosquitos fêmeas na Fase Aquática. Considerando que toda a população de mosquitos fêmeas, seja ela suscetível, infectada ou infecciosa, contribuem para a oviposição, e sendo C a capacidade dos criadouros em que os mosquitos colocam seus ovos, concluímos que

$$kf\phi(M_1 + M_2 + M_3) \left(1 - \frac{A}{C}\right)$$

é a taxa de variação da população A neste compartimento, devida ao seu crescimento intrínseco.

Para completar a equação diferencial para a população $A(t)$, acrescentamos dois termos para a taxa de redução desta população: um desses termos, relacionado com o aumento da população de mosquitos fêmea suscetíveis, na medida em que ocorre a eclosão das pupas e o outro, relacionado com a mortalidade na Fase Aquática (a mortalidade larva/pupa). Considerando que ambas as reduções ocorrem a uma taxa proporcional à população A , e sendo π_q e μ_q as constantes de proporcionalidade respectivas, obtemos a equação diferencial para $\frac{dA}{dt}$ sob a forma

$$\frac{dA}{dt} = kf\phi(M_1 + M_2 + M_3) \left(1 - \frac{A}{C}\right) - (\pi_q + \mu_q)A. \quad (2.1)$$

Conforme comentado anteriormente, a eclosão das pupas, representada pelo termo $\pi_q A$, leva ao aumento da população M_1 de mosquitos fêmeas suscetíveis. Considerando que $\frac{1}{\mu_f}$ é a expectativa de vida dos mosquitos fêmeas suscetíveis, temos que $\mu_f M_1$ é a taxa de morte da população M_1 . Por outro lado, mosquitos fêmeas suscetíveis tornam-se infectados ao picarem humanos infecciosos; supondo que isto ocorra a uma taxa total $\beta_m I M_1$ proporcional a ambas as populações M_1 e I , obtemos, para a taxa de variação $\frac{dM_1}{dt}$ da população de mosquitos fêmeas suscetíveis, a seguinte

equação diferencial:

$$\frac{dM_1}{dt} = \pi_q A - \beta_m I M_1 - \mu_f M_1. \quad (2.2)$$

Os mosquitos fêmeas suscetíveis que picaram humanos infecciosos, deixam a classe dos suscetíveis e vão para a classe M_2 dos infectados. Considerando que $\frac{1}{\mu_f}$ é a expectativa de vida dos mosquitos fêmeas infectados (a mesma dos mosquitos fêmeas suscetíveis), temos que $\mu_f M_2$ é a taxa de morte desta população.

Além disso, representando por $\frac{1}{\gamma}$ o período médio de incubação dos mosquitos, tem-se que γM_2 será a taxa com a qual os mosquitos fêmeas infectados saem desta classe, passando para a classe dos infecciosos. Assim, para a taxa de variação $\frac{dM_2}{dt}$ da população de mosquitos fêmeas infectados, temos

$$\frac{dM_2}{dt} = \beta_m I M_1 - \gamma M_2 - \mu_f M_2. \quad (2.3)$$

Além dos mosquitos que saem do compartimento dos infectados e passam para o compartimento dos infecciosos a uma taxa γM_2 , supõe-se que os mosquitos infecciosos morram a uma taxa $\mu_f M_3$, dado que $\frac{1}{\mu_f}$ seja a sua expectativa de vida (a mesma dos mosquitos fêmeas suscetíveis e também dos infectados). Como a população de mosquitos fêmeas não se recupera, ou seja, eles sempre transmitirão a doença durante o seu curto período de vida (quando comparado com a do vírus da dengue), a taxa de variação $\frac{dM_3}{dt}$ da população de mosquitos fêmeas infecciosos tem a forma

$$\frac{dM_3}{dt} = \gamma M_2 - \mu_f M_3. \quad (2.4)$$

Resta ainda escrever as equações diferenciais para as taxas de variação das populações S , E , I e R da espécie humana.

Como a duração de uma geração na população de mosquitos fêmea é de alguns dias, enquanto que na população de humanos é de dezenas de anos, esta é muito maior que aquela, o que justifica trabalhar com a população de humanos constante (N), isto é, com a taxa de natalidade *per capita* μ igual à de mortalidade

per capita (as mortes são repostas por recém nascidos e $\frac{1}{\mu}$ a expectativa de vida em cada compartimento).

Representando por N o tamanho da população total de humanos ($N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$) e por μ as taxas de nascimento e morte *per capita* da população de humanos suscetíveis, e considerando que a população de humanos, sejam suscetíveis, infectados, infecciosos ou recuperados, todos geram filhos suscetíveis, de modo que μN é a taxa de nascimento da população de humanos e μS é a taxa de morte da população de humanos suscetíveis. Por outro lado, os humanos suscetíveis são infectados durante a alimentação dos mosquitos infecciosos. Supondo que isto ocorra a uma taxa $\beta_h M_3 S$, que depende da frequência de picadas dadas nos humanos suscetíveis pelos mosquitos infecciosos, obtemos, para a taxa de variação $\frac{dS}{dt}$ da população humanos suscetíveis, a equação diferencial:

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \beta_h M_3 S - \mu S. \quad (2.5)$$

Os humanos suscetíveis que foram picados por mosquitos fêmeas infecciosos, deixam a classe dos suscetíveis e vão para a classe dos infectados. Por outro lado, sendo $\frac{1}{\alpha}$ o período médio de incubação, temos que αE é a taxa de humanos infectados que saem desta classe e passam para a classe dos infecciosos. Lembrando, ainda, que μE é a taxa de morte da população de humanos infectados, obtemos, para a taxa de variação $\frac{dE}{dt}$ da população de humanos infectados, a equação diferencial:

$$\frac{dE}{dt} = \beta_h M_3 S - \alpha E - \mu E. \quad (2.6)$$

Além dos humanos que saem do compartimento dos infectados e passam para o compartimento dos infecciosos a uma taxa αE , supõe-se que $\frac{1}{\eta}$ seja o período médio de recuperação, isto é, que os humanos infecciosos se recuperem e adquiram imunidade a uma taxa ηI . Lembrando, ainda, que μI é a taxa de morte da população de humanos infecciosos, obtemos para a taxa de variação $\frac{dI}{dt}$ da população de humanos infecciosos, a equação diferencial:

$$\frac{dI}{dt} = \alpha E - \eta I - \mu I. \quad (2.7)$$

Ao adquirirem imunidade, os humanos infecciosos saem da classe dos infecciosos e vão para a classe dos recuperados; e estes, por sua vez, morrem a uma taxa μR . Assim, para a taxa de variação $\frac{dR}{dt}$ da população de humanos recuperados, temos:

$$\frac{dR}{dt} = \eta I - \mu R. \quad (2.8)$$

Na Figura 2.1, temos o fluxograma deste modelo para a propagação do vírus da dengue e que corresponde ao seguinte sistema de equações diferenciais:

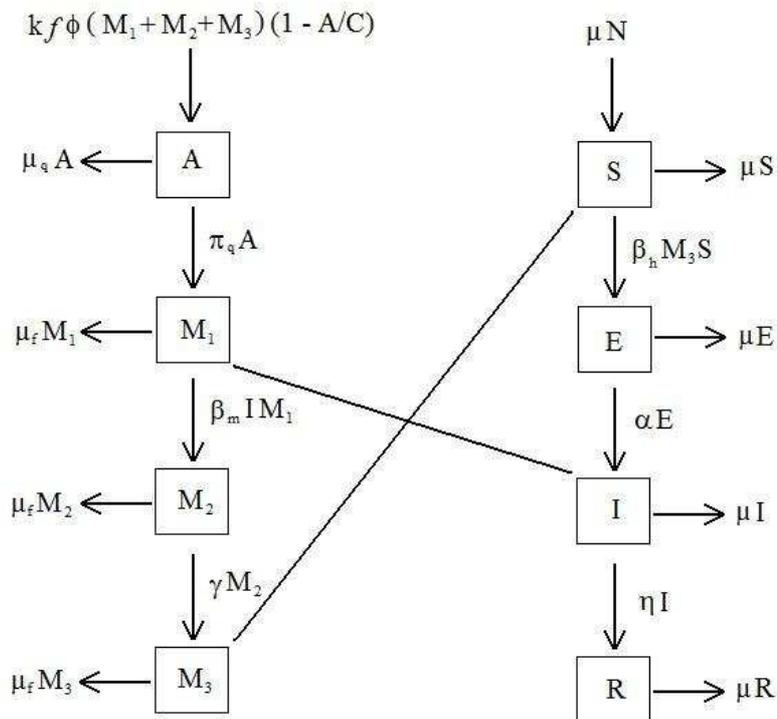


Figura 2.1: Fluxograma representando como se dá a transmissão do vírus da dengue, onde na coluna do lado direito temos os compartimentos da população de humanos e na coluna do lado esquerdo temos os compartimentos da população de mosquitos fêmeas.

- População de Mosquitos Fêmeas

$$\frac{dA}{dt} = kf\phi(M_1 + M_2 + M_3) \left(1 - \frac{A}{C}\right) - (\pi_q + \mu_q)A, \quad (2.9)$$

$$\frac{dM_1}{dt} = \pi_q A - (\beta_m I + \mu_f)M_1, \quad (2.10)$$

$$\frac{dM_2}{dt} = \beta_m I M_1 - (\gamma + \mu_f)M_2, \quad (2.11)$$

$$\frac{dM_3}{dt} = \gamma M_2 - \mu_f M_3. \quad (2.12)$$

- População de Humanos

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - (\beta_h M_3 + \mu)S, \quad (2.13)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta_h M_3 S - (\alpha + \mu)E, \quad (2.14)$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha E - (\eta + \mu)I, \quad (2.15)$$

$$\frac{dR}{dt} = \eta I - \mu R. \quad (2.16)$$

Das equações diferenciais (2.13)-(2.16), podemos verificar que

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dE}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = \mu N - \mu(S + E + I + R) = 0,$$

visto que $S + E + I + R = N$, confirmando a hipótese de que a população total de humanos é constante, na escala de tempo em consideração.

As equações para as populações S , E , I e R podem ser divididas pela população contante N , e assim serem escritas em termos de *frações de indivíduos* s , e , i e r que são, respectivamente, suscetíveis, expostos (ou infectados), infecciosos e recuperados, onde para a soma, tem-se:

$$s + e + i + r = 1, \quad (2.17)$$

e cada uma delas poderá assumir valores no intervalo $[0, 1]$.

O novo sistema a ser considerado é, portanto:

$$\frac{dA}{dt} = kf\phi(M_1 + M_2 + M_3) \left(1 - \frac{A}{C}\right) - (\pi_q + \mu_q)A, \quad (2.18)$$

$$\frac{dM_1}{dt} = \pi_q A - (\beta_m i + \mu_f)M_1, \quad (2.19)$$

$$\frac{dM_2}{dt} = \beta_m i M_1 - (\gamma + \mu_f)M_2, \quad (2.20)$$

$$\frac{dM_3}{dt} = \gamma M_2 - \mu_f M_3, \quad (2.21)$$

$$\frac{ds}{dt} = \mu - (\beta_h M_3 + \mu)s, \quad (2.22)$$

$$\frac{de}{dt} = \beta_h M_3 s - (\alpha + \mu)e, \quad (2.23)$$

$$\frac{di}{dt} = \alpha e - (\eta + \mu)i, \quad (2.24)$$

$$\frac{dr}{dt} = \eta i - \mu r. \quad (2.25)$$

sendo que as quatro primeiras foram renumeradas, mas são as mesmas (2.9)-(2.12) obtidas anteriormente.

As variáveis e os parâmetros envolvidos neste modelo são todos positivos. Suas dimensões são as seguintes:

$$[M_1] = [M_2] = [M_3] = [A] = [C] = [\text{população de mosquitos}],$$

$$[kf\phi] = [\pi_q] = [\mu_q] = [\mu_f] = [\beta_m] = [\gamma] = [\mu] = [\alpha] = [t]^{-1},$$

$$[\beta_h] = [t]^{-1}[\text{população de humanos}]^{-1}.$$

2.2 Equilíbrios e Análise de sua Estabilidade

Em Epidemiologia podemos observar as seguintes situações:

- a) A população não tem a doença em seu meio e está livre de contraí-la (equilíbrio livre da doença);

- b) A população pode ter a doença em seu meio, ela pode contraí-la, porém a doença se propaga de maneira controlada após um certo tempo (equilíbrio endêmico);
- c) A maioria ou até a totalidade da população pode ter a doença, e ela se espalha de maneira muito rápida e incontrolável atingindo picos que podem voltar a aparecer periodicamente ou então depois de um certo tempo vir a ser controlada.

Dado que um dos principais problemas é o de como controlar a transmissão da dengue de forma que não ocorram epidemias, estamos interessados em saber quando e sob que condições o equilíbrio livre da doença é estável.

No que segue, identificaremos no nosso modelo epidemiológico os tipos de equilíbrio acima apresentados.

Considerando o modelo representado pelo sistema (2.18)-(2.25), os pontos de equilíbrios são os pontos

$$(A^*, M_1^*, M_2^*, M_3^*, s^*, e^*, i^*, r^*),$$

que satisfazem o sistema obtido igualando a zero todas as taxas de variação. Observamos, entretanto, que, para o estudo da estabilidade dos pontos de equilíbrio deste sistema, podemos trabalhar sem o compartimento dos recuperados r , pois esse compartimento não influencia no comportamento dos demais, e de (2.17) poderemos obter seu valor fazendo $r = 1 - s - e - i$.

Resolvendo

$$\frac{dA}{dt} = 0, \quad \frac{dM_1}{dt} = 0, \quad \frac{dM_2}{dt} = 0, \quad \frac{dM_3}{dt} = 0, \quad \frac{ds}{dt} = 0, \quad \frac{de}{dt} = 0, \quad \frac{di}{dt} = 0,$$

e calculando r a partir de (2.17), encontramos três pontos de equilíbrio que são:

- 1º) O equilíbrio S_0 , que é caracterizado pela ausência de mosquitos e a população humana é toda suscetível;

- 2º) O equilíbrio S_m , que é caracterizado por termos a população de humanos e de mosquitos coexistindo porém livre de doença; a população de humanos é toda suscetível e não existe mosquito infectado (nem infeccioso);
- 3º) O equilíbrio S_d , que é o nível endêmico, ou seja, as populações tem a doença no meio delas, de forma controlada (equilibrada).

No que segue, adotaremos a seguinte sequência de passos para cada um dos equilíbrios acima mencionados:

- Identificação das populações de equilíbrio em cada compartimento;
- Análise da estabilidade - para tanto, faremos uso de conhecimentos auxiliares apresentados nos Apêndices A e B; esta análise levará à definição de parâmetros de bifurcação adimensionais, que representaremos por Q_0 e R_0 ;
- Resolução numérica do sistema, que nos possibilitará acompanhar o comportamento do sistema ao longo do tempo, antes de atingir o equilíbrio em questão; para isto atribuiremos valores convenientes aos parâmetros e às condições iniciais, em cada situação. Nessas condições iniciais, além de obedecer a equação (2.17) para a população de humanos, adotamos para os mosquitos um número de 200 para $A(0)$, e um total de 1000 para a soma $M_1(0) + M_2(0) + M_3(0)$ de mosquitos fêmeas adultos.

O método numérico adotado para resolver o sistema (2.18)-(2.25) será o de Runge-Kutta de quarta ordem, cujo erro total acumulado é de ordem h^4 . O passo utilizado foi $h = 0,01$. Como ferramenta matemática, utilizou-se o software Maple.

1º) Equilíbrio sem mosquitos S_0

O equilíbrio sem mosquitos (e como consequência livre da dengue) é dado por

$$(A^*; M_1^*; M_2^*; M_3^*; s^*; e^*; i^*; r^*) = (0; 0; 0; 0; 1; 0; 0; 0), \quad (2.26)$$

ou seja, toda a população de humanos suscetíveis permanece suscetível por não haver o vetor, que é o elo de ligação entre o vírus da dengue e a população de humanos.

Linearizando o sistema (2.18)-(2.25) (sem o compartimento dos recuperados) próximo ao ponto de equilíbrio S_0 , temos que a matriz Jacobiana do sistema, aplicada no ponto de equilíbrio (ver equação (A.7) do Apêndice A) é dada por

$$J_{S_0} = \begin{pmatrix} -\pi_q - \mu_q & kf\phi & kf\phi & kf\phi & 0 & 0 & 0 \\ \pi_q & -\mu_f & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\gamma - \mu_f & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu_f & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\beta_h & -\mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \beta_h & 0 & -\alpha - \mu & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \alpha & -\eta - \mu \end{pmatrix}. \quad (2.27)$$

Para que este ponto de equilíbrio seja linearmente estável, todos os autovalores do sistema deverão ter parte real negativa. Os autovalores λ_j ($j = 1, 2, \dots, 7$) são as raízes do seguinte polinômio característico de grau 7:

$$P(\lambda) = (\eta + \mu + \lambda)(\alpha + \mu + \lambda)(\mu + \lambda)(\mu_f + \lambda)(-\gamma - \mu_f - \lambda)((-\pi_q - \mu_q - \lambda)(-\mu_f - \lambda) - kf\phi\pi_q),$$

de onde, de imediato, obtemos cinco raízes:

$$\lambda_1 = -(\eta + \mu), \quad \lambda_2 = -(\mu + \alpha), \quad \lambda_3 = -\mu, \quad \lambda_4 = -\mu_f \quad e \quad \lambda_5 = -(\gamma + \mu_f), \quad (2.28)$$

que são certamente reais e negativas, visto que η , μ , α , μ_f e γ são todas constantes positivas, e as outras duas raízes satisfazem $G(\lambda) = 0$, onde

$$\begin{aligned} G(\lambda) &= (-\pi_q - \mu_q - \lambda)(-\mu_f - \lambda) - kf\phi\pi_q = \\ &= \lambda^2 + (\pi_q + \mu_q + \mu_f)\lambda + \mu_f\pi_q + \mu_q\mu_f - kf\phi\pi_q. \end{aligned} \quad (2.29)$$

Para analisarmos o sinal dos autovalores do polinômio $G(\lambda)$ representado por (2.29) usaremos as condições de Routh-Hurwitz (ver seção B.1 do Apêndice B), que neste caso estabelecem como condições necessárias e suficientes para que as duas raízes de $G(\lambda) = \lambda^2 + a_1\lambda + a_2$ tenham parte real negativa:

1^a) O coeficiente do termo linear $a_1 = (\pi_q + \mu_q + \mu_f)$, deve ser positivo (da equação (B.3));

2^a) O termo independente $a_2 = \mu_f\pi_q + \mu_q\mu_f - kf\phi\pi_q$ também deve ser positivo (da equação (B.2)).

Observamos que a_1 é sempre positivo pois $\pi_q > 0$, $\mu_q > 0$ e $\mu_f > 0$.

O termo independente a_2 é positivo quando

$$Q_0 < 1,$$

onde definimos o parâmetro adimensional:

$$Q_0 \equiv \frac{kf\phi\pi_q}{\mu_f(\pi_q + \mu_q)} = \frac{kf\phi}{\mu_f} \frac{\pi_q}{(\pi_q + \mu_q)}, \quad (2.30)$$

que pode ser interpretado como o número de descendência básico, pois o fator $\frac{kf\phi}{\mu_f}$ representa a probabilidade de que ovos colocados pelos mosquitos fêmeas sejam viáveis, transformando-se em larvas de mosquitos fêmeas durante o seu período de vida, e o fator $\frac{\pi_q}{(\pi_q + \mu_q)}$ representa a probabilidade de que um indivíduo do compartimento A sobreviva ao período "aquático" e passe para seu estado suscetível.

Portanto Q_0 , definido em (2.30), é o número de descendentes de mosquitos fêmeas que sobrevivem e se tornam mosquitos fêmeas suscetíveis, e, quando $Q_0 < 1$, o ponto de equilíbrio sem mosquitos é **assintoticamente linearmente estável**.

Das resoluções numéricas, apresentamos os gráficos obtidos para o comportamento das populações de mosquitos e humanos suscetíveis (Figura 2.2), bem como de mosquitos e humanos infecciosos (Figura 2.3), para valores de parâmetros tais que $Q_0 < 1$.

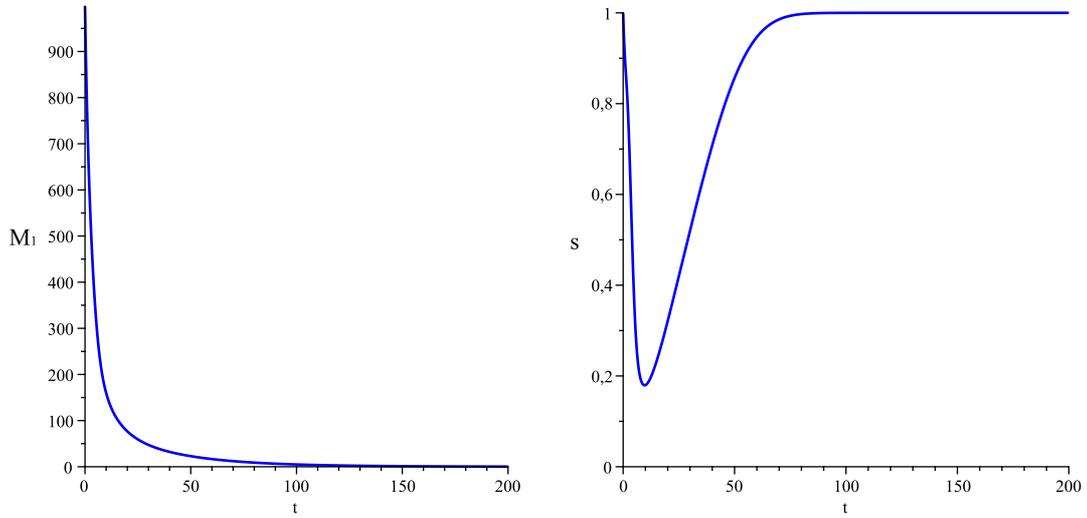


Figura 2.2: Gráficos das populações de mosquitos e humanos suscetíveis, da solução do sistema (2.18)-(2.25), quando os parâmetros são tais que $Q_0 < 1$.

Observamos nas Figuras 2.2 e 2.3, que a população de mosquitos suscetíveis M_1 , mosquitos infecciosos M_3 e humanos infecciosos i tendem a zero, enquanto que a população de humanos suscetíveis s tende ao valor máximo 1, o que está de acordo com as coordenadas do ponto de equilíbrio, determinado em (2.26).

Para esses gráficos foram adotados os seguintes valores para os parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 500$, $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,4$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,09$; $\alpha = 0,6$ e $\eta = 0,5$ resultando em

$$Q_0 = \frac{kf\phi\pi_q}{\mu_f(\pi_q + \mu_q)} = 0,8000000000 < 1,$$

e condições iniciais: $A^0 = 200$, $M_1^0 = 998$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 2$, $s^0 = 1$, $e^0 = 0$, $i^0 = 0$ e $r^0 = 0$.

Nos gráficos obtidos através da resolução numérica do sistema, observamos que inicialmente há um crescimento do número de mosquitos infecciosos M_3 e de humanos infecciosos i , e uma redução no número de mosquitos suscetíveis M_1 e de humanos suscetíveis s , mas após um certo tempo, o comportamento de M_3 , i ,

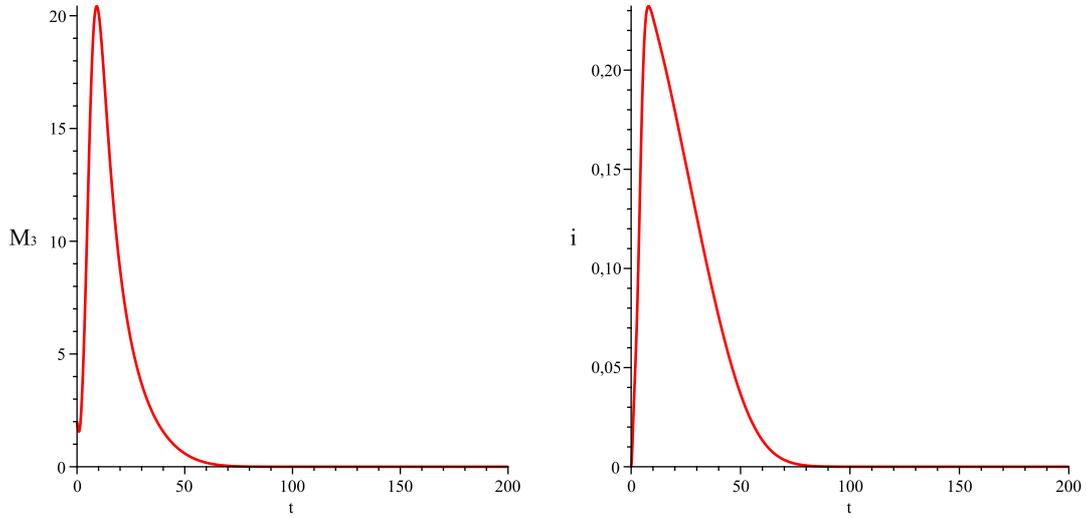


Figura 2.3: Gráficos das populações de mosquitos e humanos infecciosos, da solução do sistema (2.18)-(2.25), quando os parâmetros são tais que $Q_0 < 1$.

s é alterado até que, em $t = 200$, as populações de cada compartimento são:

$$\begin{aligned}
 A &= 7,4126 \times 10^{-11} \simeq 0, \\
 M_1 &= 9,9442 \times 10^{-11} \simeq 0, \\
 M_2 &= 1,9357 \times 10^{-168} \simeq 0, \\
 M_3 &= 7,3731 \times 10^{-158} \simeq 0, \\
 s &= 0,9999 \simeq 1, \\
 e &= 1,1059 \times 10^{-158} \simeq 0, \\
 i &= 1,3271 \times 10^{-158} \simeq 0, \\
 r &= 3,76 \times 10^{-8} \simeq 0,
 \end{aligned}$$

o que está muito próximo do ponto de equilíbrio calculado.

Podemos concluir que, inicialmente, houve um espalhamento da doença (epidemia: $\frac{di}{dt} > 0$), infectando aproximadamente 24% da população de humanos. Com o passar do tempo, a população de humanos volta a ser toda suscetível e, a doença, passa a ser eliminada do meio. Com relação à população de mosquitos infecciosos que inicialmente também cresce, após passar por um valor máximo, diminui,

tendendo a zero com o passar do tempo. A população de mosquitos suscetíveis também desaparece do ambiente após um certo tempo.

Este ponto de equilíbrio, para $Q_0 < 1$, é do tipo **a**), segundo classificação no início desta seção, ou seja, após um certo tempo (em torno de $t = 100$ nos gráficos apresentados) a doença não está mais no meio e não se poderá contraí-la. A população de mosquitos foi à extinção e a população de humanos é toda suscetível. Se tomarmos valores de parâmetros de tal forma que $Q_0 > 1$, este ponto de equilíbrio seria instável.

2º) Equilíbrio S_m com mosquitos mas livre de doença

O equilíbrio com mosquitos porém livre da dengue é dado por

$$(A^*; M_1^*; M_2^*; M_3^*; s^*; e^*; i^*; r^*) = \left(C \left(1 - \frac{1}{Q_0} \right); \frac{\pi_q}{\mu_f} C \left(1 - \frac{1}{Q_0} \right); 0; 0; 1; 0; 0; 0 \right), \quad (2.31)$$

onde, na população de humanos, todos são suscetíveis e também na população de mosquitos adultos existem apenas mosquitos suscetíveis, ou seja, não há vírus da dengue circulando no meio.

Para que este ponto de equilíbrio exista, ou seja, para que seja biologicamente viável, é necessário que $Q_0 > 1$.

Linearizando o sistema (2.18)-(2.25) (sem o compartimento dos recuperados) próximo ao ponto de equilíbrio S_m , a matriz Jacobiana J_{S_m} (ver equação (A.7) do Apêndice A) neste equilíbrio é dada por

$$\begin{pmatrix} -\frac{kf\phi\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) - \pi_q - \mu_q & \frac{kf\phi}{Q_0} & \frac{kf\phi}{Q_0} & \frac{kf\phi}{Q_0} & 0 & 0 & 0 \\ \pi_q & -\mu_f & 0 & 0 & 0 & 0 & -\frac{\beta_m C \pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) \\ 0 & 0 & -\gamma - \mu_f & 0 & 0 & 0 & \frac{\beta_m C \pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu_f & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\beta_h & -\mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \beta_h & 0 & -\alpha - \mu & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \alpha & -\eta - \mu \end{pmatrix}. \quad (2.32)$$

Para que este ponto de equilíbrio seja linearmente estável, todos os autovalores do sistema deverão ter parte real negativa. Os autovalores λ_j ($j = 1, 2, \dots, 7$) são as raízes do seguinte polinômio característico de grau 7:

$$P(\lambda) = (-\mu - \lambda)H_1(\lambda)H_2(\lambda), \quad (2.33)$$

onde

$$H_1(\lambda) = h_1(\lambda) - \frac{kf\phi\pi_q}{Q_0}, \quad (2.34)$$

$$H_2(\lambda) = h_2(\lambda) - \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right), \quad (2.35)$$

com

$$\begin{aligned} h_1(\lambda) &= (-\mu_f - \lambda) \left(-kf\phi \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) - \pi_q - \mu_q - \lambda \right), \\ h_2(\lambda) &= (-\alpha - \mu - \lambda)(-\gamma - \mu_f - \lambda)(-\eta - \mu - \lambda)(-\mu_f - \lambda). \end{aligned}$$

Da equação (2.33) temos de imediato um autovalor: $\lambda_1 = -\mu$, que é real e negativo; os outros seis autovalores correspondem às raízes dos polinômios $H_1(\lambda)$ e $H_2(\lambda)$.

Para verificarmos que o polinômio H_1 tem seus autovalores com parte real negativa, utilizaremos as condições de Routh-Hurwitz e, para mostrarmos que os autovalores de H_2 também tem parte real negativa, bastará encontrar condições para que o termo independente de H_2 seja positivo (ver seção B.2 do Apêndice B).

Autovalores de H_1 : Podemos escrever H_1 sob a forma:

$$\lambda^2 + b_1\lambda + b_2,$$

onde

$$b_1 = kf\phi\pi_q \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) + \pi_q + \mu_q + \mu_f, \quad (2.36)$$

$$b_2 = kf\phi\pi_q \left(1 - \frac{2}{Q_0}\right) + \mu_f(\pi_q + \mu_q). \quad (2.37)$$

As condições necessárias e suficientes para que as duas raízes de $H_1(\lambda)$ tenham ambas parte real negativa são:

1^a) O coeficiente do termo linear b_1 , deve ser positivo (da equação (B.3));

2^a) O termo independente b_2 também deve ser positivo (da equação (B.2));

Observe que o coeficiente b_1 é sempre positivo, pois $Q_0 > 1$ e os parâmetros k, f, ϕ, π_q, μ_f e μ_q , são todos positivos.

O termo independente b_2 certamente é positivo pois, partindo de $b_2 > 0$, obtém-se:

$$\begin{aligned} kf\phi\pi_q \left(\frac{2}{Q_0} - 1\right) < \mu_f(\pi_q + \mu_q) &\Leftrightarrow \\ \frac{kf\phi\pi_q}{\mu_f(\pi_q + \mu_q)} \left(\frac{2}{Q_0} - 1\right) < 1 &\Leftrightarrow \\ Q_0 \left(\frac{2}{Q_0} - 1\right) < 1 &\Leftrightarrow \\ Q_0 > 1 \quad \text{Ok!!} \end{aligned}$$

Autovalores de H_2 : Como mostrado na seção B.2, basta analisarmos o termo independente de $H_2(\lambda)$, que é de grau 4, dado por:

$$a_4 = (\gamma + \mu_f)\mu_f(\alpha + \mu)(\eta + \mu) - \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right),$$

e, juntamente com os resultados da seção B.2, do Apêndice B, concluímos que os autovalores de H_2 são reais e ainda que a_4 é positivo quando:

$$\begin{aligned} (\gamma + \mu_f)\mu_f(\alpha + \mu)(\eta + \mu) - \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) &> 0 \Leftrightarrow \\ (\gamma + \mu_f)\mu_f(\alpha + \mu)(\eta + \mu) &> \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) \Leftrightarrow \\ R_0 &< 1 \end{aligned}$$

onde definimos o parâmetro adimensional

$$R_0 \equiv \frac{\alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right)}{(\gamma + \mu_f)\mu_f(\alpha + \mu)(\eta + \mu)}, \quad (2.38)$$

que é o número reprodutivo básico do modelo, pois ele é o limiar para que este equilíbrio seja ou não estável.

Portanto, para $R_0 < 1$, os autovalores são negativos.

Para interpretarmos o número reprodutivo básico R_0 dado por (2.38), substituiremos nesta equação β_m por $N\beta'_m$, onde N é a população de humanos e assumiremos que um mosquito é introduzido dentro de um meio onde, em ambas as populações de humanos e de mosquitos, todos são suscetíveis.

A expressão (2.38) para R_0 pode ser reescrita sob a forma

$$R_0 = \frac{\gamma}{\gamma + \mu_f} \frac{\bar{M}\beta_h}{\mu_f} \frac{\alpha}{\alpha + \mu} \frac{N\beta'_m}{\eta + \mu},$$

onde

$$\bar{M} = M_1^* = \frac{\pi_q}{\mu_f} C \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right),$$

pois, ao introduzirmos um mosquito infeccioso em um meio onde todos são suscetíveis ($\bar{M} = M_1^*$ para os mosquitos e $s = 1$ para os humanos), este mosquito pica um número médio de $\frac{\bar{M}\beta_h}{\mu_f}$ humanos suscetíveis durante o seu período infeccioso, que é igual a $\frac{1}{\mu_f}$. Estes humanos, agora expostos, sobrevivem ao período de incubação com probabilidade $\frac{\alpha}{\alpha + \mu}$, e então, quando infecciosos, são picados por mosquitos suscetíveis numa média de $\frac{N\beta'_m}{\eta + \mu}$, durante seu período infeccioso. A probabilidade desses mosquitos expostos sobreviverem o período de incubação e se tornarem infecciosos é

dada por $\frac{\gamma}{\gamma + \mu_f}$. Portanto, concluímos que, para termos um caso efetivo da transmissão do vírus da dengue, é necessário que um mosquito infectado pique um humano suscetível, tornando o humano infeccioso (após passar pelo período de incubação), e este, por sua vez, seja picado por um mosquito suscetível, tornando o mosquito infeccioso (também após passar pelo período de incubação).

Assim, para $Q_0 > 1$ e $R_0 < 1$, o equilíbrio livre da doença é **assintoticamente linearmente estável**.

Das resoluções numéricas, apresentamos os gráficos obtidos para o comportamento das populações de mosquitos e humanos suscetíveis (Figura 2.4), bem como de mosquitos e humanos infecciosos (Figura 2.5), para valores de parâmetros tais que $Q_0 > 1$ e $R_0 < 1$.

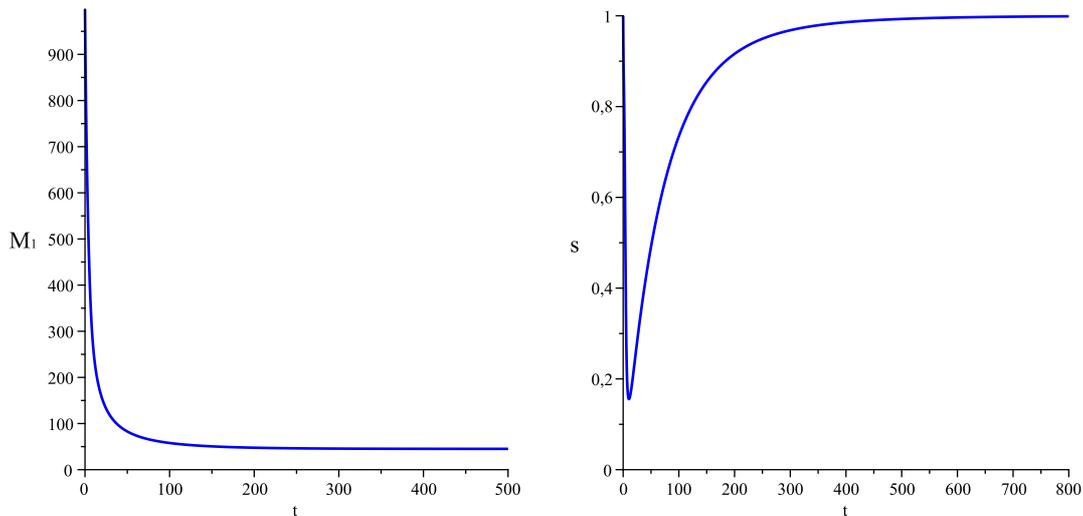


Figura 2.4: Gráficos das populações de mosquitos e humanos suscetíveis em diferentes tempos, da solução do sistema (2.18)-(2.25), quando os parâmetros são tais que $Q_0 > 1$ e $R_0 < 1$.

Observamos nas Figuras 2.4 e 2.5 que a população de mosquitos e humanos infecciosos, M_3 e i , tendem a zero, enquanto que a população de humanos suscetíveis s tende ao valor unitário e a população de mosquitos suscetíveis M_1 tende a um valor constante não nulo, o que está de acordo com o ponto de equilíbrio determinado em (2.31).

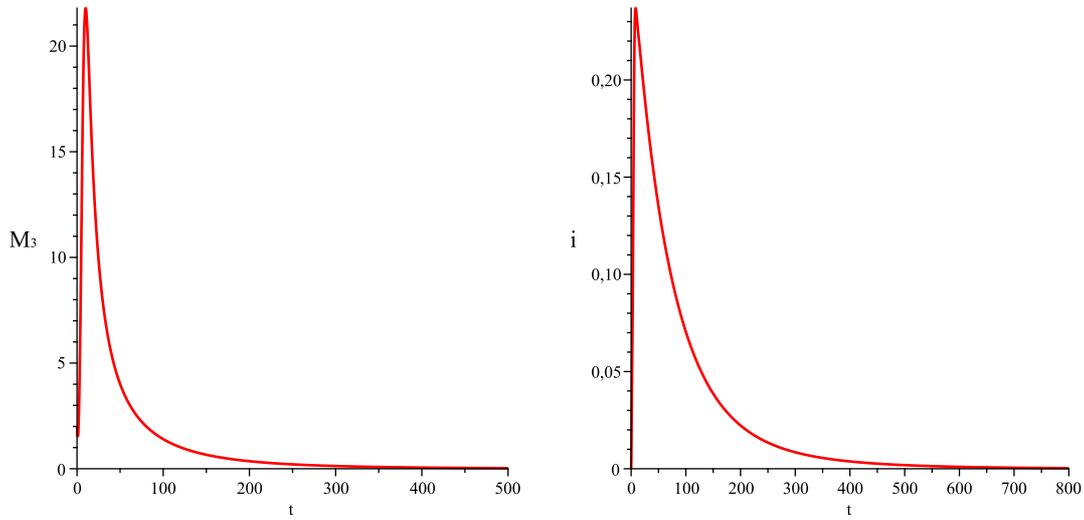


Figura 2.5: Gráficos das populações de mosquitos e humanos infecciosos em diferentes tempos, da solução do sistema (2.18)-(2.25), quando os parâmetros são tais que $Q_0 > 1$ e $R_0 < 1$.

Esses gráficos correspondem aos seguintes valores dos parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 500$, $\pi_q = 0,8$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,3$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,1$; $\alpha = 0,6$ e $\eta = 0,5$ resultando em

$$Q_0 = \frac{kf\phi\pi_q}{\mu_f(\pi_q + \mu_q)} = 1,047272727 > 1$$

e

$$R_0 = 0,9672618983 < 1,$$

e condições iniciais: $A^0 = 200$, $M_1^0 = 998$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 2$, $s^0 = 1$, $e^0 = 0$, $i^0 = 0$ e $r^0 = 0$.

O ponto de equilíbrio S_m é dado por (2.31) e, substituindo os valores dos parâmetros utilizados na construção dos gráficos, encontramos os seguintes valores:

$$(A^*; M_1^*; M_2^*; M_3^*; s^*; e^*; i^*; r^*) = (22,56944430; 45,13888860; 0; 0; 1; 0; 0; 0).$$

Nos gráficos obtidos através da resolução numérica, observamos que inicialmente há um crescimento no número de mosquitos e de humanos infecciosos, e uma redução no número de mosquitos e humanos suscetíveis, mas para $t \simeq 20$,

o comportamento de M_3 , i , é alterado até que em $t = 600$, as populações de cada compartimento são:

$$\begin{aligned} A &= 22,5694, \\ M_1 &= 45,1356, \\ M_2 &= 0,0019 \simeq 0, \\ M_3 &= 0,0015 \simeq 0, \\ s &= 0,9996 \simeq 1, \\ e &= 0,0001 \simeq 0, \\ i &= 0,0001 \simeq 0, \\ r &= 0,0001 \simeq 0, \end{aligned}$$

o que está muito próximo do ponto de equilíbrio calculado a partir de (2.31).

Podemos concluir que, inicialmente, houve um espalhamento da doença (epidemia: $\frac{di}{dt} > 0$), infectando aproximadamente 24% da população de humanos. Com o passar do tempo, a população de humanos volta a ser toda suscetível enquanto, a doença, passa a ser eliminada do meio. O mesmo acontece com a população de mosquitos que, inicialmente, passa a ter um número considerável de infecciosos e, após passar por um valor máximo, diminui, tendendo a zero com o passar do tempo, sendo que a de suscetíveis diminui, mas permanece no ambiente.

Este ponto de equilíbrio para $Q_0 > 1$ e $R_0 < 1$ também é do tipo **a)** segundo a classificação no início desta seção 2.2, ou seja, após um certo tempo, a doença não está mais no meio, pois tem-se apenas mosquitos e humanos suscetíveis, e não há mais a possibilidade de contrair a doença.

3º) Equilíbrio Endêmico S_d

O equilíbrio endêmico, representado por

$$(A^*; M_1^*; M_2^*; M_3^*; s^*; e^*; i^*; r^*), \quad (2.39)$$

é constituído por todos os compartimentos contendo um valor não nulo e pode ser escrito da seguinte forma

$$\begin{aligned} A^* &= C \left(1 - \frac{1}{Q_0} \right), \\ M_1^* &= \frac{(\gamma + \mu_f)\mu_f(\alpha + \mu)(\eta + \mu)}{\beta_h\beta_m\alpha\gamma \left[1 - \frac{(\alpha + \mu)(\eta + \mu)}{\alpha\mu} i^* \right]}, \\ M_2^* &= \frac{\mu_f(\alpha + \mu)(\eta + \mu) i^*}{\beta_h\alpha\gamma \left[1 - \frac{(\alpha + \mu)(\eta + \mu)}{\alpha\mu} i^* \right]}, \\ M_3^* &= \frac{(\alpha + \mu)(\eta + \mu) i^*}{\beta_h\alpha \left[1 - \frac{(\alpha + \mu)(\eta + \mu)}{\alpha\mu} i^* \right]}, \\ s^* &= 1 - \frac{(\alpha + \mu)(\eta + \mu)}{\alpha\mu} i^*, \\ e^* &= \frac{\eta + \mu}{\alpha} i^*, \\ i^* &= \frac{R_0 - 1}{\frac{\beta_m}{\mu_f} + R_0 \frac{(\alpha + \mu)(\eta + \mu)}{\alpha\mu}}, \\ r^* &= 1 - s^* - e^* - i^*. \end{aligned} \quad (2.40)$$

Observe que este equilíbrio existe (isto é, biologicamente viável) somente quando $Q_0 > 1$ e $R_0 > 1$.

Quanto à estabilidade deste equilíbrio, o polinômio característico mostrou-se bastante complicado e, por isso, verificamos apenas através de simulações numéricas que, para $Q_0 > 1$ e $R_0 > 1$, este equilíbrio endêmico é **assintoticamente linearmente estável**.

Nas Figuras 2.6, 2.7 e 2.8 apresentamos os gráficos das populações de mosquitos e de humanos suscetíveis - $M_1(t)$ e $s(t)$ - e infecciosos - $M_3(t)$ e $i(t)$ - obtidos através da resolução numérica do modelo, usando valores para os parâmetros, tais que $Q_0 > 1$ e $R_0 > 1$. Nas Figuras 2.7 e 2.8, o gráfico à direita é apenas

uma ampliação daquele à esquerda, para melhor visualização do que ocorre para t pequeno. Nestes gráficos, observamos que as populações de mosquitos e de humanos, tanto infecciosos quanto suscetíveis, tendem a valores constantes não nulos. A população em cada compartimento tende ao valor do ponto de equilíbrio.

Na Figura 2.6, podemos observar que a população de mosquitos suscetíveis permanece no meio, apesar de diminuir inicialmente e que a população de humanos suscetíveis, apesar de diminuir inicialmente, volta a crescer, tendendo a um valor constante não nulo. Nas Figuras 2.7 e 2.8 observamos, inicialmente, que as populações de mosquitos $M_3(t)$ e humanos $i(t)$ infecciosos crescem muito rapidamente ocorrendo epidemia ($\frac{di}{dt} > 0$) e que, após passarem por valores máximos, diminuem, tendendo a valores constantes não nulos, ou seja, a doença permanece no meio, de forma controlada.

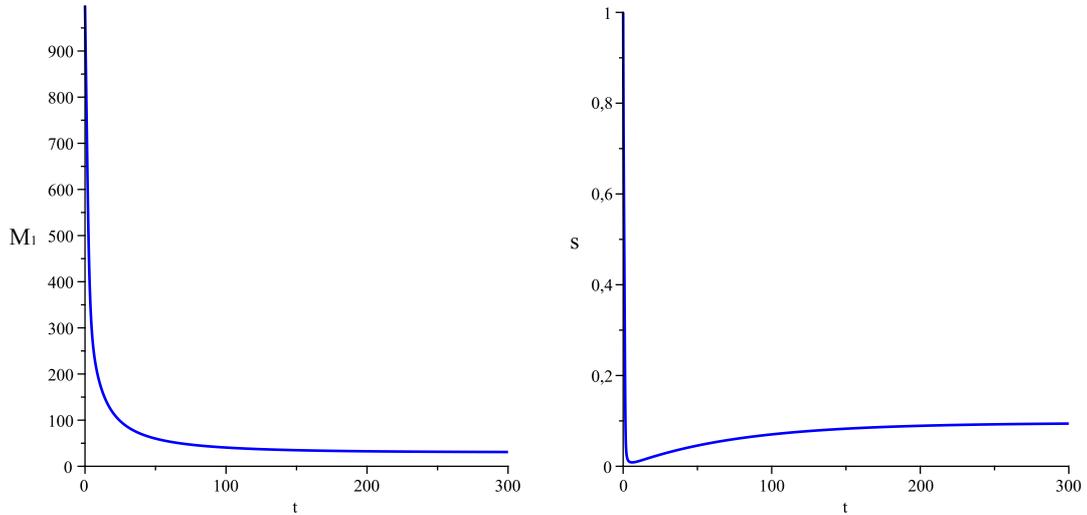


Figura 2.6: Gráficos das populações de mosquitos e humanos suscetíveis, da solução do sistema (2.18)-(2.25), quando os parâmetros são tais que $Q_0 > 1$ e $R_0 > 1$.

Para esses gráficos foram adotados os seguintes valores para os parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 500$, $\pi_q = 0,8$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,8$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,6$; $\alpha = 0,6$ e $\eta = 0,5$ resultando em

$$Q_0 = \frac{kf\phi\pi_q}{\mu_f(\pi_q + \mu_q)} = 1,047272727 > 1$$

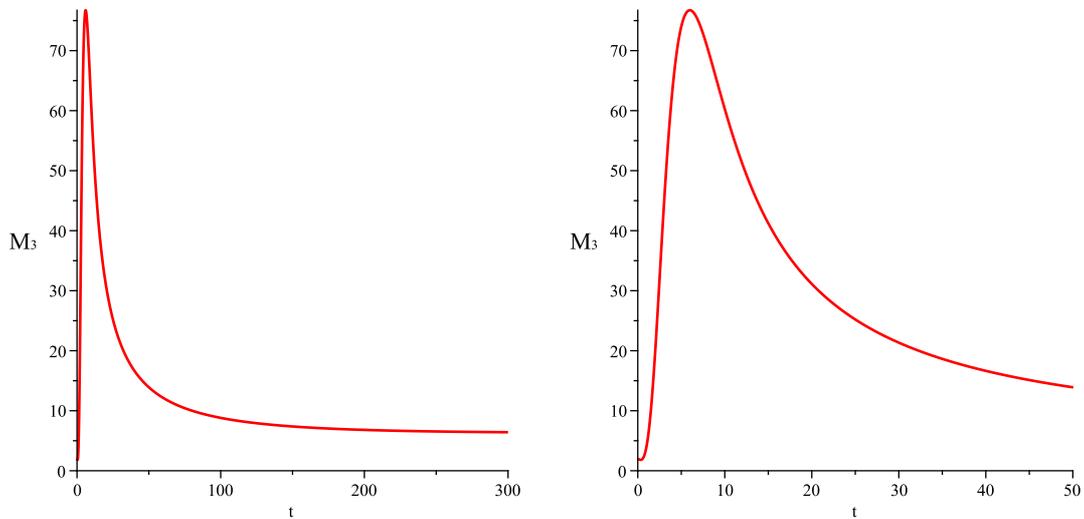


Figura 2.7: Gráficos da população de mosquitos infecciosos, da solução do sistema (2.18)-(2.25), quando os parâmetros são tais que $Q_0 > 1$ e $R_0 > 1$.

e

$$R_0 = 15,47619038 > 1,$$

e condições iniciais: $A^0 = 200$, $M_1^0 = 998$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 2$, $s^0 = 1$, $e^0 = 0$, $i^0 = 0$ e $r^0 = 0$.

As componentes do ponto de equilíbrio S_d são dadas por (2.40) que, para os valores dos parâmetros correspondentes aos gráficos traçados nas Figuras 2.6, 2.7 e 2.8, fornecem:

$$A^* = 22,5694,$$

$$M_1^* = 30,4529,$$

$$M_2^* = 8,3920,$$

$$M_3^* = 6,2940,$$

$$s^* = 0,0958,$$

$$e^* = 0,3617,$$

$$i^* = 0,2411,$$

$$r^* = 0,3014,$$

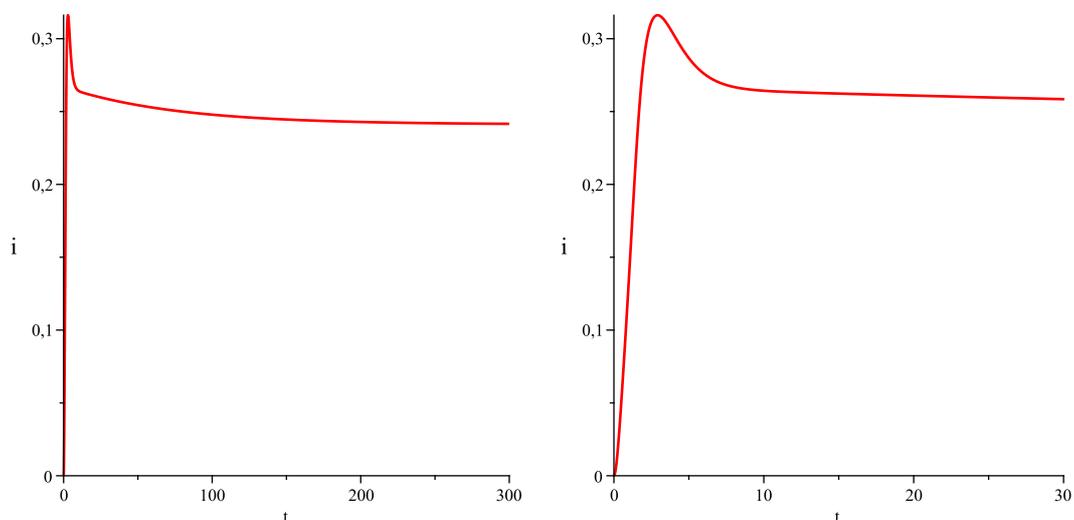


Figura 2.8: Gráficos da população de humanos infecciosos, da solução do sistema (2.18)-(2.25), quando os parâmetros são tais que $Q_0 > 1$ e $R_0 > 1$.

os quais, considerando 4 casas decimais, estão bem próximos dos valores:

$$\begin{aligned}
 A &= 22,5695, \\
 M_1 &= 30,4529, \\
 M_2 &= 8,3920, \\
 M_3 &= 6,2940, \\
 s &= 0,0957, \\
 e &= 0,3616, \\
 i &= 0,2411, \\
 r &= 0,3014,
 \end{aligned}$$

obtidos em $t = 300$.

Este ponto de equilíbrio para $Q_0 > 1$ e $R_0 > 1$ é do tipo **b)** na classificação apresentada no início desta seção 2.2, pois parte da população de suscetíveis contraiu a doença e, depois de um certo tempo, permaneceram controladas, tendendo a um valor constante não nulo.

2.3 Adimensionalizando o Modelo

Adimensionalizar um modelo significa encontrar os parâmetros adimensionais relevantes do sistema, os quais em geral são combinações adequadas dos parâmetros dimensionais do modelo original.

Existem várias maneiras de adimensionalizar um modelo. Nesta seção mostraremos uma das possíveis adimensionalizações do modelo (2.18)-(2.25). Para isso, começamos por identificar as unidades das variáveis e dos parâmetros envolvidos neste modelo, como segue:

$$[M_1] = [M_2] = [M_3] = [A] = [C] = [\text{população de mosquitos}],$$

$$[kf\phi] = [\pi_q] = [\mu_q] = [\mu_f] = [\beta_m] = [\gamma] = [\mu] = [\alpha] = [t]^{-1},$$

$$[\beta_h] = [t]^{-1}[\text{população de humanos}]^{-1}.$$

As variáveis s , e , i , r são proporções na população total de humanos, tais que $s + e + i + r = 1$, ou seja, cada uma destas proporções é adimensional e pertence ao intervalo $[0, 1]$.

Se definirmos como nova variável independente, um tempo adimensional τ , onde

$$\tau \equiv t \frac{kf\phi}{\mu_f} \frac{\pi_q}{\mu_f}, \quad (2.41)$$

e como novas variáveis dependentes, as populações adimensionais a , m_1 , m_2 , m_3 , onde

$$a \equiv A \frac{\beta_h}{(\pi_q + \mu_q)}, \quad (2.42)$$

$$m_1 \equiv M_1 \frac{\beta_h}{(\pi_q + \mu_q)} \frac{\mu_f}{\pi_q}, \quad (2.43)$$

$$m_2 \equiv M_2 \frac{\beta_h}{(\pi_q + \mu_q)} \frac{\mu_f}{\pi_q}, \quad (2.44)$$

$$m_3 \equiv M_3 \frac{\beta_h}{(\pi_q + \mu_q)} \frac{\mu_f}{\pi_q}, \quad (2.45)$$

além de s, e, i, r , que já são adimensionais, obtém-se o seguinte sistema adimensional:

$$\frac{da}{dt} = (m_1 + m_2 + m_3)(1 - P_1a) - \frac{1}{Q_0}a, \quad (2.46)$$

$$\frac{dm_1}{dt} = P_2a - (P_3i + P_2)m_1, \quad (2.47)$$

$$\frac{dm_2}{dt} = P_3m_1i - (P_4 + P_2)m_2, \quad (2.48)$$

$$\frac{dm_3}{dt} = P_4m_2 - P_2m_3, \quad (2.49)$$

$$\frac{ds}{dt} = P_5 - (P_6m_3 + P_5)s, \quad (2.50)$$

$$\frac{de}{dt} = P_6m_3s - (P_7 + P_5)e, \quad (2.51)$$

$$\frac{di}{dt} = P_7e - (P_8i + P_5)i, \quad (2.52)$$

$$\frac{dr}{dt} = P_8i - P_5r. \quad (2.53)$$

que envolvem os 9 seguintes parâmetros adimensionais:

$$Q_0 \equiv \frac{1}{\omega(\pi_q + \mu_q)}, \quad (2.54)$$

$$P_1 \equiv \frac{(\pi_q + \mu_q)}{\beta_h C}, \quad (2.55)$$

$$P_2 \equiv \mu_f \omega, \quad (2.56)$$

$$P_3 \equiv \beta_m \omega, \quad (2.57)$$

$$P_4 \equiv \gamma \omega, \quad (2.58)$$

$$P_5 \equiv \mu \omega, \quad (2.59)$$

$$P_6 \equiv \frac{\pi_q}{\mu_f} \omega (\pi_q + \mu_q), \quad (2.60)$$

$$P_7 \equiv \alpha \omega, \quad (2.61)$$

$$P_8 \equiv \eta \omega, \quad (2.62)$$

onde

$$\omega \equiv \frac{\mu_f}{k_f \phi \pi_q}.$$

Neste modelo o número de parâmetros diminuiu, mas não de forma significativa, pois passamos de 13 para 9 parâmetros.

Cabe observar que o parâmetro adimensional Q_0 em (2.54) é o mesmo previamente definido em (2.30) na seção 2.2, quando estudamos os equilíbrios do modelo dimensional.

Provavelmente exista outra adimensionalização que evidencie, além de Q_0 , também R_0 definido em (2.38), como um parâmetro relevante do modelo.

3 O MODELO SEIR DISCRETO PARA A TRANSMISSÃO DA DENGUE

A primeira parte deste capítulo será dedicada à construção do seguinte modelo discreto para a transmissão da dengue:

$$A^{t+1} = e^{kf\phi} \left[M_1^t e^{-\frac{kf\phi}{C}A^t} + M_2^t e^{-\frac{kf\phi}{C}A^t} + M_3^t e^{-\frac{kf\phi}{C}A^t} \right] + (1 - \mu_q)A^t e^{-\pi_q}, \quad (3.1)$$

$$M_1^{t+1} = (1 - \mu_q)(1 - e^{-\pi_q})A^t + (1 - \mu_f)M_1^t e^{-\beta_m I^t}, \quad (3.2)$$

$$M_2^{t+1} = (1 - \mu_f)(1 - e^{-\beta_m I^t})M_1^t + (1 - \mu_f)M_2^t e^{-\gamma}, \quad (3.3)$$

$$M_3^{t+1} = (1 - \mu_f)(1 - e^{-\gamma})M_2^t + (1 - \mu_f)M_3^t, \quad (3.4)$$

$$S^{t+1} = \mu N + (1 - \mu)S^t e^{-\beta_h M_3^t}, \quad (3.5)$$

$$E^{t+1} = (1 - \mu)(1 - e^{-\beta_h M_3^t})S^t + (1 - \mu)E^t e^{-\alpha}, \quad (3.6)$$

$$I^{t+1} = (1 - \mu)(1 - e^{-\alpha})E^t + (1 - \mu)I^t e^{-\eta}, \quad (3.7)$$

$$R^{t+1} = (1 - \mu)(1 - e^{-\eta})I^t + (1 - \mu)R^t. \quad (3.8)$$

Após justificar cada uma das equações a diferenças (3.1)-(3.8) em correspondência com cada uma das equações diferenciais do sistema (2.18)-(2.25), investigaremos os comportamentos descritos pelas equações do sistema discreto.

A seguir justificaremos a construção deste modelo discreto, onde μ é a taxa *per capita* de natalidade e de mortalidade da população humana, μ_f é a taxa *per capita* de mortalidade da população de mosquitos e μ_q é a taxa *per capita* de mortalidade da população do compartimento A .

Uma vez discretizado no tempo, iremos no próximo capítulo introduzir no modelo o espaço também discretizado, para então implementar computacionalmente a rede de mapas acoplados assim obtida. Nosso objetivo agora é o de comparar o comportamento do sistema resultante do modelo em tempo discreto sem distribuição espacial com aquele que resulta do modelo com tempo e espaço discretos.

3.1 Construção do Modelo

- **O compartimento A - Fase Aquática**

Na equação para $\frac{dA}{dt}$ do sistema contínuo, temos a expressão:

$$kf\phi M_1 \left(1 - \frac{A}{C}\right) + kf\phi M_2 \left(1 - \frac{A}{C}\right) + kf\phi M_3 \left(1 - \frac{A}{C}\right) - (\pi_q + \mu_q)A \quad (3.9)$$

cujos três primeiros termos são contribuições do tipo "modelo logístico", cujo termo competitivo é proporcional a $M_i A$ ($i = 1, 2, 3$). Usando a equação (C.8) do Apêndice C, podemos escrever, para cada termo do tipo

$$kf\phi M_i \left(1 - \frac{A}{C}\right)$$

no modelo contínuo, um correspondente termo sob a forma

$$e^{kf\phi} M_i^t e^{-\frac{kf\phi}{C} A^t} \quad (3.10)$$

no modelo discreto.

O termo (3.10) representa a população do compartimento A (fases ovo, larva e pupa) que "nasce" na geração $t + 1$ tendo por progenitor mosquitos fêmeas do compartimento M_i .

Ao último termo da equação (3.9), a saber, $(\pi_q + \mu_q)A$, corresponderá a um termo $(1 - \mu_q)A^t e^{-\pi_q}$ no modelo discreto, pois $(1 - \mu_q)A^t$ é a população da fase A da geração t que sobreviveu para a geração $t + 1$ e que, multiplicada por um fator $e^{-\pi_q}$ (usando a equação (C.4), do Apêndice C), representa a população que continuará no compartimento A na próxima geração, sendo π_q um parâmetro positivo.

Assim, a equação discreta, que corresponde à equação (3.10) contínua, para o compartimento A na geração $t + 1$ é dada por

$$A^{t+1} = e^{kf\phi} \left[M_1^t e^{-\frac{kf\phi}{c}A^t} + M_2^t e^{-\frac{kf\phi}{c}A^t} + M_3^t e^{-\frac{kf\phi}{c}A^t} \right] + (1 - \mu_q)A^t e^{-\pi_q} \quad (3.11)$$

que é a equação a diferenças (3.1).

- **O compartimento M_1 - Mosquitos Suscetíveis**

Como $e^{-\pi_q}$ é a fração que fica no compartimento A na geração seguinte, temos que $(1 - e^{-\pi_q})$ será a fração que deixa o compartimento A . Então, a quantidade $(1 - \mu_q)(1 - e^{-\pi_q})A^t$ representa, da população que deixa o compartimento A , a parte que se torna mosquitos fêmeas jovens, ou seja, passam a pertencer ao compartimento M_1 .

Enquanto esses mosquitos "entram" no compartimento M_1 , uma quantidade de mosquitos fêmeas adultos sobreviventes da geração t tornam-se infectados ao picarem humanos infecciosos. O termo que representa essa passagem de mosquitos suscetíveis para mosquitos infectados é dado por $(1 - \mu_f)M_1^t e^{-\beta_m I^t}$ (ver equação (C.12), do Apêndice C), onde $e^{-\beta_m I^t}$ representa a fração da população que fica no compartimento M_1 , sendo β_m um parâmetro positivo.

Assim, a equação discreta para o compartimento M_1 na geração $t + 1$ é dada por

$$M_1^{t+1} = (1 - \mu_q)(1 - e^{-\pi_q})A^t + (1 - \mu_f)M_1^t e^{-\beta_m I^t} \quad (3.12)$$

que é a equação a diferenças (3.2).

- **O compartimento M_2 - Mosquitos Expostos ou Infectados**

A quantidade $(1 - \mu_f)(1 - e^{-\beta_m I^t})M_1^t$ representa, da população que deixa o compartimento M_1 , a parte que se torna mosquitos fêmeas infectados, ou seja, passam a pertencer ao compartimento M_2 . Enquanto esses mosquitos "entram" no compartimento M_2 , uma quantidade de mosquitos fêmeas adultos sobreviventes da geração t tornam-se infecciosos, passado o período de incubação. O termo que representa essa passagem de mosquitos infectados para mosquitos infecciosos é dado por $(1 - \mu_f)M_2^t e^{-\gamma}$ (usando a equação (C.4), do Apêndice C), onde $e^{-\gamma}$ representa a fração da população que fica no compartimento M_2 , sendo γ um parâmetro positivo.

Assim, a equação discreta para o compartimento M_2 na geração $t + 1$ é dada por

$$M_2^{t+1} = (1 - \mu_f)(1 - e^{-\beta_m I^t})M_1^t + (1 - \mu_f)M_2^t e^{-\gamma} \quad (3.13)$$

que é a equação a diferenças (3.3).

- **O compartimento M_3 - Mosquitos Infecciosos**

A quantidade $(1 - \mu_f)(1 - e^{-\gamma})M_2^t$ representa, da população que deixa o compartimento M_2 , a parte que se torna mosquitos infecciosos, ou seja, passam a pertencer ao compartimento M_3 . Enquanto esses mosquitos "entram" no compartimento M_3 , uma quantidade de mosquitos fêmeas adultos sobreviventes da geração t continuam na geração $t + 1$, pois os mosquitos infecciosos não se recuperam, ou seja, transmitem a doença durante todo o seu período de vida.

Assim, a equação discreta para o compartimento M_3 na geração $t + 1$ é dada por

$$M_3^{t+1} = (1 - \mu_f)(1 - e^{-\gamma})M_2^t + (1 - \mu_f)M_3^t \quad (3.14)$$

que é a equação a diferenças (3.4).

- **O compartimento S - Humanos Suscetíveis**

Considerando a equação diferencial para a população de humanos suscetíveis do modelo contínuo, dada por

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - (\beta_h M_3 + \mu)S \quad (3.15)$$

a equação a diferenças para S^{t+1} terá um termo μN (N é igual à soma $S^t + E^t + I^t + R^t$ que se mantém constante) representando o nascimento de novos indivíduos na geração $t + 1$ (esses recém nascidos não se infectam).

De forma análoga ao que foi feito com a população de mosquitos, o último termo da equação (3.15), dado por $(\beta_h M_3 + \mu)S$, é substituído pelo termo $(1 - \mu)S^t e^{-\beta_h M_3^t}$, onde $(1 - \mu)S^t$ é a população do compartimento S da geração t que sobrevive para a geração $t + 1$, que multiplicado pelo fator $e^{-\beta_h M_3^t}$ representa a população que continuará suscetível para a próxima geração. Sendo β_h um parâmetro positivo, o fator $e^{-\beta_h M_3^t}$ modela o contato com mosquitos infecciosos e representa a fração da população que fica no compartimento S .

Assim, a equação discreta para o compartimento S na geração $t + 1$ é dada por

$$S^{t+1} = \mu N + (1 - \mu)S^t e^{-\beta_h M_3^t} \quad (3.16)$$

que é a equação a diferenças (3.5).

- **O compartimento E - Humanos Expostos ou Infectados**

A quantidade $(1 - \mu)(1 - e^{-\beta_h M_3^t})S^t$ representa, da população que deixa o compartimento S , a parte que se torna humanos infectados, ou seja, passam a pertencer ao compartimento E . Enquanto esses humanos "entram" no compartimento E , uma quantidade de outros sobreviventes da geração t tornam-se infecciosos, passado o período de incubação. O termo que representa essa passagem de infectado para infeccioso é dado

por $(1 - \mu)E^t e^{-\alpha}$, onde $e^{-\alpha}$ representa a fração da população que fica no compartimento E , sendo α um parâmetro positivo.

Assim, a equação discreta para o compartimento E na geração $t + 1$ é dada por

$$E^{t+1} = (1 - \mu)(1 - e^{-\beta_n M_3^t})S^t + (1 - \mu)E^t e^{-\alpha} \quad (3.17)$$

que é a equação a diferenças (3.6).

- **O compartimento I - Humanos Infecciosos**

A quantidade $(1 - \mu)(1 - e^{-\alpha})E^t$ representa, da população que deixa o compartimento E , a parte que se torna humanos infecciosos, ou seja, passam a pertencer ao compartimento I . Enquanto esses humanos "entram" no compartimento I , uma quantidade $(1 - \mu)I^t e^{-\eta}$ de humanos sobreviventes da geração t se recuperam, após passarem pelo período infeccioso, onde $e^{-\eta}$ representa a fração da população que fica no compartimento I , sendo η um parâmetro positivo.

Assim, a equação discreta para o compartimento I na geração $t + 1$ é dada por

$$I^{t+1} = (1 - \mu)(1 - e^{-\alpha})E^t + (1 - \mu)I^t e^{-\eta}$$

que é a equação a diferenças (3.7).

- **O compartimento R - Humanos Recuperados**

A quantidade $(1 - \mu)(1 - e^{-\eta})I^t$ representa, da população que deixa o compartimento I , a parte que se torna humanos recuperados, ou seja, passam a pertencer ao compartimento R . Enquanto esses humanos "entram" no compartimento R , uma quantidade $(1 - \mu)R^t$ de humanos sobreviventes da geração t continuam na geração $t + 1$, pois eles se tornam imunes ao tipo de vírus adquirido.

Assim, a equação discreta para o compartimento R na geração $t + 1$ é dada por

$$R^{t+1} = (1 - \mu)(1 - e^{-\eta})I^t + (1 - \mu)R^t$$

que é a equação a diferenças (3.8).

Assim é que, da interação entre mosquitos e humanos, construímos o modelo discreto para a transmissão da dengue constituído pelas equações (3.1)-(3.8). Observamos que, assim como das equações (2.22)-(2.25) do modelo contínuo tínhamos $S + E + I + R$ constante, agora temos (3.5)-(3.8) que $S^{t+1} + E^{t+1} + I^{t+1} + R^{t+1} = S^t + E^t + I^t + R^t$, confirmando que a população total de humanos é constante.

Verificamos que esse modelo satisfaz propriedades básicas de qualquer modelo epidemiológico, a saber:

- Na ausência de mosquitos, uma população de humanos, onde todos são suscetíveis, deve permanecer suscetível (sem doença);
- Uma população de mosquitos, onde nenhum é infectado, em uma população de humanos suscetíveis, deve permanecer suscetível (sem doença);
- Dada inicialmente uma população de mosquitos suscetíveis, aos quais se acrescentam alguns infecciosos e, uma população de humanos onde todos são suscetíveis, se não houver contato entre humanos e mosquitos, a população de humanos deve permanecer suscetível (sem doença);
- Dada inicialmente uma população de mosquitos todos suscetíveis e uma população de humanos onde alguns são infecciosos, se não houver contato entre humanos e mosquitos, a doença desaparecerá do ambiente.

3.2 Equilíbrios do Sistema

Nesta seção apresentaremos gráficos que nos mostram a presença de transientes nas primeiras gerações, e depois, o sistema se aproxima de diferentes pontos de equilíbrio estáveis do sistema (3.1)-(3.8), dependendo dos valores dos parâmetros e das condições iniciais.

Neste trabalho não faremos uma abordagem analítica para o modelo discreto por ele ser um modelo constituído de muitas equações e parâmetros, o que dificultaria a análise dos pontos de equilíbrios, e também por nosso objetivo ser o de **construir** um modelo discreto que modele a transmissão da dengue para, no próximo capítulo, anexar a este modelo discreto o espaço, através de uma rede de mapas acoplados.

Para uma abordagem analítica de um sistema constituído por equações a diferenças (sistema discreto), encontramos em Keshet-Edelstein (1988) as Condições de Jury, que são condições necessárias para que os autovalores λ_i ($i = 1, \dots, 8$) da matriz jacobiana do sistema linearizado sejam tais que $|\lambda_i| < 1$. Essas condições envolvem os parâmetros do sistema, e determinam regiões no espaço de parâmetros, nas quais os autovalores satisfazem $|\lambda_i| < 1$ e, como consequência, nos levarão à estabilidade do equilíbrio considerado.

No que segue, apresentaremos resultados escolhidos entre inúmeras simulações do modelo (3.1)-(3.8), das quais selecionamos uma situação específica para cada tipo de equilíbrio obtido. Utilizamos o software Maple para simulações.

Como condições iniciais, mantivemos as mesmas populações totais, consideradas na seção 3.2, e os parâmetros foram ajustados convenientemente de modo a exibir o equilíbrio desejado. Desses parâmetros, fixamos $k, f, \phi, C, \pi_q, \mu_q, \mu_f, \gamma, \mu, \alpha$ e η e analisamos a influência no sistema variando as taxas de contato β_m e β_h .

Cabe esclarecer que os equilíbrios encontrados são sempre estáveis para os valores atribuídos aos parâmetros em cada caso, visto que equilíbrios atratores são equilíbrios estáveis do sistema.

a) Equilíbrio Livre da Doença, com população inicial de mosquitos infectados

Considerando as seguintes condições iniciais: $A^0 = 240.100$, $M_1^0 = 480.200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 6$, $E^0 = I^0 = R^0 = 0$ e $S^0 = 1.200.500$ e o conjunto de parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 1.200.500$, $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,000001$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,000001$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$.

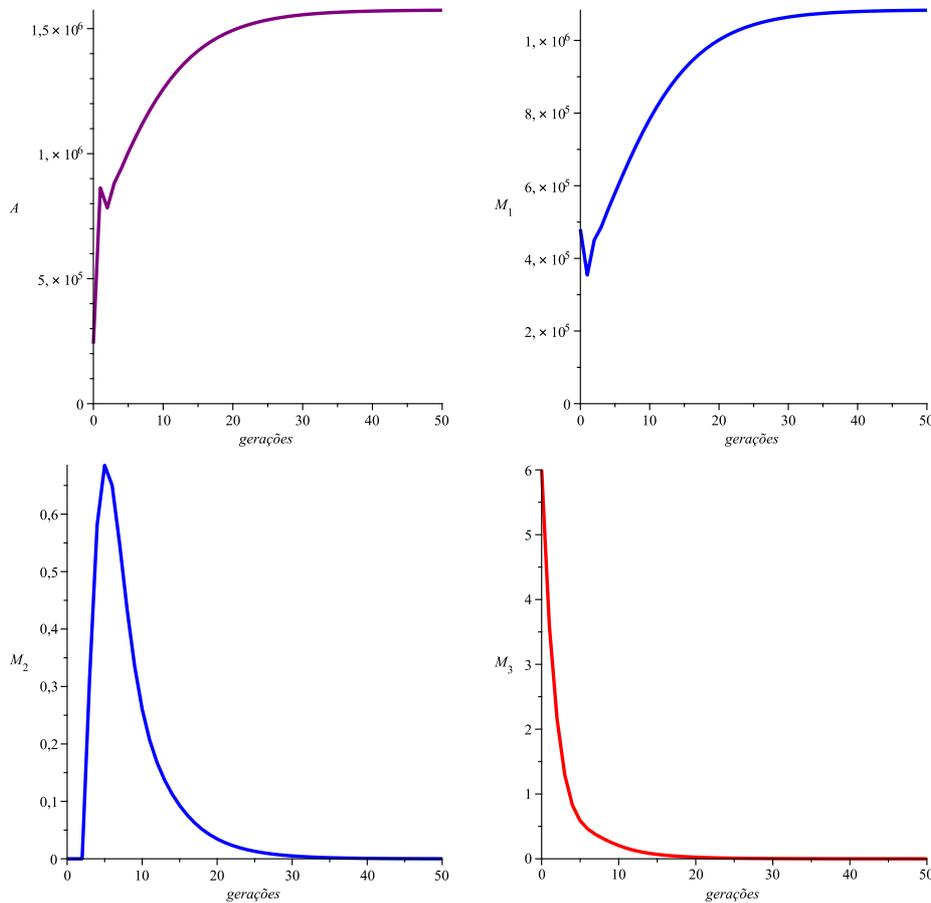


Figura 3.1: Gráficos da população de mosquitos do modelo discreto ilustrando o equilíbrio livre da doença, as condições iniciais e os valores dos parâmetros utilizados estão indicados na seção 3.2 a).

Podemos observar, nas Figuras 3.1 e 3.2, o seguinte comportamento: Inicialmente tanto a população de mosquitos suscetíveis quanto a de humanos suscetíveis se tornam infectadas. Com o passar das gerações,

as populações tanto de mosquitos quanto de humanos infectados e infecciosos tendem a zero; isto acontece pois as taxas de contato β_h e β_m são pequenas, apesar de, inicialmente, termos mosquitos infecciosos no ambiente; em termos do número reprodutivo básico R_0 , a situação seria a de $R_0 < 1$. A população de humanos suscetíveis tende ao valor total da sua população, a de mosquitos suscetíveis e a população da fase aquática crescem e tendem a um valor constante não nulo. Temos, portanto, o **equilíbrio livre da doença com população inicial de mosquitos infecciosos**.

Este equilíbrio também foi encontrado no modelo contínuo.

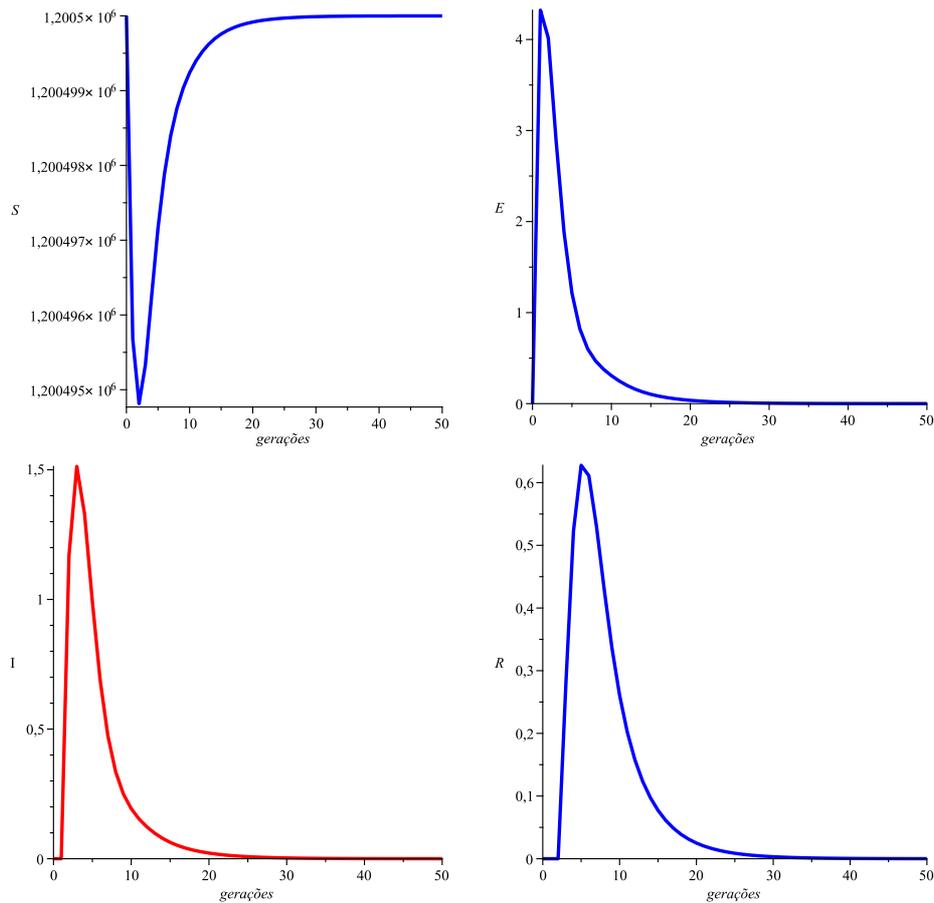


Figura 3.2: Gráficos da população de humanos do modelo discreto ilustrando o equilíbrio livre da doença, as condições iniciais e os valores dos parâmetros utilizados estão indicados na seção 3.2 a).

b) Equilíbrio Livre da Doença, com população inicial de humanos infectados

Considerando as seguintes condições iniciais: $A^0 = 240.100$, $M_1^0 = 480.200$, $M_2^0 = M_3^0 = 0$, $E^0 = R^0 = 0$, $S^0 = 1.200.495$ e $I^0 = 5$ e o conjunto de parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 1.200.500$, $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,000001$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,000001$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$.

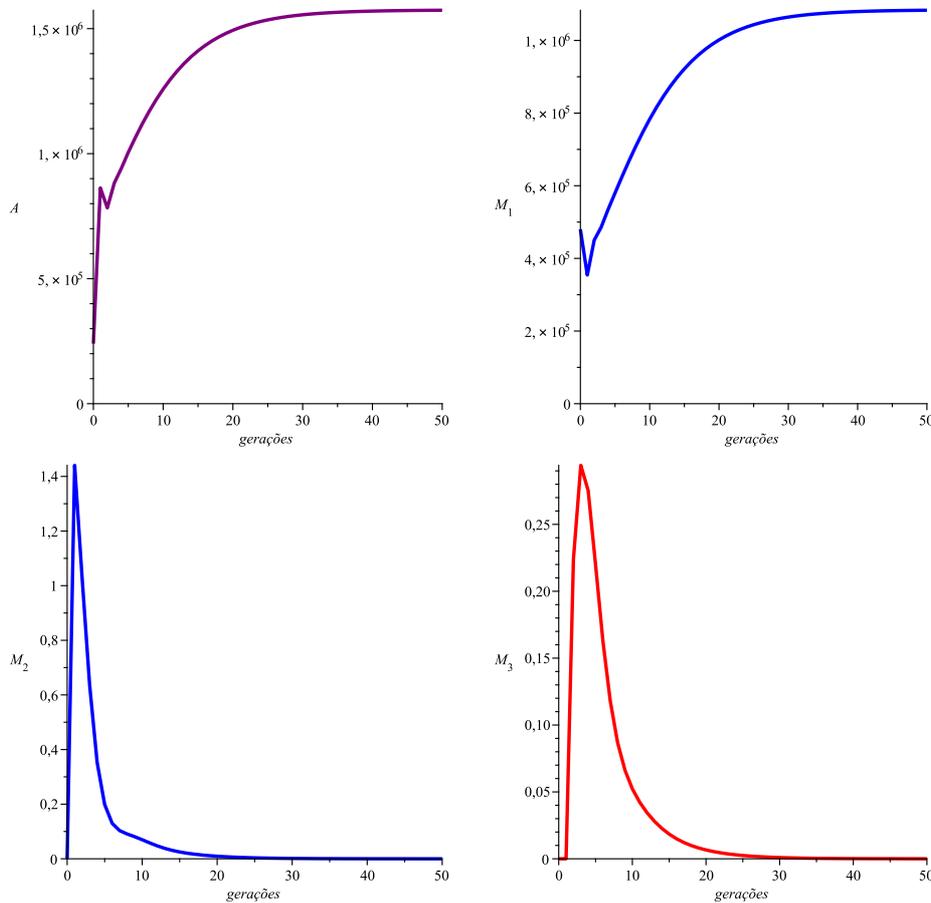


Figura 3.3: Gráficos da população de mosquitos do modelo discreto ilustrando o equilíbrio livre da doença, as condições iniciais e os valores dos parâmetros utilizados estão indicados na seção 3.2 b).

Podemos observar, nas Figuras 3.3 e 3.4, o seguinte comportamento: Inicialmente tanto a população de mosquitos suscetíveis quanto a de humanos suscetíveis se tornam infectadas. Com o passar das gerações,

as populações tanto de mosquitos quanto de humanos infectados e infecciosos tendem a zero; isto acontece pois as taxas de contato β_h e β_m são pequenas, apesar de, inicialmente, termos casos de humanos infecciosos no ambiente; em termos do número reprodutivo básico R_0 , também a situação seria a de $R_0 < 1$. A população de humanos suscetíveis tende ao valor total da sua população, a de mosquitos suscetíveis e a população da fase aquática crescem e tendem a um valor constante não nulo. Temos, portanto, o **equilíbrio livre da doença com população inicial de humanos infecciosos**.

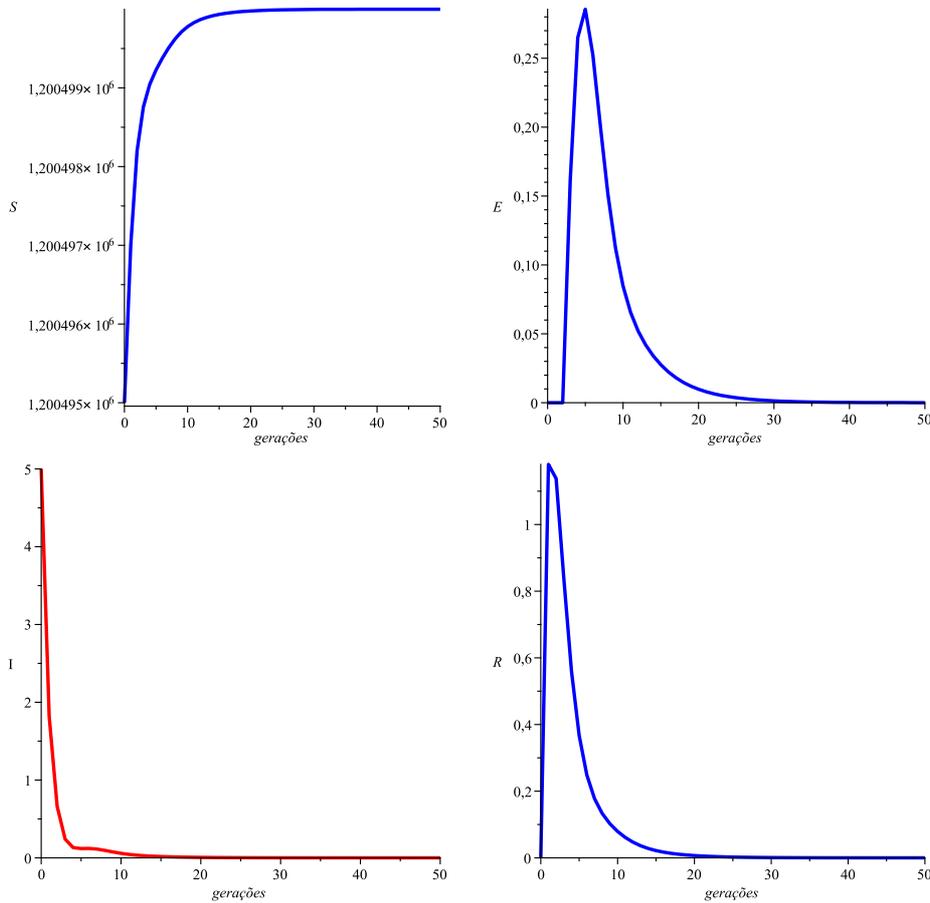


Figura 3.4: Gráficos da população de humanos do modelo discreto ilustrando o equilíbrio livre da doença, as condições iniciais e os valores dos parâmetros utilizados estão indicados na seção 3.2 b).

Cabe ressaltar que o comportamento do sistema, para essas condições iniciais, com população inicial de humanos infecciosos, foi semelhante ao do item anterior (item a)), quando tomamos população inicial de mosquitos infecciosos.

c) Equilíbrio Endêmico, com população inicial de mosquitos infecciosos

Considerando as seguintes condições iniciais: $A^0 = 240.100$, $M_1^0 = 480.200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 6$, $S^0 = 1.200.500$ e $E^0 = I^0 = R^0 = 0$ e o conjunto de parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 1.200.500$; $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,4$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,6$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$.

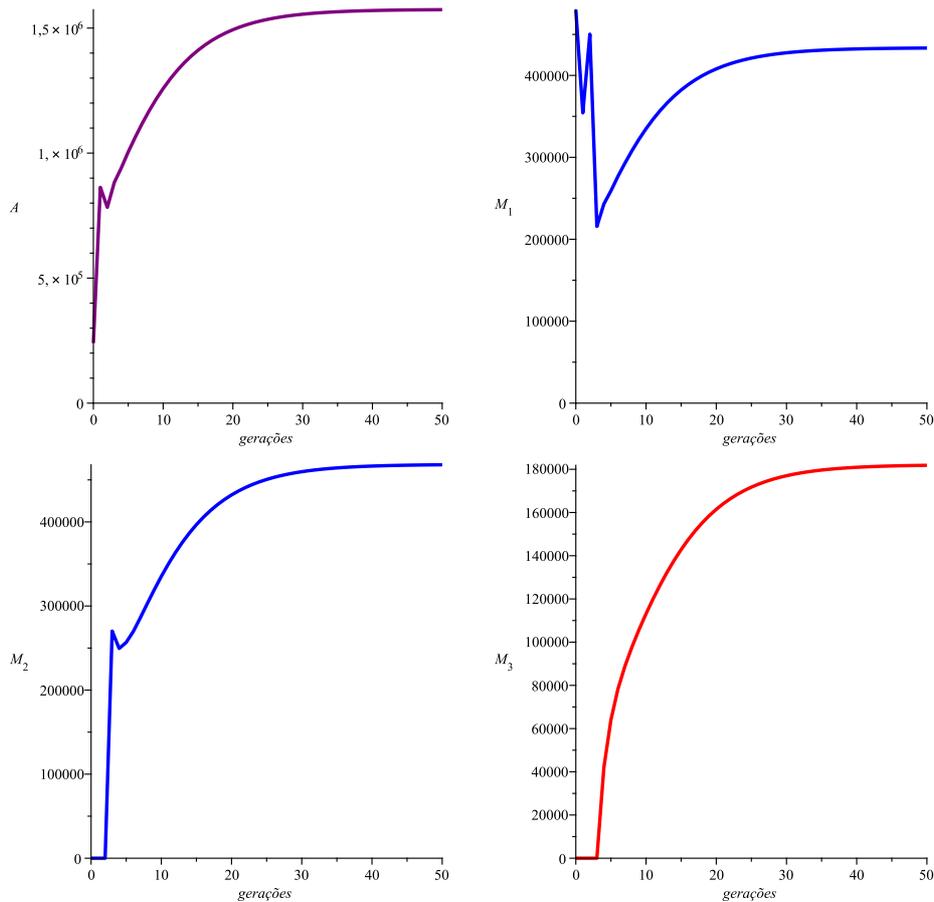


Figura 3.5: Gráficos da população de mosquitos do modelo discreto ilustrando o equilíbrio endêmico, as condições iniciais e os valores dos parâmetros utilizados estão indicados na seção 3.2 c).

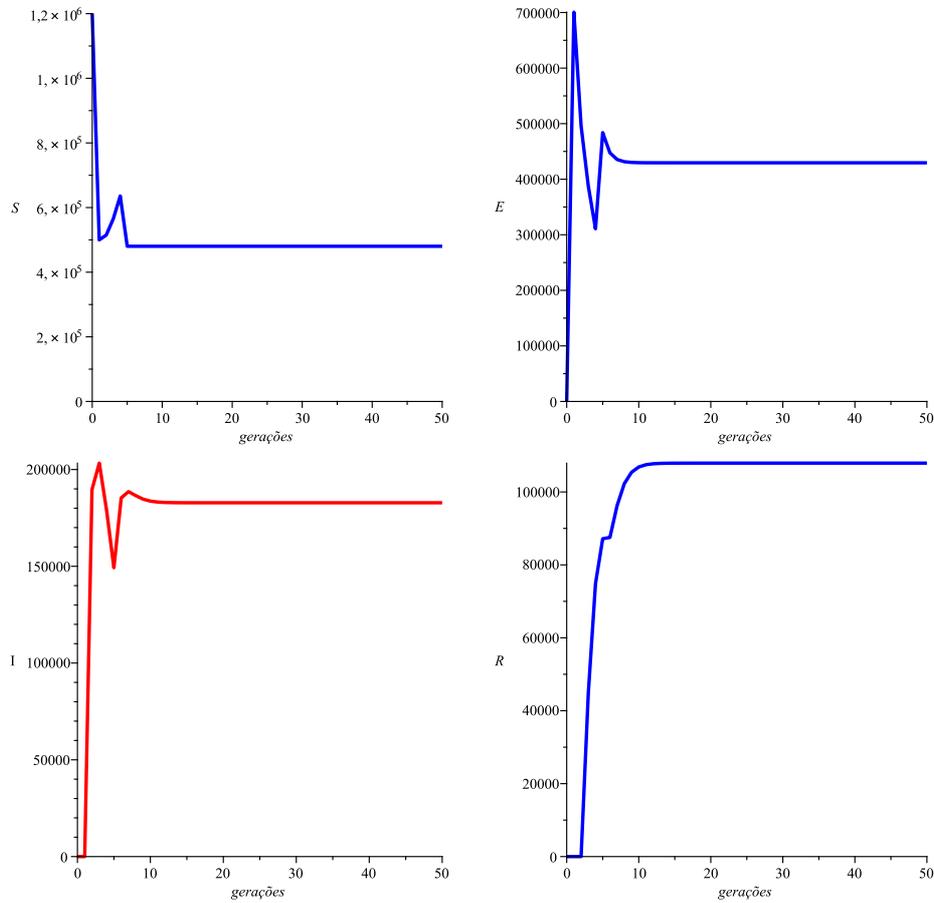


Figura 3.6: Gráficos da população de humanos do modelo discreto ilustrando o equilíbrio endêmico, as condições iniciais e os valores dos parâmetros utilizados estão indicados na seção 3.2 c).

Nas Figuras 3.5 e 3.6, as populações se comportam da seguinte maneira:

A população da fase aquática, assim como a população de mosquitos infectados e infecciosos, crescem e tendem a um valor constante não nulo; a população de mosquitos suscetíveis inicialmente diminui e, depois de algumas gerações, volta a crescer, tendendo a um valor de equilíbrio.

A população de humanos suscetíveis diminui até atingir um equilíbrio e a população de humanos infectados e infecciosos, crescem inicialmente, ocorrendo epidemia ($I^{t+1} > I^t$) e, após atingirem um valor máximo, diminuem, tendendo a um valor constante não nulo. Como consequên-

cia, a população de humanos recuperados também cresce e tende a um valor constante e não nulo.

Como todas as populações tendem a valores constantes não nulos, reconhecemos, portanto, um **equilíbrio endêmico**.

Assim, com uma população inicial de infecciosos, ao aumentarmos a taxa de contato entre humanos e mosquitos, ou seja, quanto mais humanos os mosquitos picarem, maior a chance de ocorrer epidemia. Em termos do número reprodutivo básico R_0 , a situação seria a de $R_0 > 1$.

Este equilíbrio também foi encontrado no modelo contínuo.

d) Equilíbrio Endêmico, com população inicial de humanos infecciosos

Considerando as seguintes condições iniciais: $A^0 = 240.100$, $M_1^0 = 480.200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 0$, $S^0 = 1.200.495$, $E^0 = R^0 = 0$ e $I^0 = 5$ e o conjunto de parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 1.200.500$; $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,4$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,6$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$.

Nas Figuras 3.7 e 3.8, as populações se comportam da seguinte maneira:

A população da fase aquática, assim como a população de mosquitos infectados e infecciosos, crescem e tendem a um valor constante não nulo; a população de mosquitos suscetíveis inicialmente diminui e, depois de algumas gerações, volta a crescer, tendendo a um valor de equilíbrio.

A população de humanos suscetíveis diminui até atingir um equilíbrio e a população de humanos infectados e infecciosos, crescem inicialmente, ocorrendo epidemia ($I^{t+1} > I^t$) e, após atingirem um valor máximo, diminuem, tendendo a um valor constante não nulo. Como consequência, a população de humanos recuperados também cresce e tende a um valor constante e não nulo.

Reconhecemos, portanto, um **equilíbrio endêmico**.

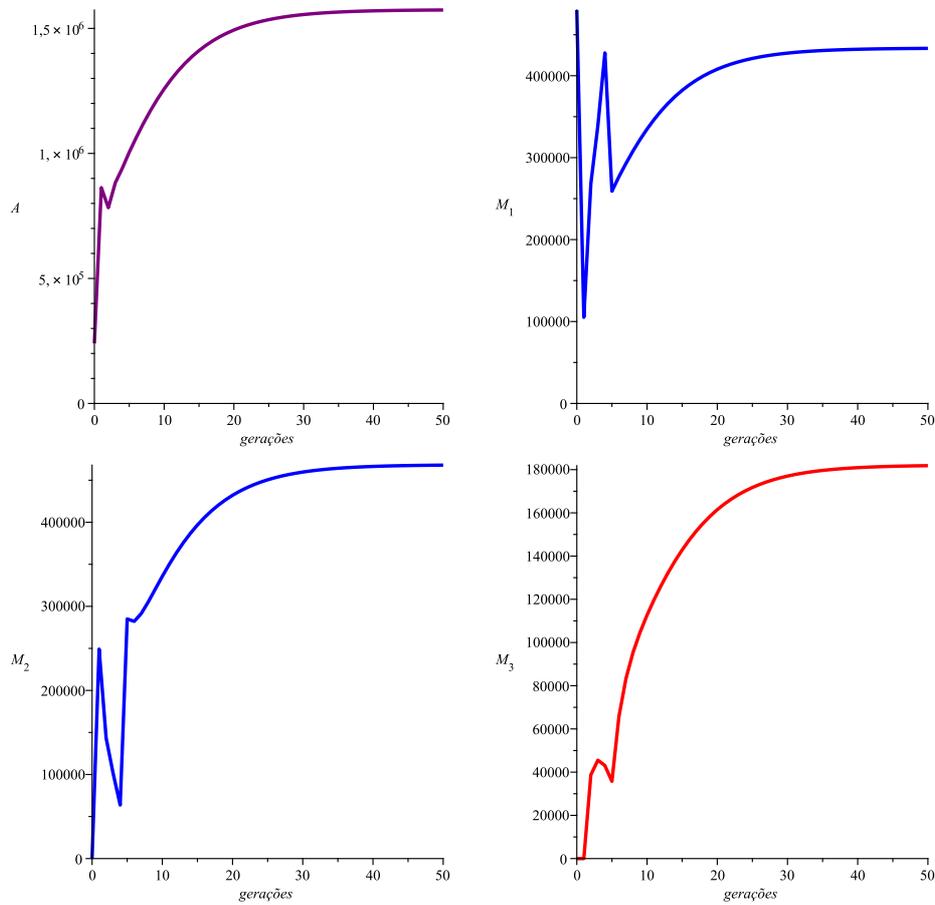


Figura 3.7: Gráficos da população de mosquitos do modelo discreto ilustrando o equilíbrio endêmico, as condições iniciais e os valores dos parâmetros utilizados estão indicados na seção 3.2 d).

Cabe ressaltar que o comportamento do sistema, para essas condições iniciais, com população inicial de humanos infecciosos, foi semelhante ao do item anterior (item e)), quando tomamos população inicial de mosquitos infecciosos. Também neste caso, em termos do número reprodutivo básico R_0 , a situação seria a de $R_0 > 1$.

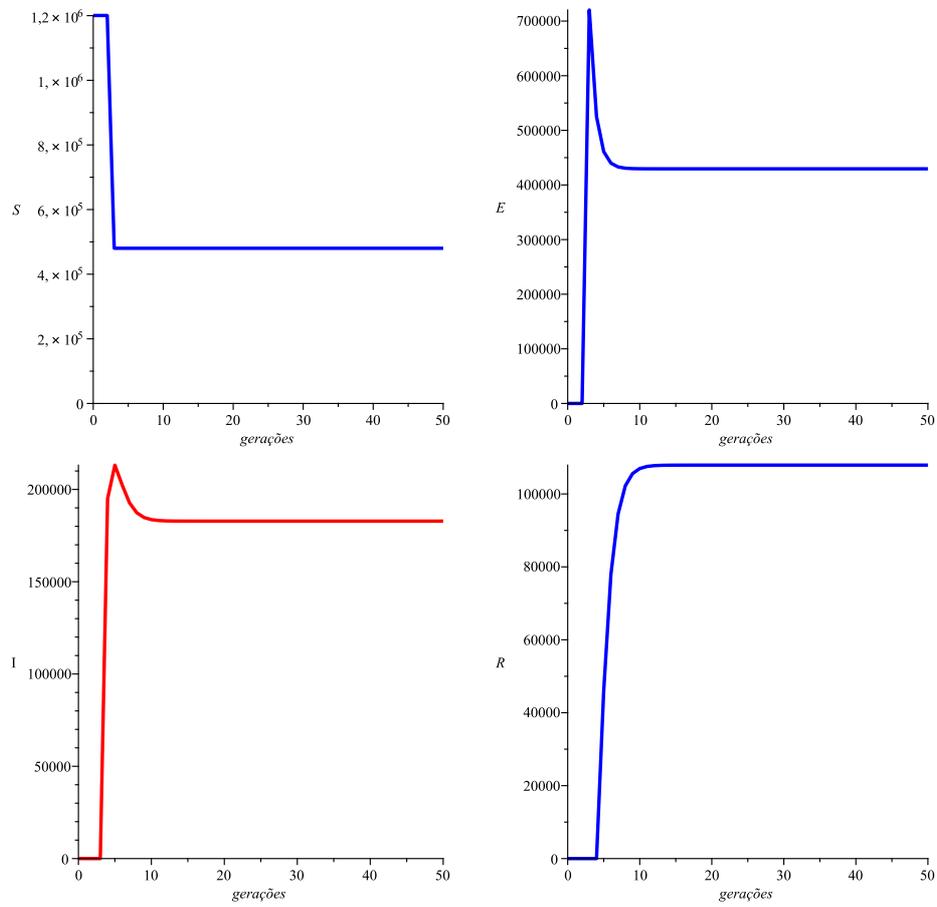


Figura 3.8: Gráficos da população de humanos do modelo discreto ilustrando o equilíbrio endêmico, as condições iniciais e os valores dos parâmetros utilizados estão indicados na seção 3.2 d).

Ao variarmos os parâmetros β_h e β_m não observamos a solução do sistema tender ao *Equilíbrio sem Mosquito*.

4 O MODELO DISCRETO PARA A TRANSMISSÃO DA DENGUE COM MOVIMENTAÇÃO POR DIFUSÃO UTILIZANDO REDE DE MAPAS ACOPLADOS

Nos capítulos anteriores estudamos modelos de transmissão da Dengue formados por equações diferenciais ordinárias, cuja única variável independente era o tempo (capítulo 2), e também construímos um modelo formado por equações a diferenças onde o tempo era contado através das gerações (capítulo 3). Portanto, até agora, não consideramos a variável independente espaço; é como se o sistema fosse espacialmente homogêneo.

Neste capítulo, acrescentaremos a variável espacial no modelo de transmissão da dengue discreto estudado no capítulo 3, utilizando as Redes de Mapas Acoplados em um reticulado (malha, rede) bidimensional 49×49 , no qual admitiremos que as populações se movimentam. O meio será dividido em um reticulado retangular no qual as populações são distribuídas em sítios (*patches*). Cada sítio é identificado por dois índices (i, j) , onde i representa a linha e j representa a coluna do reticulado.

Conforme Bunimovich (2005) as Redes de Mapas Acoplados foram introduzidas simultaneamente e independentemente por K. Kaneko, R. Kapral e S. Kuznetsov em 1983 – 84. A evolução do sistema é descrita em uma escala global a partir de um conjunto de processos locais juntamente com as interações entre os diversos sítios que compõem o domínio.

No nosso estudo, o comportamento será obtido em uma sequência de eventos constituídos, em cada geração, por duas etapas: a **movimentação** (dispersão) e a **dinâmica vital**.

4.1 Regras de Movimentação e Condições de Fronteira

Neste trabalho, consideraremos um movimento do tipo difusão, tanto para a população de mosquitos quanto para a população de humanos em um reticulado 49×49 (bidimensional).

Quanto ao alcance da movimentação sobre este reticulado, vamos supor que seja apenas local, isto é, entre os vizinhos mais próximos. Se considerarmos a população em algum sítio (i, j) , parte dela irá se movimentar para os sítios $(i, j + 1)$, $(i, j - 1)$, $(i + 1, j)$ e $(i - 1, j)$, ou seja, em uma vizinhança definida por:

$$V_{i,j} \equiv \{(i, j + 1), (i, j - 1), (i + 1, j), (i - 1, j)\}, \quad (4.1)$$

com $i = 1, \dots, 49$ e $j = 1, \dots, 49$.

A população no sítio (i, j) na geração t após a movimentação será dada pela população (i, j) na geração t antes da movimentação, menos a parte da população (i, j) que saiu e foi para os sítios pertencentes a $V_{i,j}$, mais uma parte da população dos sítios de $V_{i,j}$ que vem para o sítio (i, j) .

Somente após a movimentação, ocorrerá a interação entre as populações (ao incluirmos a dinâmica vital que são: os nascimentos, mortes, contato entre humanos e mosquitos, entre outros), resultando nas populações da geração $t + 1$.

Os quadros abaixo representam de forma resumida a movimentação que ocorre entre os sítios.

Número de indivíduos no sítio (i, j) , na geração t , após a movimentação	=	Número de indivíduos no sítio (i, j) , na geração t , antes da movimentação	-	Número de indivíduos que saem do sítio (i, j) e vão para os sítios de $V_{i,j}$, na geração t	+	Número de indivíduos dos sítios de $V_{i,j}$ que entram no sítio (i, j) na geração t
--	---	--	---	---	---	---

Podemos ainda representar esta movimentação diagramaticamente (ver Figura 4.1), onde $X_{i,j}^t$ é uma população no sítio (i, j) na geração t , antes da movi-

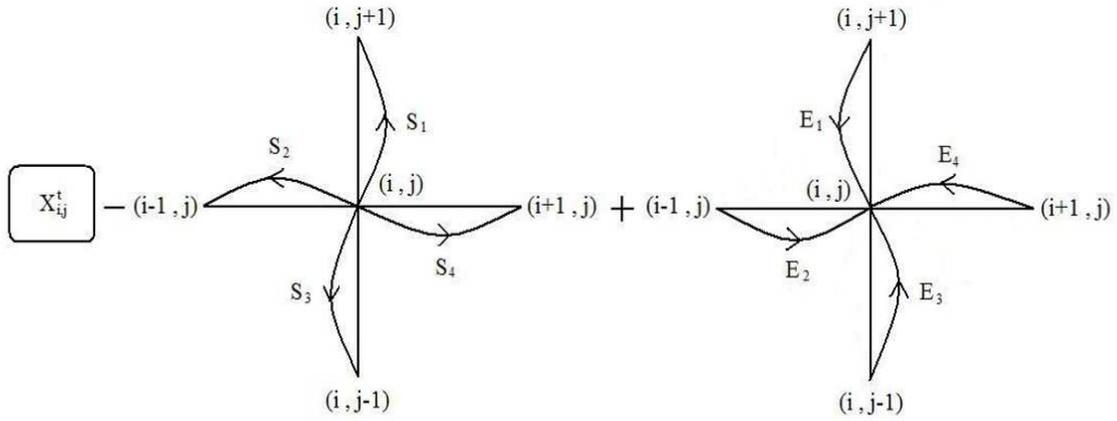


Figura 4.1: Representação da movimentação entre os sítios (*patches*) (i, j) e sua vizinhança de acordo com a equação (4.2).

mentação, mostrando que, para a população $X_{i,j}^t$, após a movimentação, tem-se:

$$X_{i,j}^{t'} = X_{i,j}^t - \sum_{k=1}^4 S_k + \sum_{k=1}^4 E_k, \quad (4.2)$$

sendo S_k as saídas do sítio (i, j) e E_k as entradas no sítio (i, j) , com $k = 1, \dots, 4$.

Após a movimentação entre os sítios, ocorre a dinâmica vital em cada compartimento, resultando na população da geração $t + 1$. No nosso modelo, a partir da dinâmica vital estabelecida no sistema (3.1)-(3.8), teremos as populações da geração $t + 1$ em cada compartimento, como sendo:

$$\begin{aligned}
A^{t+1} &= e^{kf\phi} \left[M_1'^t e^{-\frac{kf\phi}{C}A'^t} + M_2'^t e^{-\frac{kf\phi}{C}A'^t} + M_3'^t e^{-\frac{kf\phi}{C}A'^t} \right] + (1 - \mu_q)A'^t e^{-\pi q}, \\
M_1^{t+1} &= (1 - \mu_q)(1 - e^{-\pi q})A'^t + (1 - \mu_f)M_1'^t e^{-\beta_m I'^t}, \\
M_2^{t+1} &= (1 - \mu_f)(1 - e^{-\beta_m I'^t})M_1'^t + (1 - \mu_f)M_2'^t e^{-\gamma}, \\
M_3^{t+1} &= (1 - \mu_f)(1 - e^{-\gamma})M_2'^t + (1 - \mu_f)M_3'^t, \\
S^{t+1} &= \mu N + (1 - \mu)S'^t e^{-\beta_h M_3'^t}, \\
E^{t+1} &= (1 - \mu)(1 - e^{-\beta_h M_3'^t})S'^t + (1 - \mu)E'^t e^{-\alpha}, \\
I^{t+1} &= (1 - \mu)(1 - e^{-\alpha})E'^t + (1 - \mu)I'^t e^{-\eta}, \\
R^{t+1} &= (1 - \mu)(1 - e^{-\eta})I'^t + (1 - \mu)R'^t,
\end{aligned}$$

onde A'^t , $M_1'^t$, $M_2'^t$, $M_3'^t$, S'^t , E'^t , I'^t e R'^t são as populações dos compartimentos da fase aquática, dos mosquitos suscetíveis, mosquitos infectados, mosquitos infecciosos, humanos suscetíveis, humanos infectados, humanos infecciosos e humanos recuperados, respectivamente, da geração t , após a movimentação, calculadas por uma equação do tipo (4.2).

Para descrevermos a **difusão** de uma população X no reticulado 51×51 , consideraremos um parâmetro de movimentação μ_X , com $0 < \mu_X < 1$, como sendo a proporção da população X de cada compartimento que sai do sítio (i, j) e vai para os sítios vizinhos, isto é, se o movimento for isotrópico, cada saída S_k será igual a $\frac{\mu_X}{4}X_{i,j}^t$ e cada entrada E_k será igual a $\frac{\mu_X}{4}$ da população do sítio de origem.

Assim, para uma população qualquer $X_{i,j}^t$ em algum compartimento, seja dos mosquitos ou dos humanos, podemos escrever explicitamente os diversos termos da equação (4.2) como segue:

$$\begin{aligned}
X_{i,j}'^t &= X_{i,j}^t - \frac{\mu_X}{4}X_{i,j}^t - \frac{\mu_X}{4}X_{i,j}^t - \frac{\mu_X}{4}X_{i,j}^t - \frac{\mu_X}{4}X_{i,j}^t + \\
&\quad + \frac{\mu_X}{4}X_{i+1,j}^t + \frac{\mu_X}{4}X_{i-1,j}^t + \frac{\mu_X}{4}X_{i,j+1}^t + \frac{\mu_X}{4}X_{i,j-1}^t,
\end{aligned}$$

ou ainda,

$$X_{i,j}'^t = (1 - \mu_X)X_{i,j}^t + \frac{\mu_X}{4} \sum_{(m,l) \in V_{i,j}} X_{m,l}^t, \quad (4.3)$$

que pode ser ilustrada pelo diagrama da Figura 4.2.

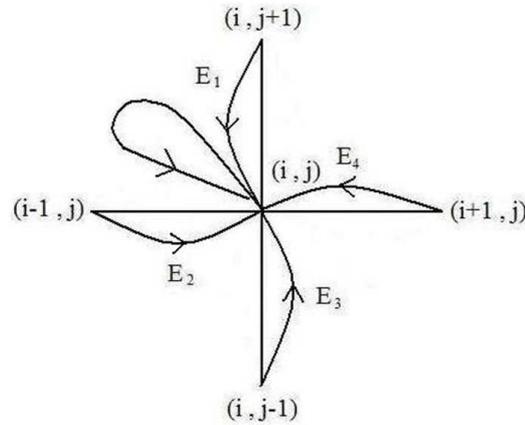


Figura 4.2: Forma mais compacta para a movimentação do tipo **difusão** entre os sítios, de acordo com a equação (4.3).

Para evitar confusão, chamamos a atenção de que o parâmetro μ_X é o parâmetro de movimentação, onde X indica a população cuja movimentação está sendo considerada. Os demais μ , que estão envolvidos na dinâmica vital do sistema (μ_q , μ_f e μ), são as taxas de mortalidade das populações da fase aquática, mosquitos e humanos.

Para simulações deste capítulo, foram utilizadas **Condições de Fronteira Reflexiva**, ou seja, ao chegarem na fronteira, os indivíduos são refletidos para dentro do reticulado, permanecendo, portanto, no interior do domínio. Esta condição é usada, por exemplo, quando as condições de sobrevivência dos indivíduos forem favoráveis dentro do domínio, mas desfavoráveis fora dele.

4.2 Simulações

Organizaremos nossas simulações de modo a investigar como variam os estados assintóticos, à medida que variamos as taxas de contato β_h e β_m envolvidas.

Para a difusão, utilizaremos parâmetros de movimentação para a fase aquática μ_A , para os mosquitos fêmeas adultos $\mu_{M_1} = \mu_{M_2} = \mu_{M_3}$, para os humanos infecciosos μ_I , e para humanos não infecciosos $\mu_S = \mu_E = \mu_R$. Para a fase aquática, manteremos os indivíduos estáticos, ou seja, $\mu_A = 0$; para os humanos infecciosos, também consideraremos que não se movimentam, isto é, $\mu_I = 0$, uma vez que os doentes deverão permanecer em repouso; e para os compartimentos dos mosquitos fêmeas adultos, atribuiremos uma taxa de movimentação $\mu_{M_1} = \mu_{M_2} = \mu_{M_3}$ que representaremos por μ_m , com valor $\mu_m = 0,4$, menor do que a dos humanos suscetíveis, expostos e recuperados $\mu_S = \mu_E = \mu_R$ que representaremos por μ_h , com valor $\mu_h = 0,6$.

Para as populações iniciais em cada sítio, consideraremos as mesmas populações totais utilizadas no capítulo 3, mas distribuídas igualmente (exceto no sítio central, que conterà os indivíduos inicialmente infecciosos - humanos ou mosquitos, quando existirem) entre os diversos sítios do habitat da malha de tamanho 49×49 .

Para construirmos a fronteira reflexiva, consideramos uma malha de tamanho 51×51 , sendo que em suas bordas ($i = 1$, $i = 51$, $j = 1$ e $j = 51$) a população é nula. Portanto, o habitat a ser considerado na dinâmica será o habitat 49×49 proveniente de $i = 2, \dots, 50$ e $j = 2, \dots, 50$. O sítio central, considerando as bordas reflexivas, é o sítio $(i, j) = (26, 26)$ na malha 51×51 (ver Figura 4.3).

Na malha 51×51 , o número de sítios nos quais a população é não nula é (descontando-se as bordas que mantemos com população nula) de $49 \times 49 = 2401$ sítios. Assim sendo, teremos, em cada sítio $(i, j) \neq (26, 26)$, as seguintes populações iniciais:

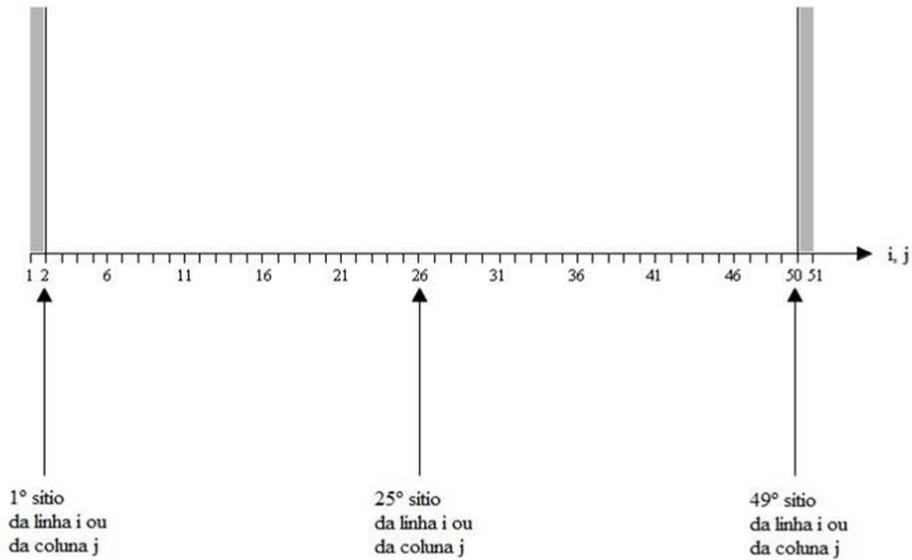


Figura 4.3: Representação da dinâmica do sistema, considerando fronteiras reflexivas em uma malha de tamanho 51×51 .

$$A^0 = 240.100 \div 2401 = 100 \text{ indivíduos,}$$

$$M_1^0 = 480.200 \div 2401 = 200 \text{ indivíduos,}$$

$$M_2^0 = 0,$$

$$M_3^0 = 0,$$

$$S^0 = 1.200.500 \div 2401 = 500 \text{ indivíduos,}$$

$$E^0 = 0,$$

$$I^0 = 0,$$

$$R^0 = 0.$$

No sítio central $(i, j) = (26, 26)$, teremos para A^0 , M_1^0 , M_2^0 , E^0 e R^0 , as mesmas populações iniciais que aquelas em qualquer sítio não central.

O sítio central é aquele que abriga indivíduos inicialmente infecciosos. Se estes forem mosquitos adultos infecciosos, então neste sítio, teremos 6 mosquitos adicionais:

$$M_3^0 = 6,$$

enquanto que S^0 e I^0 terão os mesmos valores (500 e 0 respectivamente) que nos demais sítios. Se estes forem humanos infecciosos, então no sítio (26, 26), suporemos que, do total de 500 humanos, 5 sejam infecciosos, isto é:

$$I^0 = 5 \text{ e } S^0 = 495,$$

porque nas nossas simulações, humanos infecciosos são pessoas que viajaram e, quando retornaram, estavam infecciosos. As populações iniciais A^0 , M_1^0 , M_2^0 , M_3^0 , E^0 , R^0 , serão as mesmas que em qualquer sítio não central. Vale lembrar que a população total dos humanos se mantém constante a cada geração.

Variando as taxas de contato, a partir das condições iniciais como especificado acima, e mantendo fixos todos os demais parâmetros, iremos investigar qual a evolução temporal do sistema, em cada um dos sítios na estrutura espacial estabelecida, bem como para qual tipo de equilíbrio tende o sistema.

Dois tipos de gráficos serão apresentados: 1) gráficos das populações-solução ao longo da linha $i = 26$ (da fase aquática, dos mosquitos e dos humanos) em cada compartimento nos sítios $(26, j)$, com $j = 2, \dots, 50$; estes gráficos serão traçados em escalas diferentes, sendo que, como ponto máximo do intervalo mostrado no eixo vertical para cada compartimento, colocamos o maior valor dentre todos os dos sítios considerados. 2) gráficos da distribuição das densidades populacionais em todo o reticulado, em alguns tempos fixos, considerando apenas o habitat de tamanho 49×49 que é onde acontece a dinâmica do sistema.

1. População inicial de humanos infecciosos

Neste caso, consideraremos as seguintes condições iniciais:

- **No sítio** $i = j = 26$, as condições iniciais serão: $A^0 = 100$, $M_1^0 = 200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 0$, $S^0 = 495$, $E^0 = 0$, $I^0 = 5$ e $R^0 = 0$, ou seja, a população de mosquitos é toda suscetível;
- **Nos sítios restantes**, as condições iniciais serão: $A^0 = 100$, $M_1^0 = 200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 0$, $S^0 = 500$, $E^0 = 0$, $I^0 = 0$ e $R^0 = 0$.

1º) Equilíbrio Livre da Doença

Considerando as taxas de contato, entre humanos suscetíveis e mosquitos infecciosos e entre mosquitos suscetíveis e humanos infecciosos, β_m e β_h respectivamente, pequenas, e com os seguintes valores para os parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 500$; $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,001$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,001$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$; espera-se que, apesar de em cada sítio termos populações iniciais de humanos e mosquitos suscetíveis e no sítio central humanos infecciosos, como as taxas de contato β_m e β_h são pequenas, a doença não consiga se desenvolver e nem permanecer no ambiente.

Da Figura 4.4, podemos concluir que a população do compartimento A , em cada sítio, cresce com o passar das gerações e após um certo número de iterações (gerações), ela não se altera, ou seja, fica em estado de equilíbrio. O mesmo acontece com a população de mosquitos suscetíveis (M_1), que cresce e permanece inalterada depois de passar por um número de gerações. Já a população de mosquitos infectados (M_2), que cresce inicialmente, depois decresce tendendo a zero. Para a população de mosquitos infecciosos (M_3), observamos o mesmo comportamento que para os infectados,

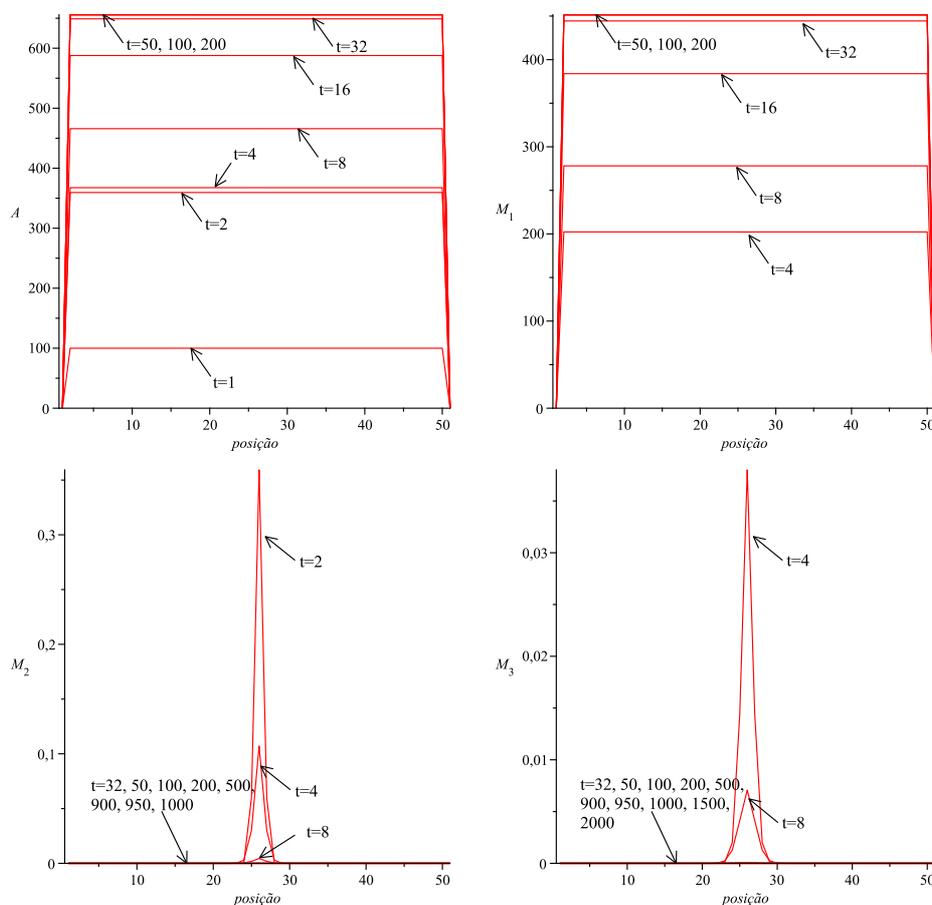


Figura 4.4: Gráficos das populações dos compartimentos A , M_1 , M_2 e M_3 respectivamente nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, para diferentes gerações com população inicial de humanos infecciosos e taxas de contato $\beta_m = 0,001$ e $\beta_h = 0,001$.

ou seja, cresceu inicialmente e depois decresceu, também tendendo a zero.

Na Figura 4.5, a população de humanos suscetíveis nas primeiras gerações é um pouco menor em torno do sítio central $(26, 26)$, onde, desde o início, temos menos indivíduos suscetíveis e, além disso, alguns se tornam infectados; mas com o passar das gerações, ela atinge em todos os sítios o valor total da população de humanos ($S^* = 500$); isto acontece pois o contato é tão pequeno que faz com que não haja mais evidências de novos infectados. No gráfico das soluções para a população de suscetíveis, observa-se o

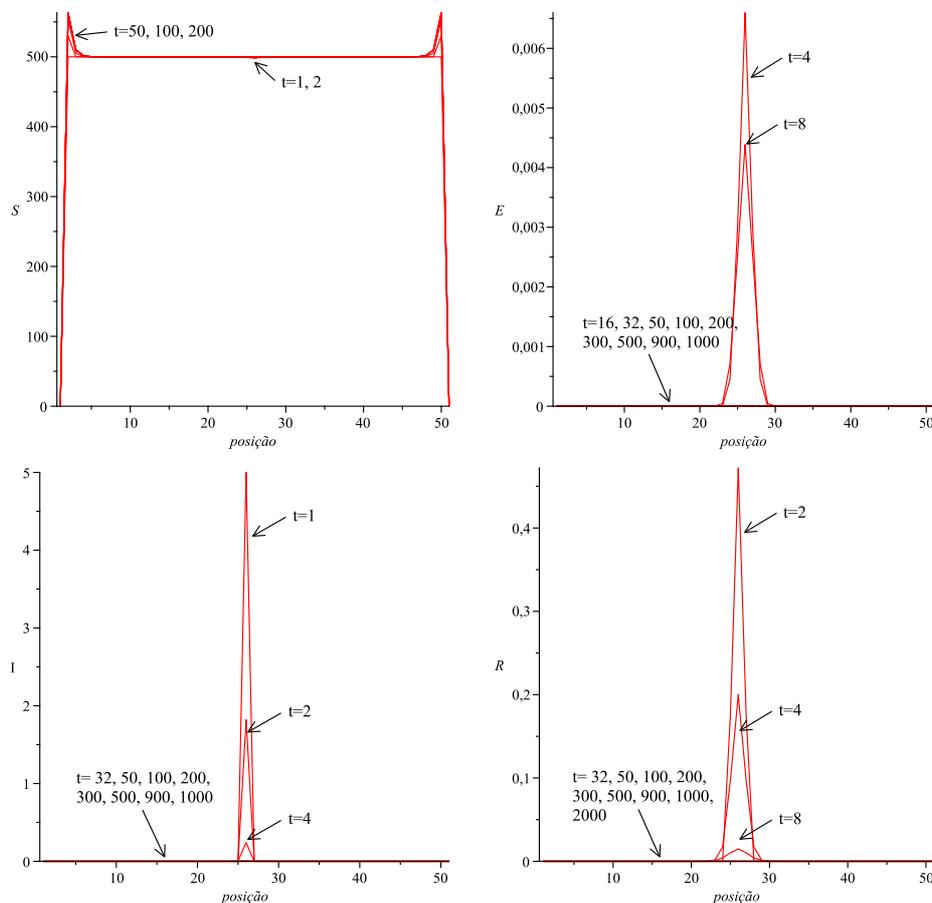


Figura 4.5: Gráficos das populações dos compartimentos S , E , I e R respectivamente nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, para diferentes gerações com população inicial de humanos infecciosos e taxas de contato $\beta_m = 0,001$ e $\beta_h = 0,001$.

efeito das bordas que pode acontecer ao utilizarmos condições de fronteira reflexiva. Com relação à população de humanos infectados (E), ela cresce inicialmente, mas com o passar das gerações também decresce, tendendo a zero após algum tempo. O mesmo comportamento acontece com a população de humanos infecciosos que começa com uma população de $M_3^0 = 5$ e depois decresce, também tendendo a zero, comportamento que também se observa para a população de humanos recuperados (R).

Portanto, este é um caso em que a doença foi eliminada do ambiente, permanecendo apenas suscetíveis, ou seja, temos um **Equilíbrio Livre da Doença**.

2º) Equilíbrio Endêmico

Aumentando os valores para as taxas de contato β_m entre humanos suscetíveis e mosquitos infecciosos e β_h entre mosquitos suscetíveis e humanos infecciosos, e com os seguintes valores para os parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 500$; $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,4$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,6$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$; esperamos que a doença consiga se desenvolver e permanecer no ambiente.

Da Figura 4.6, podemos concluir que, com o passar das gerações, a população do compartimento A cresce até chegar a um estado de equilíbrio não nulo. Para a população de mosquitos suscetíveis (M_1) observamos que na região central, com o passar do tempo, a população inicialmente diminui e depois aumenta, o contrário ocorrendo em sítios afastados da região central e, nos gráficos em $t \geq 50$, tem-se todos os sítios no mesmo valor de equilíbrio que é $M_1 \simeq 180$. Com isso, a população de mosquitos infectados (M_2), começa a crescer e se espalhar no reticulado, também tendendo a um valor de equilíbrio não nulo. De maneira semelhante, como na população de mosquitos infectados, a população de mosquitos infecciosos (M_3) também cresce e, depois de um certo número de gerações, tende a um valor de equilíbrio não nulo.

Na Figura 4.7, vê-se que a população de humanos suscetíveis (S) começa a diminuir na região central sendo que isto acontece pois, neste sítio, tínhamos inicialmente população de humanos infecciosos (I); observe que fora da região central a população, no início, não varia como na população de mosquitos suscetíveis; isto acontece porque a população de humanos é constante e, em tempos

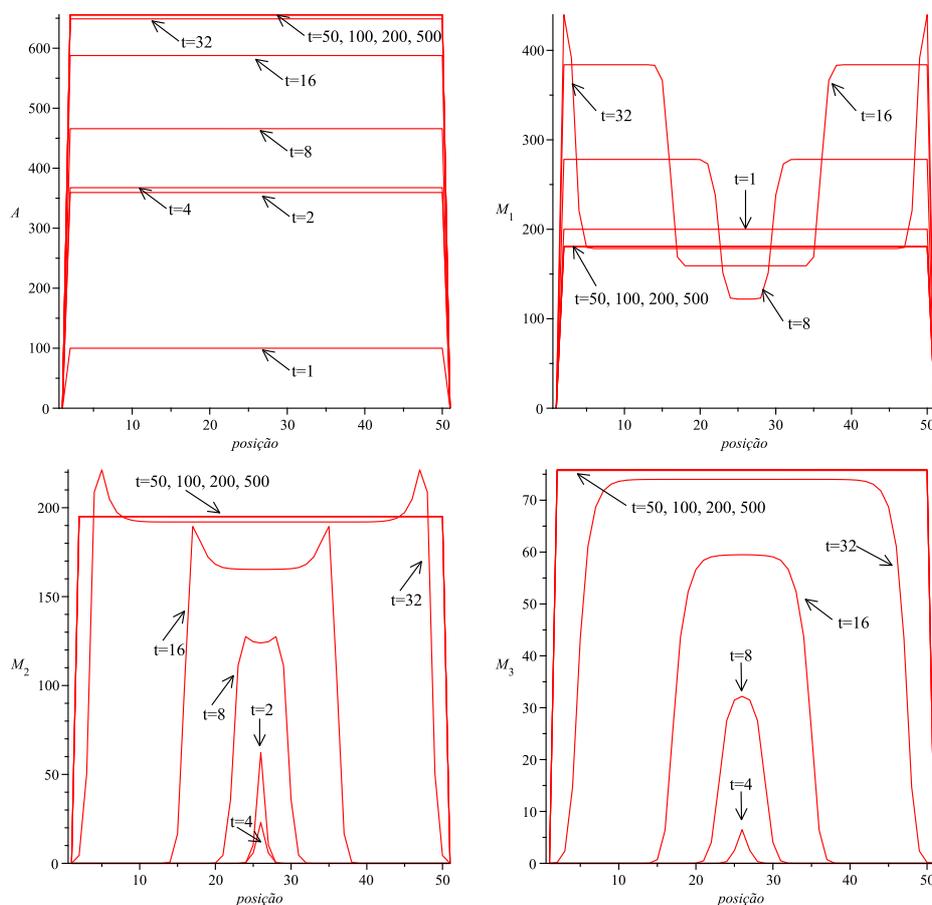


Figura 4.6: Gráficos das populações dos compartimentos A , M_1 , M_2 e M_3 respectivamente nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, para diferentes gerações, com população inicial de humanos infecciosos e taxas de contato $\beta_m = 0, 4$ e $\beta_h = 0, 6$.

pequenos, as populações nos demais compartimentos de humanos mantém-se ainda em zero. Após um certo número de iterações (gerações), a população de humanos suscetíveis tende a um mesmo valor constante não nulo em todos os sítios. À medida em que a população de humanos suscetíveis se torna infectada, a população de humanos infectados (E) cresce e se espalha pelo ambiente, atingindo um valor de equilíbrio não nulo, após um certo número de gerações. A população de humanos infecciosos cresce e se espalha em todo o reticulado, já que os humanos infectados se tornam infecciosos após passarem pelo período de incubação, tam-

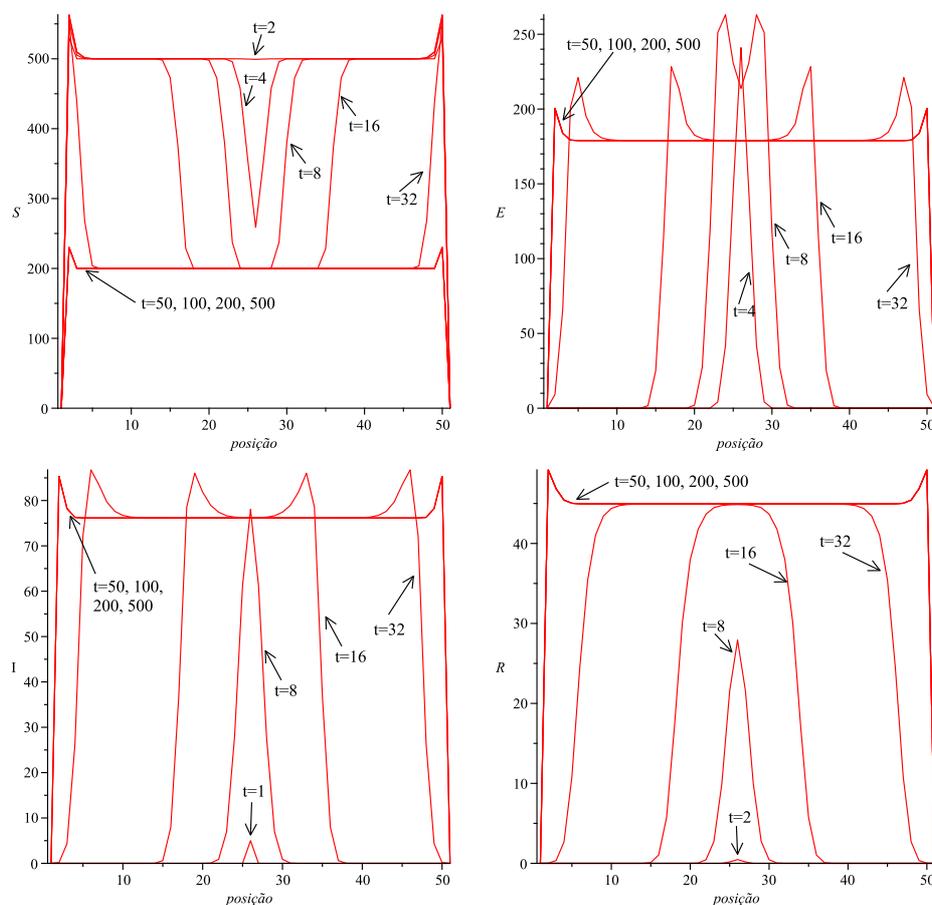


Figura 4.7: Gráficos das populações dos compartimentos S , E , I e R respectivamente nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, para diferentes gerações, com população inicial de humanos infecciosos e taxas de contato $\beta_m = 0, 4$ e $\beta_h = 0, 6$.

bém atingindo um ponto de equilíbrio não nulo, comportamento que também se observa na população de humanos recuperados (R).

Temos, portanto, um **Equilíbrio Endêmico**.

Para este caso, apresentaremos a distribuição espacial das densidades populacionais em todo o reticulado, para observarmos o efeito da difusão. Nas Figuras 4.8, 4.9, 4.10 e 4.11, temos representadas as densidades populacionais para os compartimentos dos mosquitos suscetíveis (M_1), mosquitos infecciosos (M_3), humanos suscetíveis (S) e humanos infecciosos (I), respectivamente.

Em cada uma dessas 4 figuras, apresentamos uma sequência de distribuições espaciais de densidades, correspondentes a: (a) $t = 1$, (b) $t = 8$, (c) $t = 16$, (d) $t = 32$ e (e) $t = 100$. A escala de preto e branco utilizada nestas distribuições foi fixada como segue: para cada uma destas sequências, identificamos os valores das densidades populacionais máxima e mínima, aos quais atribuímos as cores branco e preto respectivamente.

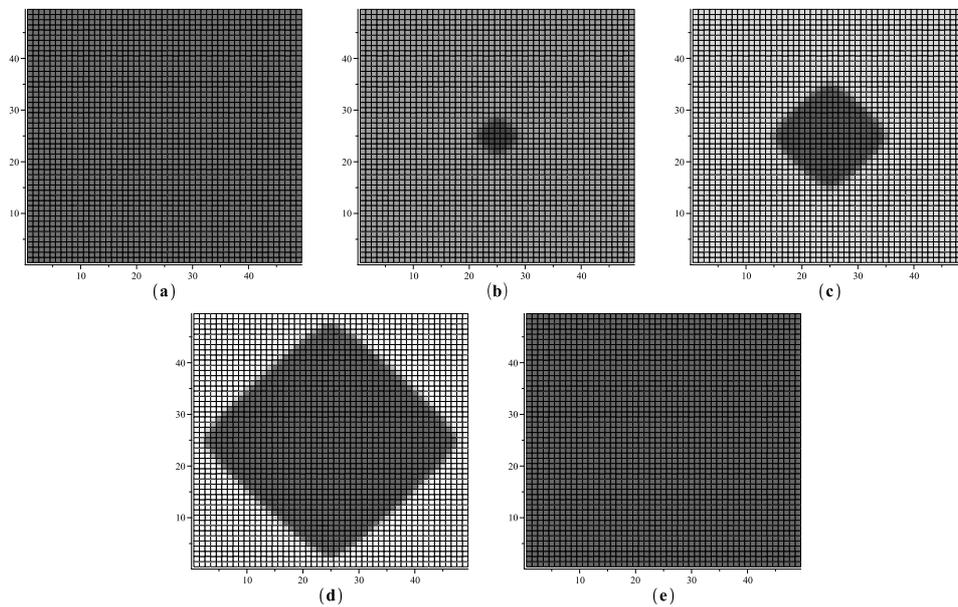


Figura 4.8: Distribuição espacial das densidades populacionais de mosquitos suscetíveis (M_1), em um sistema que atinge o equilíbrio endêmico, sendo que a população inicial incluía humanos infecciosos. (a) $t = 1$, (b) $t = 8$, (c) $t = 16$, (d) $t = 32$, (e) $t = 100$.

Se analisarmos o que ocorre em $i = 26$ em cada uma dessas sequências, estaremos ratificando o que foi evidenciado nas Figuras 4.6 e 4.7.

Na Figura 4.8, podemos observar, na região central do habitat, que a população de mosquitos suscetíveis é menor (cor mais escura) do que fora da região central (cor mais clara). Com o passar das gerações, esta região central vai aumentando, até que a população atinge um estado de equilíbrio não nulo (um pouco menor que a

população homogênea em $t = 1$) em todos os sítios (ver gráfico de M_1 na Figura 4.6). Podemos observar a movimentação por difusão e ainda, uma simetria na distribuição da população com relação ao centro do habitat.

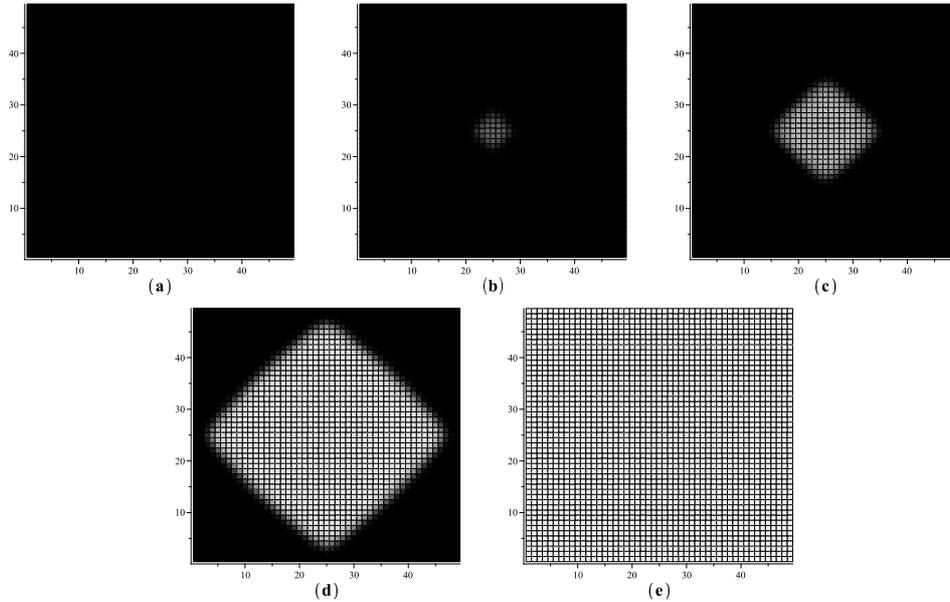


Figura 4.9: Distribuição espacial das densidades populacionais de mosquitos infecciosos (M_3), em um sistema que atinge o equilíbrio endêmico, sendo que a população inicial incluía humanos infecciosos. (a) $t = 1$, (b) $t = 8$, (c) $t = 16$, (d) $t = 32$, (e) $t = 100$.

Na Figura 4.9 podemos observar a partir de $t = 8$ que, na região central do habitat, a população de mosquitos infecciosos é maior (cor mais clara) do que fora desta região, na qual a população é nula (cor preta). Com o passar das gerações, esta região central continua aumentando até atingir o estado de equilíbrio homogêneo não nulo (ver gráfico de M_3 da Figura 4.6). Também podemos observar a movimentação por difusão e a simetria com relação ao centro do habitat.

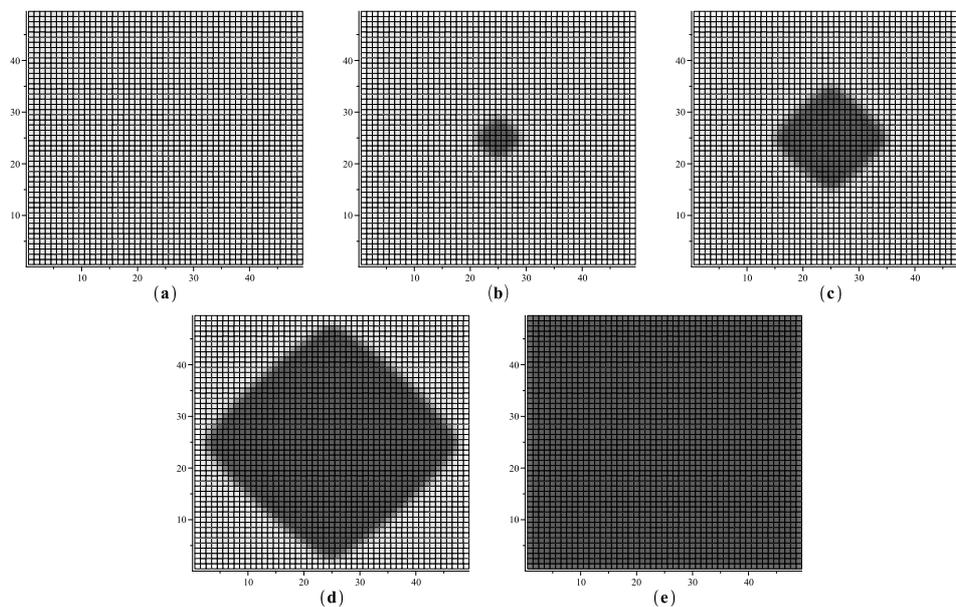


Figura 4.10: Distribuição espacial das densidades populacionais de humanos suscetíveis (S), em um sistema que atinge o equilíbrio endêmico, sendo que a população inicial incluía humanos infecciosos. (a) $t = 1$, (b) $t = 8$, (c) $t = 16$, (d) $t = 32$, (e) $t = 100$.

Na Figura 4.10 vê-se que, na região central do habitat, a população de humanos suscetíveis é menor (cor mais escura) do que fora (cor mais clara). Com o passar das gerações, esta região central vai aumentando, até que a população atinja seu estado de equilíbrio homogêneo não nulo (ver gráfico de S na Figura 4.7).

Na Figura 4.11 observamos que, na região central do habitat, a população de humanos infecciosos começa a aumentar (cor mais clara) e, por um processo de difusão simples, aumenta em todo o habitat até atingir seu estado de equilíbrio homogêneo não nulo (ver gráfico de I da Figura 4.7).

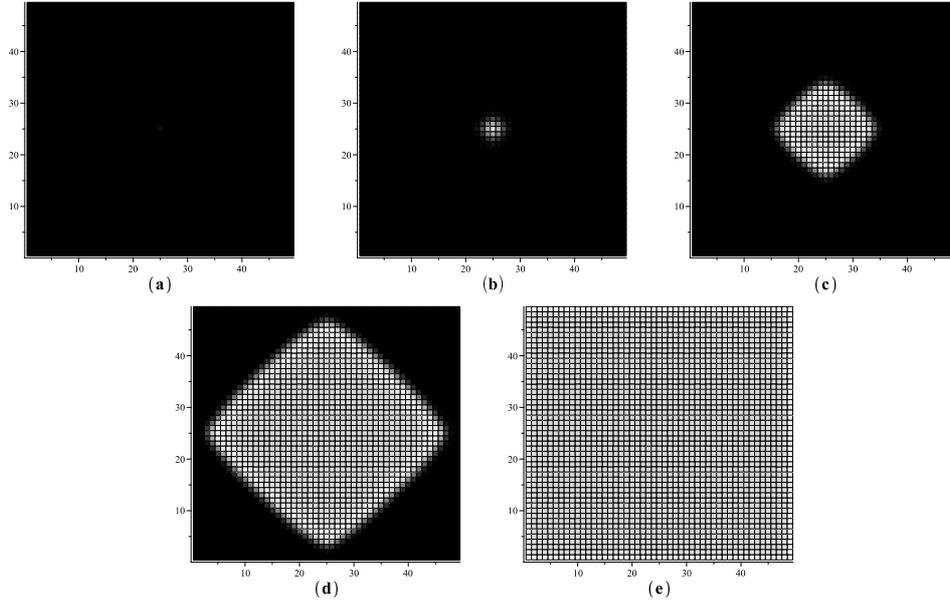


Figura 4.11: Distribuição espacial das densidades populacionais de humanos infecciosos (I), em um sistema que atinge o equilíbrio endêmico, sendo que a população inicial incluía humanos infecciosos. (a) $t = 1$, (b) $t = 8$, (c) $t = 16$, (d) $t = 32$, (e) $t = 100$.

A análise deste equilíbrio endêmico pode ainda ser complementada através do estudo da velocidade da frente de onda da propagação da doença no habitat.

Para isso, visto que existe uma simetria com relação ao centro do habitat, identificamos na linha $i = 26$, cujas populações de cada sítio já foram apresentados na Figura 4.7, para diversos t , o valor de $\omega_c(t) \geq 0$, que depende de t , permitindo reconhecer a presença de humanos infecciosos I naquela geração, em todo o sítio $(26, j)$, onde $j \in [26 - \omega_c, 26 + \omega_c]$ e $I \simeq 0$ para j fora deste intervalo.

A partir daí, construímos o gráfico dos pontos $(t, 26 + \omega_c)$, apresentado na Figura 4.12,

O gráfico confirma que, se inicialmente houver infecciosos apenas no sítio central, ocorrerá com o passar do tempo, um crescimento do espaço (segmento de reta cujo ponto médio é $(i, j) = (26, 26)$) ocupado por infecciosos.

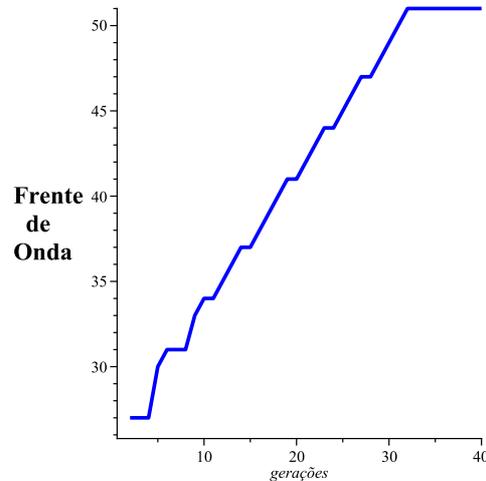


Figura 4.12: Gráfico da frente de onda da infecção para população inicial de humanos infecciosos.

Além disso, observamos que este crescimento é linear, o que pode ser explicado pelo tipo de movimento (isotrópico na direção vertical e horizontal). A velocidade desse movimento de invasão da infecção, é aproximadamente igual à inclinação da reta que melhor passa por esses pontos, que para este caso é aproximadamente igual a $0,86$ sítios/tempo. Portanto, é possível prever onde a infecção estará após um determinado tempo.

3º) Equilíbrio Livre da Doença, com taxas de contato nulas

Neste caso, apesar de termos população inicial não nula para humanos infecciosos, como a taxa de contato tanto de humanos infecciosos com mosquitos suscetíveis quanto para mosquitos infecciosos com humanos suscetíveis é nula, ou seja, o humano nunca é picado por um mosquito, decorre que a população de suscetíveis permanecerá suscetível, a população de humanos infecciosos tenderá a zero após passar pelo período infeccioso e a população de humanos infecciosos que se recuperou também tenderá a zero após passar pelo período de vida.

Como é simples o entendimento do comportamento das soluções do sistema para este caso, não apresentamos os gráficos das soluções dos compartimentos, os quais confirmavam o comportamento esperado.

Portanto, temos novamente um **Equilíbrio Livre da Doença**.

2. População inicial de mosquitos infecciosos

Neste caso, consideraremos as seguintes condições iniciais:

- **No sítio** $i = j = 26$, as condições iniciais serão: $A^0 = 100$, $M_1^0 = 200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 6$, $S^0 = 500$, $E^0 = 0$, $I^0 = 0$ e $R^0 = 0$, ou seja, a população de humanos é toda suscetível;
- **Nos sítios restantes**, as condições iniciais serão: $A^0 = 100$, $M_1^0 = 200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 0$, $S^0 = 500$, $E^0 = 0$, $I^0 = 0$ e $R^0 = 0$.

Aqui, podemos pensar como se um número de mosquitos entrassem em um ambiente já doentes (infecciosos). Nosso objetivo é estudar como se dá o espalhamento da doença em torno da população de mosquitos infecciosos, considerando um reticulado de 51×51 em torno da população doente.

1º) Equilíbrio Livre da Doença

Considerando as taxas de contato entre humanos suscetíveis e mosquitos infecciosos e entre mosquitos suscetíveis e humanos infecciosos, β_m e β_h , pequenas, e com os seguintes valores para os parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 500$; $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,001$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,001$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$, espera-se que, apesar de em cada sítio termos populações iniciais de humanos e mosquitos suscetíveis e no sítio central mosquitos infecciosos, como as taxas de contato β_m e β_h são

pequenas, a doença não consiga se desenvolver e nem permanecer no ambiente.

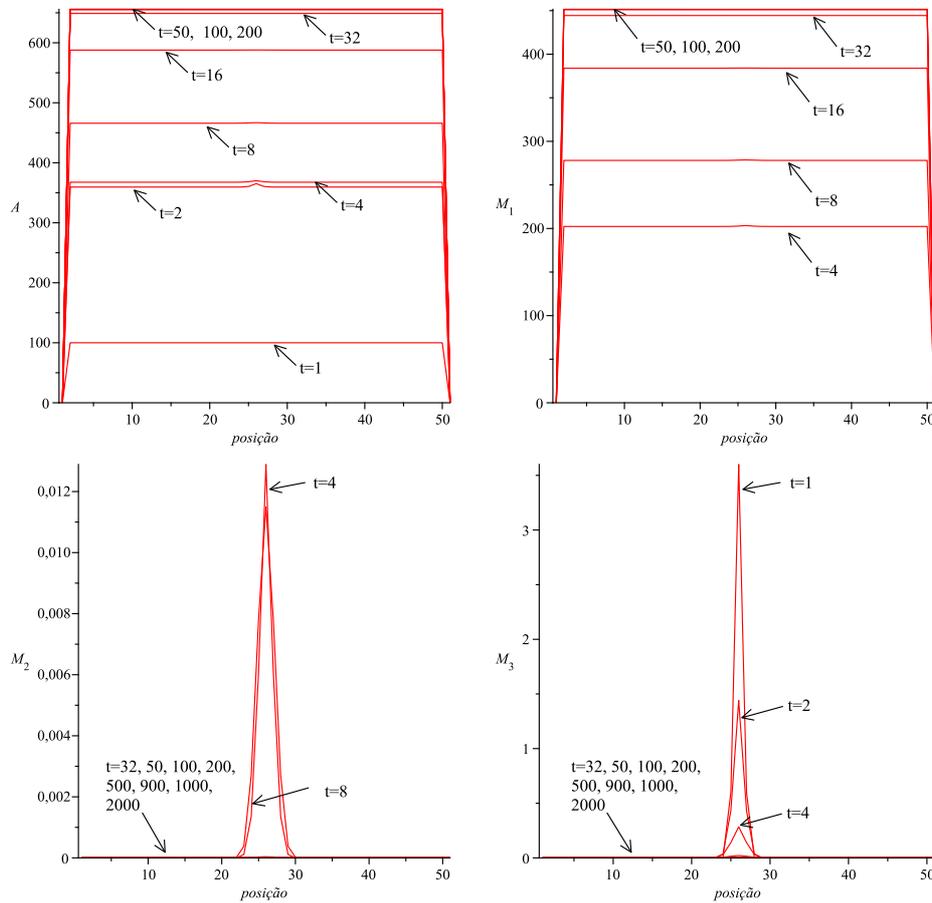


Figura 4.13: Gráficos das populações dos compartimentos A , M_1 , M_2 e M_3 respectivamente nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, para diferentes gerações com população inicial de mosquitos infecciosos e taxas de contato $\beta_m = 0,001$ e $\beta_h = 0,001$.

Na Figura 4.13, observe que a população da fase aquática cresce até atingir um estado de equilíbrio não nulo. O mesmo acontece com a população de mosquitos suscetíveis (M_1). Já a população de mosquitos infectados (M_2), que no tempo inicial é nula, começa a crescer mas com o passar das gerações diminui, tendendo a zero. Isto acontece pois as taxas de contato entre humanos e mosquitos são muito pequenas. A população de mosquitos infecciosos (M_3),

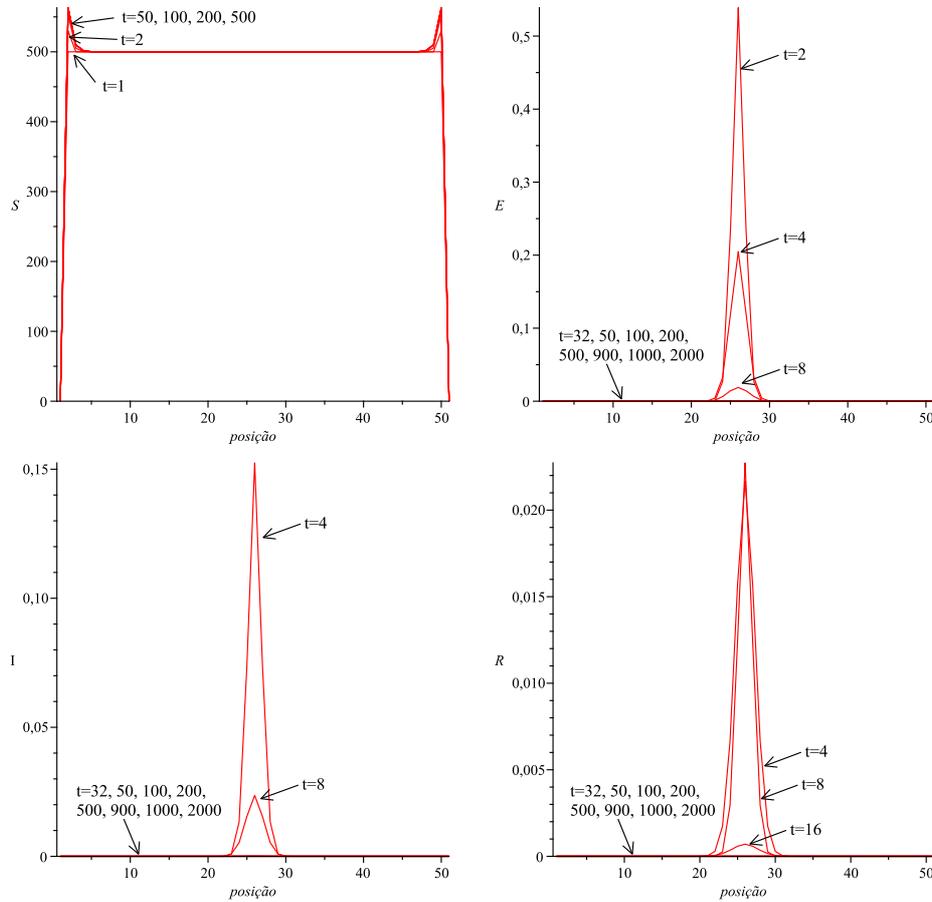


Figura 4.14: Gráficos das populações dos compartimentos S , E , I e R respectivamente nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, para diferentes gerações com população inicial de mosquitos infecciosos e taxas de contato $\beta_m = 0,001$ e $\beta_h = 0,001$.

que inicialmente era diferente de zero ($M_3^0 = 6$), também diminui com o passar das gerações e tende a zero.

Na Figura 4.14, temos a população de humanos suscetíveis (S) para diferentes gerações, sendo que ela praticamente não sofreu alterações com o passar das gerações, pois as taxas de contato são muito pequenas. Com relação à população de humanos infectados (E), que nas primeiras gerações não é nula (pois os humanos suscetíveis são picados por mosquitos infecciosos), tende a zero. As populações humanos infecciosos (I) e humanos recuperados (R) também tendem a zero com o passar das gerações.

Portanto, este é um caso em que a doença foi eliminada do ambiente, permanecendo apenas população suscetível, ou seja, temos um **Equilíbrio Livre da Doença**.

2º) Equilíbrio Endêmico

Aumentando os valores para as taxas de contato β_m e β_h , e com os seguintes valores para os parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $C = 500$; $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,4$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,6$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$; esperamos que a doença consiga se desenvolver e permanecer no ambiente.

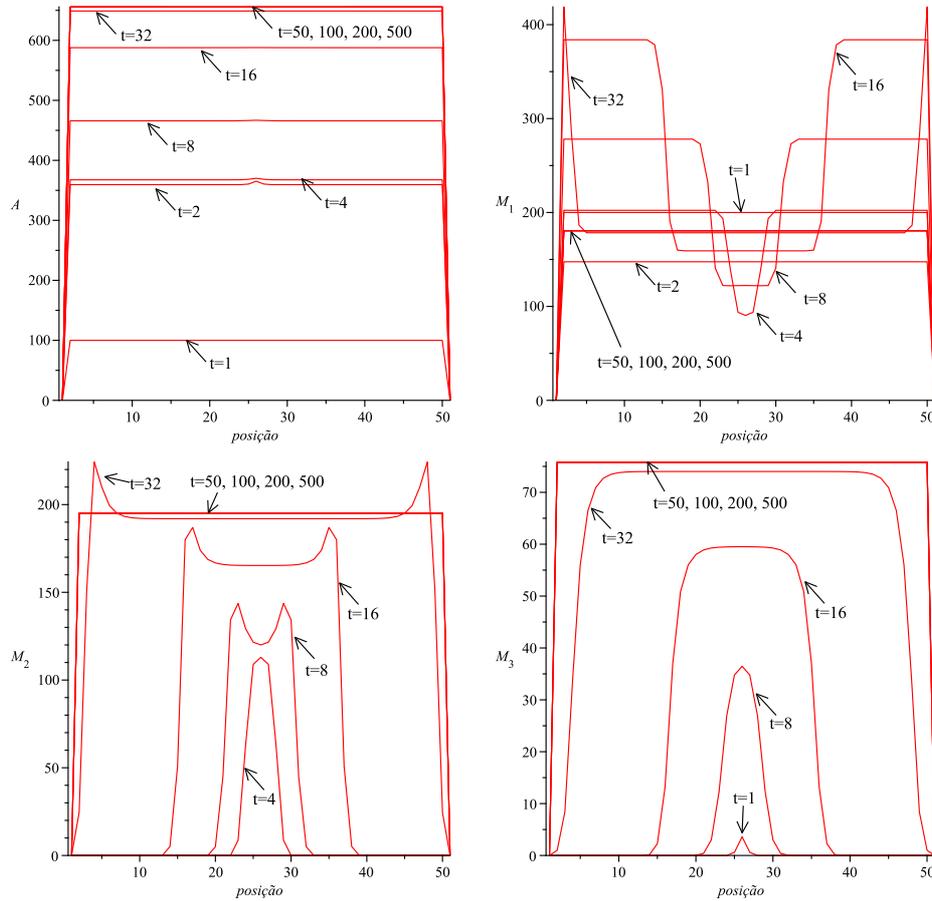


Figura 4.15: Gráficos das populações dos compartimentos A , M_1 , M_2 e M_3 respectivamente nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, para diferentes gerações com população inicial de mosquitos infecciosos e taxas de contato $\beta_m = 0,4$ e $\beta_h = 0,6$.

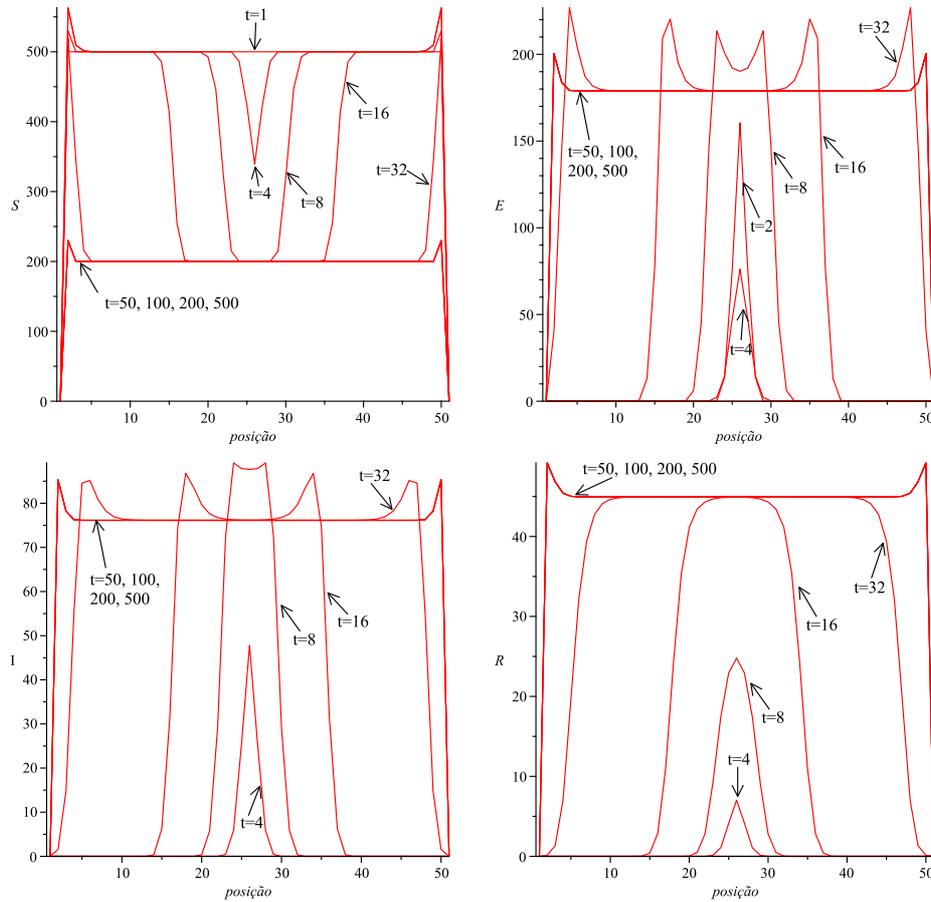


Figura 4.16: Gráficos das populações dos compartimentos S , E , I e R respectivamente nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, para diferentes gerações com população inicial de mosquitos infecciosos e taxas de contato $\beta_m = 0, 4$ e $\beta_h = 0, 6$.

Na Figura 4.15, para esses valores de parâmetros, a população do compartimento A cresce, tendendo a um valor de equilíbrio não nulo. Para a população de mosquitos suscetíveis (M_1), observamos que na região central, com o passar do tempo, a população inicialmente diminui e depois aumenta e o contrário ocorrendo nos sítios afastados da região central; com o passar das gerações, a população em todos os sítios estão no mesmo valor de equilíbrio. Com isso, as populações de mosquitos infectados (M_2) e de mosquitos infecciosos (M_3), que inicialmente não eram encontrados no ambiente,

passaram a crescer, também tendendo a um valor de equilíbrio não nulo.

Os gráficos da Figura 4.16 mostram um comportamento semelhante com os da população de mosquitos nos compartimentos E , I e R . Vemos que a população de humanos suscetíveis começa a sofrer alterações na região central do habitat, diminuindo o número de indivíduos; com o passar das gerações, todos os sítios atingem o mesmo valor, ou seja, um estado de equilíbrio não nulo. As populações dos compartimentos E , I e R começam a crescer com o passar do tempo e a se espalharem por todo o reticulado, chegando também a um estado de equilíbrio não nulo. Portanto, este é um caso em que a doença permaneceu no ambiente, ou seja, temos um **Equilíbrio Endêmico**.

Também podemos complementar a análise deste equilíbrio, através do estudo da velocidade da frente de onda de propagação da doença, de forma análoga ao caso em que tínhamos população inicial de humanos infecciosos no habitat. Construindo o gráfico dos pontos $(t, 26 + \omega_c)$, apresentado na Figura 4.17 podemos observar que o

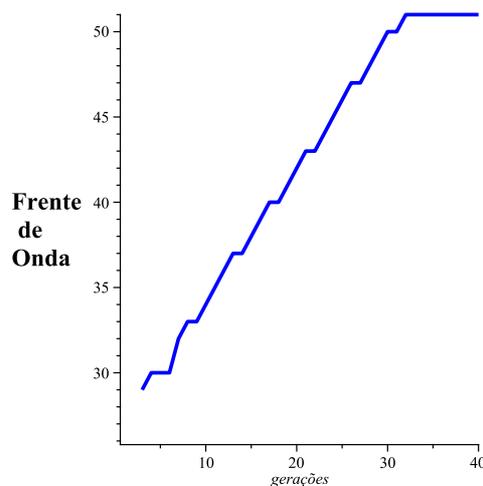


Figura 4.17: Gráfico da frente de onda da infecção para população inicial de mosquitos infecciosos.

crescimento do espaço ocupado pelos infecciosos também é linear. A velocidade desse movimento de invasão da infecção é aproximadamente igual a 0,76 sítios/tempo. Para este caso, também é possível prever até onde a infecção terá se alastrado após um determinado tempo.

3º) **Equilíbrio Livre da Doença, com taxas de contato nulas**

Este caso é semelhante ao que quando tínhamos população inicial não nula para humanos infecciosos. Como a taxa de contato tanto de mosquitos infecciosos e humanos suscetíveis, quanto para humanos infecciosos com mosquitos suscetíveis é nula, ou seja, o humano nunca será picado por um mosquito, decorre que a população de suscetíveis permanecerá suscetível, e a população de mosquitos infecciosos tenderá a zero após passar pelo período de vida.

Como é simples o entendimento do comportamento das soluções para este caso, não apresentamos os gráficos das soluções de cada compartimento, os quais confirmavam o comportamento esperado.

Portanto, temos novamente um **Equilíbrio Livre da Doença**.

4.3 Comparativo entre os Modelos Sem e Com Estrutura Espacial

No capítulo 3, fizemos a análise do modelo discreto sem considerar a movimentação das espécies dos mosquitos e dos humanos. Neste capítulo consideramos a variável espaço através das redes de mapas acoplados.

É interessante comparar como se dá o espalhamento da doença considerando ou não uma estrutura espacial. Para o caso onde utilizamos a rede de mapas acoplados, somaremos as populações infecciosas de todos os sítios em cada geração, e faremos os gráficos de "população *versus*

geração". Para isto consideraremos as populações tanto de mosquitos infecciosos quanto a de humanos infecciosos.

Com o intuito de fazermos esta comparação, foi considerado que as populações iniciais em cada sítio, foram as mesmas utilizadas no capítulo 3, porém distribuídas igualmente (exceto no sítio central, que contém os indivíduos inicialmente infecciosos) entre os diversos sítios do habitat.

Nas Figuras 4.18 e 4.19, podemos observar o comportamento das soluções dos compartimentos de humanos e mosquitos infecciosos sem e com estrutura espacial. As curvas contínuas representam a população quando não estamos considerando o espaço e as curvas pontilhadas representam a população quando estamos considerando estrutura espacial.

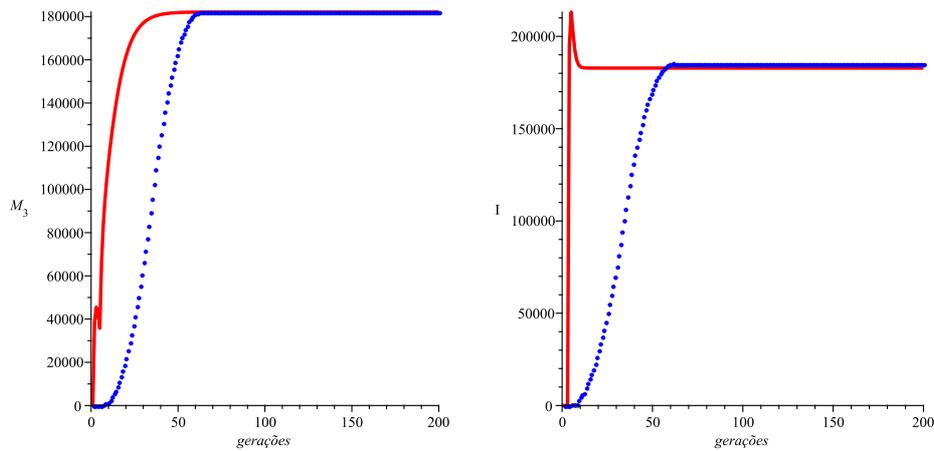


Figura 4.18: Gráficos da população de mosquitos e de humanos sem estrutura espacial (linha contínua) e com estrutura espacial (pontos), com população inicial de humanos infecciosos.

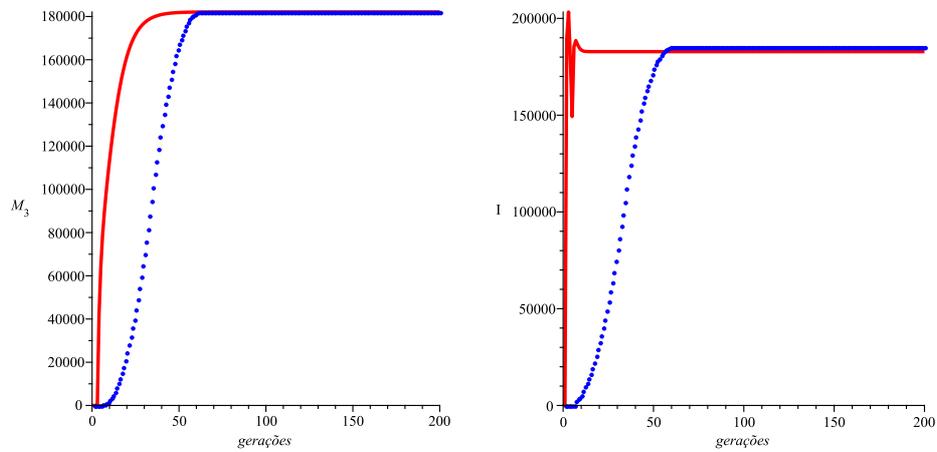


Figura 4.19: Gráficos da população de mosquitos e de humanos sem estrutura espacial (linha contínua) e com estrutura espacial (pontos), com população inicial de mosquitos infecciosos.

Observe que ao considerarmos o espaço, a doença demora mais para se espalhar e, como consequência, a atingir seu estado de equilíbrio. Isto acontece pois o contato se dá apenas com os sítios vizinhos (processo de difusão) e não com toda a população, que é o caso de quando não estamos considerando estrutura espacial. Podemos dizer que a doença se espalha mais lentamente.

5 ESTRATÉGIAS DE CONTROLE DA DENGUE

Quando uma doença se instala em um ambiente, muitas tentativas são feitas para que ela seja eliminada, tais como, a descoberta de vacinas (remédios), a retirada das pessoas dos locais de risco, e a eliminação dos focos através das retiradas de lugares propícios para o nascimento do agente causador da doença.

No caso da Dengue, cujo o vírus é transmitido para os humanos através da picada do mosquito *Aedes aegypti*, enquanto as vacinas contra os quatro sorotipos do vírus causador da doença ainda se encontram em fase experimental, outras estratégias de controle tem sido adotadas para prevenir as ocorrências de surtos de dengue.

De acordo com a Superintendência de Controle de Endemias de São Paulo (SUCEN/SP, 2009) encontramos uma classificação para as estratégias de controle, dentre as quais destacamos as mais conhecidas que são: o controle ambiental, o controle químico e o controle biológico.

O **controle ambiental** consiste em medidas de ordenamento do meio, capazes de eliminar o criadouro através da modificação ou manipulação dos recipientes, como coleta de resíduos sólidos, coleta seletiva de materiais recicláveis, cobertura de áreas de depósitos de materiais que acumulam água, sistema de drenagem, reindustrialização de materiais como: pneus, garrafas pets, latas de cerveja entre outros.

O **controle químico** é uma medida importante em situações de emergência, devido à ação rápida do produto com relação ao mosquito. Ela deve ser de forma controlada, já que essa medida pode proporcionar impactos indesejáveis no ambiente. O uso de inseticidas deve ser utilizado quando outras medidas já foram esgotadas.

O **controle biológico** consiste no emprego de inimigos naturais ou toxinas que eliminam o mosquito. A vantagem desse tipo de controle é que há uma seletividade de ação, afetando apenas organismos alvos, acarretando um menor impacto no ambiente.

No que segue, nosso enfoque classifica-se como controle ambiental.

No capítulo 4, estudamos o que acontece com o passar das gerações, para uma doença descrita pelo modelo (3.1)-(3.8) em uma estrutura espacial do tipo rede de mapas acoplados. Vimos que, dependendo dos parâmetros utilizados, poderíamos ter a doença no ambiente (seja com população inicial de humanos infecciosos ou de mosquitos infecciosos). Neste capítulo, consideraremos um ambiente em situação inicial endêmica, e investigaremos o efeito de reduzir a capacidade dos criadouros (nosso parâmetro C) em alguma área parcial deste ambiente. Uma redução no parâmetro C pode ser interpretada como uma retirada de recipientes destinados a oviposição.

Cabe ressaltar que o número de mosquitos gerados nos focos depende principalmente do tamanho do recipiente, da oferta de nutrientes para as larvas e da densidade larvária no criadouro.

Consideraremos o mesmo habitat que o do capítulo anterior, de tamanho 49×49 , e os mesmos valores de parâmetros anteriormente adotados, exceto o C . A proposta é diminuir o valor de C em alguma região do reticulado e observar o que ocorrerá no todo e, ainda, ver se existe uma área parcial mínima na qual, ao aplicar esta estratégia apenas nesta área, seja promovida uma mudança em todo habitat (ou seja, no equilíbrio do sistema), como por exemplo, sair do equilíbrio espacialmente homogêneo endêmico e ir para o espacialmente homogêneo livre da doença. O equilíbrio espacialmente homogêneo endêmico considerado será aquele cujas condições iniciais nos levam a um ambiente com a população doente; sob essas mesmas condições iniciais, variando o C e a região a qual será aplicada a estratégia queremos um ambiente sem a doença.

5.1 Variando a Capacidade dos Criadouros - C

Consideremos o reticulado 51×51 e uma região R , constituída por um quadrado concêntrico, dentro deste reticulado, de tamanho 21×21 conforme Figura 5.1, na qual queremos implementar uma campanha para retirada de acumuladores de ovos do mosquito transmissor da dengue.

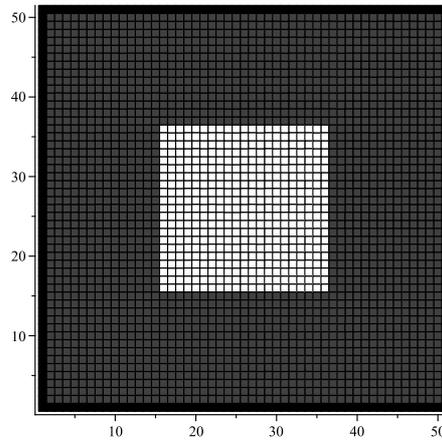


Figura 5.1: Dentro do habitat (o todo, 49×49), a área parcial 21×21 mais clara define aquela onde será adotada uma estratégia de controle.

Através de simulações numéricas, faremos o estudo das soluções do sistema ao diminuirmos os valores de C , na região R , e verificaremos se é possível controlarmos a doença, pelo menos em R .

Suponhamos uma situação inicial, caracterizada por:

- **no sítio** $i = j = 26$, condições iniciais: $A^0 = 100$, $M_1^0 = 200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 0$, $S^0 = 495$, $E^0 = 0$, $I^0 = 5$ e $R^0 = 0$, ou seja, a população de mosquitos é toda suscetível e somente neste sítio encontram-se humanos infecciosos (cinco entre um total de 500 humanos);
- **nos sítios restantes**, condições iniciais: $A^0 = 100$, $M_1^0 = 200$, $M_2^0 = 0$, $M_3^0 = 0$, $S^0 = 500$, $E^0 = 0$, $I^0 = 0$ e $R^0 = 0$;

e os seguintes valores de parâmetros: $k = 0,8$; $f = 0,8$; $\phi = 0,9$; $\pi_q = 0,5$; $\mu_q = 0,3$; $\beta_m = 0,4$; $\mu_f = 0,4$; $\gamma = 0,3$; $\mu = 0,4$; $\beta_h = 0,6$; $\alpha = 0,6$; $\eta = 0,5$.

No capítulo anterior, havíamos considerado $C = 500$ em todos os sítios do reticulado 51×51 e os equilíbrios apresentados eram sempre espacialmente homogêneos (ver Figura 4.6 para os mosquitos e Figura 4.7 para os humanos); estes equilíbrios já eram atingidos a partir de $t = 50$. Neste capítulo, consideraremos sempre $C = 500$ em todos os sítios fora da região R descrita acima e, dentro desta região, variaremos C . Em outras palavras, comparar com a situação do capítulo anterior significa analisar o efeito, no equilíbrio que eventualmente venha a ser atingido, da heterogeneidade espacial colocada no habitat, ao admitirmos valores distintos de C , dependendo do sítio.

Nas Figuras 5.2, 5.3 e 5.4, que interpretaremos em cada um dos itens abaixo, apresentamos os gráficos das soluções da população de mosquitos suscetíveis (M_1), mosquitos infecciosos (M_3), humanos suscetíveis (S) e humanos infecciosos (I), na geração $t = 1000$, para os seguintes valores de C na região R : $C = 20$, $C = 10$ e $C = 0,0001$, respectivamente, sendo que este último representa a situação onde praticamente não há mais acumuladores de ovos (nosso modelo não permite substituir C por zero, visto que C aparece em um denominador). Os gráficos das figuras foram traçados em escalas diferentes, sendo que, como ponto máximo do intervalo mostrado no eixo vertical para cada compartimento, colocamos o maior valor dentre todos os dos sítios considerados.

1. Na Figura 5.2, temos as soluções, na geração $t = 1000$, das populações dos compartimentos M_1 , M_3 , S e I , nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, supondo $C = 20$ dentro da região R .

Observamos que, ao comparar com as Figuras 4.6 e 4.7, apesar das populações de mosquitos (tanto os suscetíveis M_1 quanto os infecciosos M_3) terem diminuído consideravelmente dentro desta região, o mesmo não aconteceu com a população de humanos suscetíveis e de infecciosos; o número de humanos infecciosos ainda é muito grande. Podemos dizer

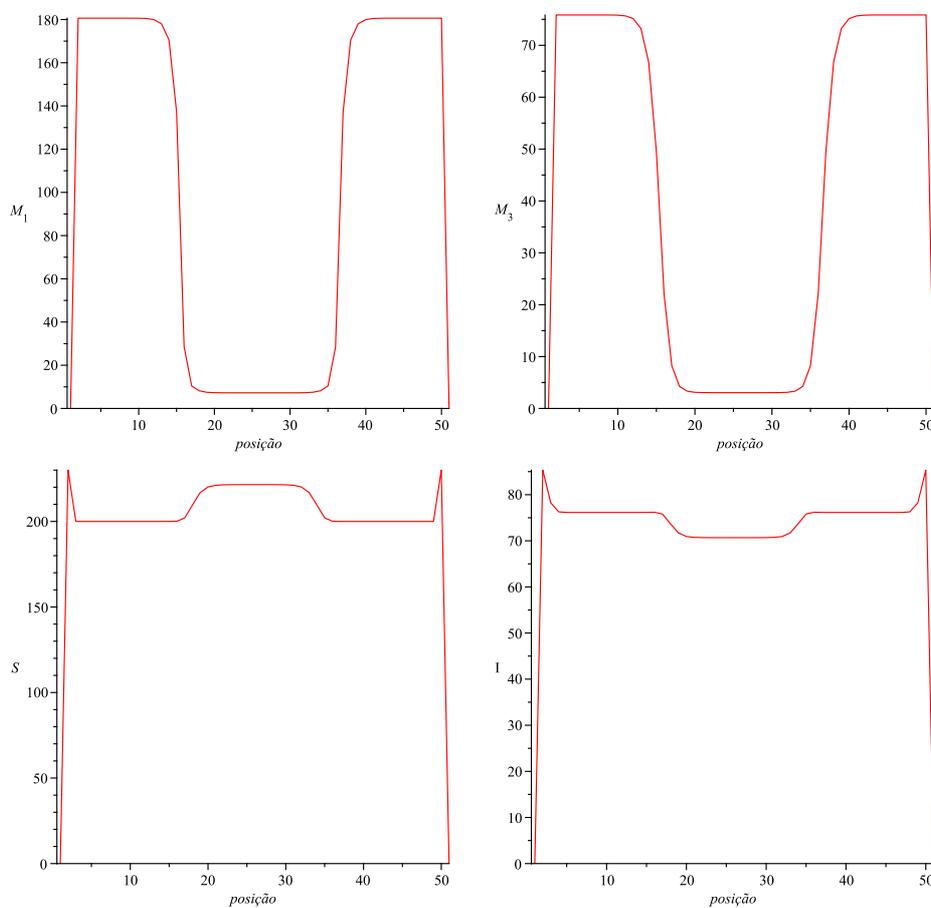


Figura 5.2: Gráficos das populações de M_1 , M_3 , S e I , na geração $t = 1000$ nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, sendo $C = 20$ na região R e $C = 500$ fora de R .

que este equilíbrio é ainda endêmico, porém com heterogeneidade espacial. Fora da região R , podemos observar que os valores de equilíbrio ($M_1 \simeq 180$, $M_3 \simeq 75$, $S \simeq 200$ e $I \simeq 75$) dos sítios são os mesmos que os de equilíbrio do sistema do capítulo 4, onde tínhamos $C = 500$ em todos os sítios do habitat (ver Figuras 4.6 e 4.7).

Portanto, apesar do valor de C em R ser bem menor do que fora de R , não foi o suficiente para encontrarmos alguma região livre da doença.

2. Na Figura 5.3, temos as soluções, na geração $t = 1000$, das populações dos compartimentos M_1 , M_3 , S e I , nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, supondo $C = 10$ dentro da região R .

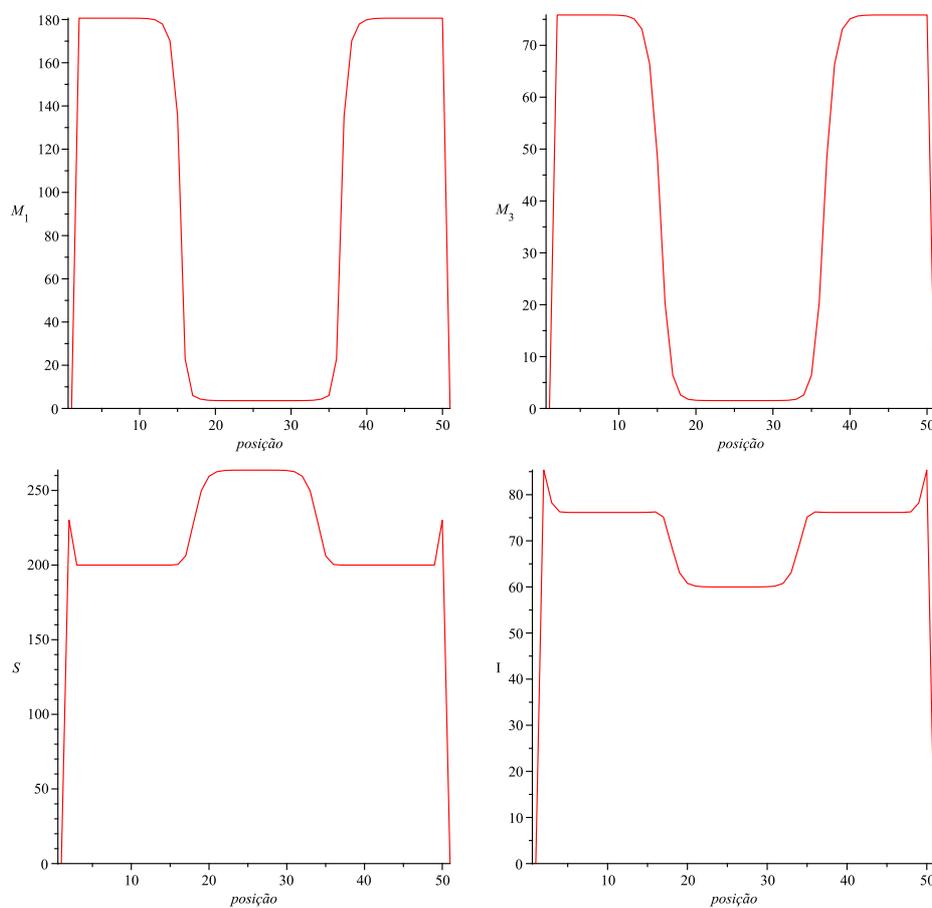


Figura 5.3: Gráficos das populações de M_1 , M_3 , S e I , na geração $t = 1000$ nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, sendo $C = 10$ na região R e $C = 500$ fora de R .

Comparando com a situação anterior (Figura 5.2), que corresponde a $C = 20$ na região R , observamos que, com a diminuição da capacidade dos criadouros para $C = 10$ na região R , ficaram ainda mais reduzidas as populações de mosquitos suscetíveis (M_1) e de mosquitos infecciosos (M_3) nesta região. Porém, fora dela, elas tenderam ao mesmo valor constante não nulo do equilíbrio endêmico, apresentado na Figura 4.6 do capítulo 4. Já a população de humanos suscetíveis (S) aumentou em R , pois o número de mosquitos infecciosos diminuiu. Como consequência, a população de humanos infecciosos (I) também diminuiu.

3. Na Figura 5.4, temos as soluções, na geração $t = 1000$, das populações dos compartimentos M_1 , M_3 , S e I , nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, supondo $C = 0.0001$ dentro da região R .

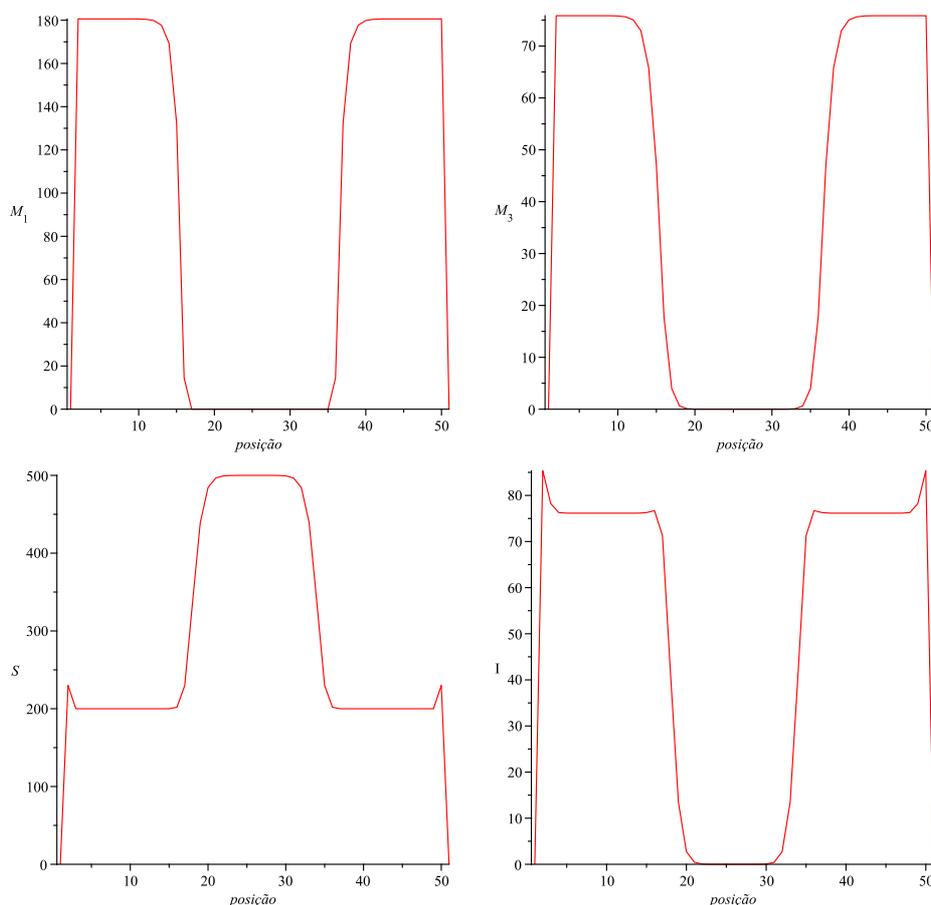


Figura 5.4: Gráficos das populações de M_1 , M_3 , S e I , na geração $t = 1000$ nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, sendo $C = 0,0001$ na região R e $C = 500$ fora de R .

Neste caso, tomamos C muito próximo de zero, para verificarmos o comportamento das soluções quando praticamente não temos acumuladores de ovos dos mosquitos.

Com a diminuição quase que total da capacidade dos criadouros na região R , as populações de mosquitos suscetíveis (M_1), de mosquitos infecciosos (M_3) e de humanos infecciosos (I) desapareceram em quase toda a área da região R , sendo que fora desta, tendem ainda ao mesmo

valor de equilíbrio endêmico do capítulo 4. Com relação à população de humanos suscetíveis (S), esta atingiu o valor do equilíbrio livre da doença (ver Figura 4.5) dentro da região R , sendo que fora, o valor da população nos sítios, é o mesmo que do equilíbrio endêmico.

Através das situações acima, concluimos que a diminuição no número de acumuladores de mosquitos (ou então, na capacidade dos criadouros) pode nos levar ao desaparecimento da doença no meio, sendo que esta desaparece da região específica na qual a capacidade dos criadouros é muito pequena. Por outro lado, nos sítios fora de R , as populações são mantidas no valor de equilíbrio endêmico do capítulo 4 (como se não existisse tal região R , onde C foi reduzido).

5.2 Variando a Área de Ação

Considerando novamente um habitat constituído por um reticulado 51×51 , estamos agora interessados em investigar se existe uma área de ação mínima, tal que o efeito de controle da doença, através da redução de C dentro desta área, seja observado (em todo o habitat e não apenas dentro da região R específica).

Para isso, variaremos a região central R interior ao reticulado 51×51 (ver Figura 5.1) e verificaremos o que acontece com a doença no ambiente à medida que aumentamos essa região. A região R tem a mesma forma anteriormente especificada (quadrado concêntrico). As possíveis dimensões para a região R são as seguintes: $(2n + 1) \times (2n + 1)$, com $n = 0, 1, \dots, 24$. No que segue, apresentaremos os resultados obtidos para cinco entre estas configurações, a saber: 1×1 , 11×11 , 19×19 , 33×33 e 35×35 . A situação com R de tamanho 21×21 foi apresentada na seção anterior (Figura 5.4).

Na prática, reduzir C em alguma região R significa que, nesta região R , são promovidas campanhas para a eliminação do mosquito transmissor do vírus da dengue; suponha que a campanha deu certo nesta região e que praticamente todos

os acumuladores de ovos foram retirados. A questão é: qual é a menor área na qual se deve fazer a campanha - relação custo benefício - (supondo que ela tenha um ótimo resultado), para que a doença seja erradicada em todo o ambiente (inclusive fora de R)?

Nos casos abaixo, vamos considerar diversos tamanhos para a região R , na qual $C = 0.0001$, e analisar, através dos gráficos da solução de S e de I , em $t = 1000$, o que acontece com o sistema quando ele está em equilíbrio. Também serão considerados os gráficos das densidades populacionais de S e de I em todo o habitat, onde a cor mais escura equivale a menor número de indivíduos; cortes em $i = 26$ nestes gráficos correspondem aos gráficos de S e de I nas posições $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, apresentados. Os gráficos das figuras foram traçados em escalas diferentes, sendo que, como ponto máximo do intervalo mostrado no eixo vertical para cada compartimento, colocamos o maior valor dentre todos os dos sítios considerados.

1º) Consideremos inicialmente uma região R de tamanho 1×1 , ou seja, a região em que acontecerá a campanha é constituída apenas pelo sítio central, onde se situa inicialmente a população de humanos infecciosos.

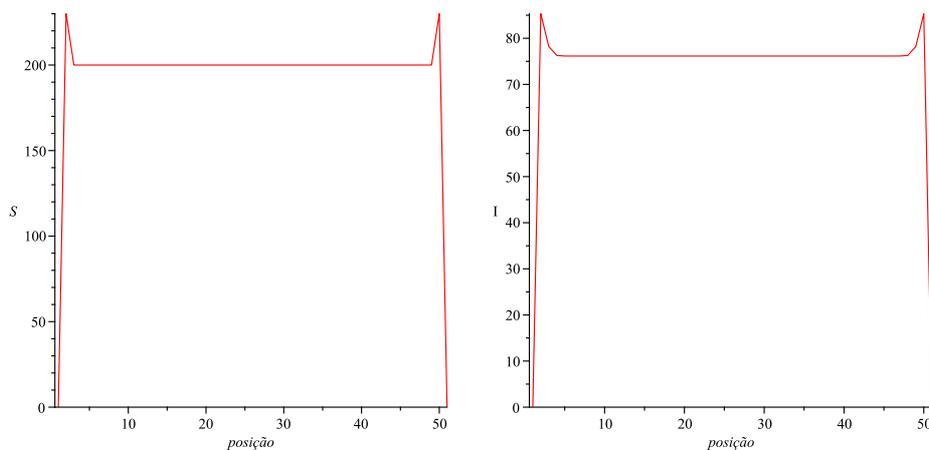


Figura 5.5: Gráficos dos compartimentos dos humanos suscetíveis e infecciosos na geração $t = 1000$, nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, sendo $C=0,0001$ na região R de tamanho 1×1 .

Na Figura 5.5 temos os gráficos da distribuição das populações de humanos suscetíveis (S) e de humanos infecciosos (I), nos sítios $(26, j)$ com $j = 1, 2, \dots, 51$, na geração $t = 1000$. As densidades populacionais de humanos suscetíveis e humanos infecciosos, respectivamente, na geração $t = 1000$, em todo o ambiente, são apresentados na Figura 5.6.

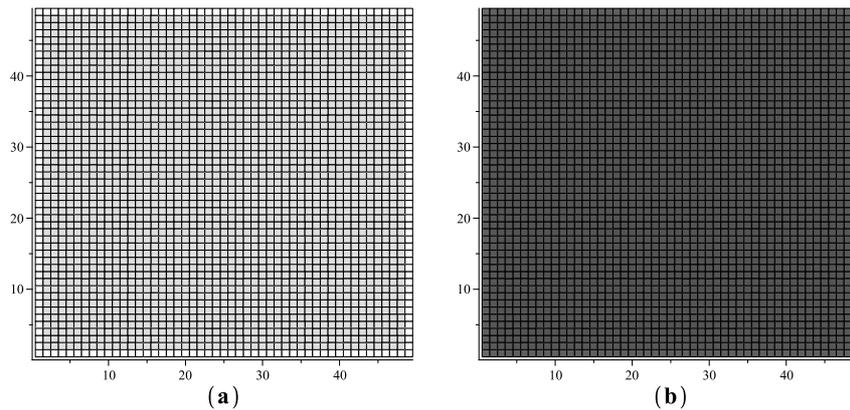


Figura 5.6: Distribuição espacial das densidades populacionais na geração $t = 1000$, para $C=0,0001$ na região R de tamanho 1×1 : (a) humanos suscetíveis e (b) humanos infecciosos.

Considerando uma região R constituída por apenas um sítio, observamos na Figura 5.5, que as populações tanto de humanos suscetíveis quanto de humanos infecciosos tendem ao mesmo nível de equilíbrio endêmico do capítulo 4 (ver Figura 4.7), sem esta região R .

Na Figura 5.6, através dos gráficos das densidades populacionais, confirmamos que, em todo o domínio, a população tanto de humanos suscetíveis quanto de humanos infecciosos vão para o equilíbrio endêmico.

Sendo assim, concluímos que é necessário ampliar a região da campanha, se quisermos erradicar a doença.

2º) Consideremos agora uma região R de tamanho 11×11 , centralizada no habitat, constituída por 121 sítios, nos quais acontecerá a campanha.

Na Figura 5.7 temos os gráficos da distribuição das populações de humanos suscetíveis (S) e de humanos infecciosos (I), nos sítios $(26, j)$

com $j = 1, 2, \dots, 51$, na geração $t = 1000$. As densidades populacionais de humanos suscetíveis e infecciosos, respectivamente, na geração $t = 1000$, em todo o ambiente, são apresentados na Figura 5.8.

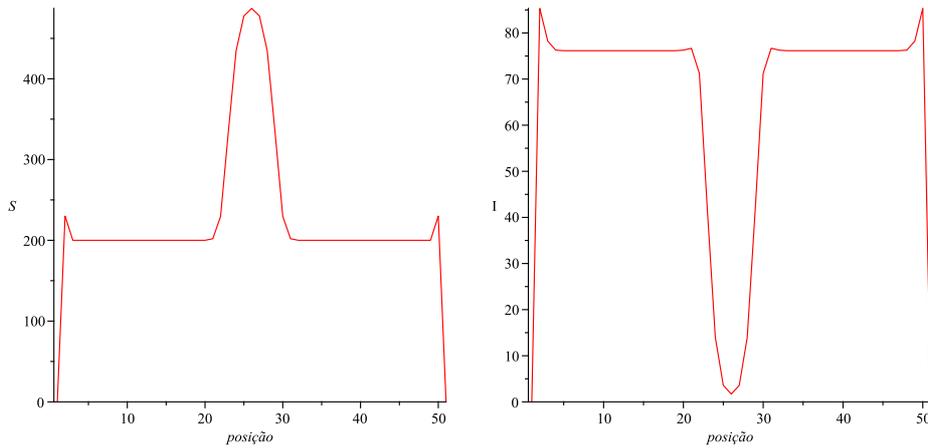


Figura 5.7: Gráficos dos compartimentos dos humanos suscetíveis e infecciosos na geração $t = 1000$, nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, sendo $C=0,0001$ na região R de tamanho 11×11 .

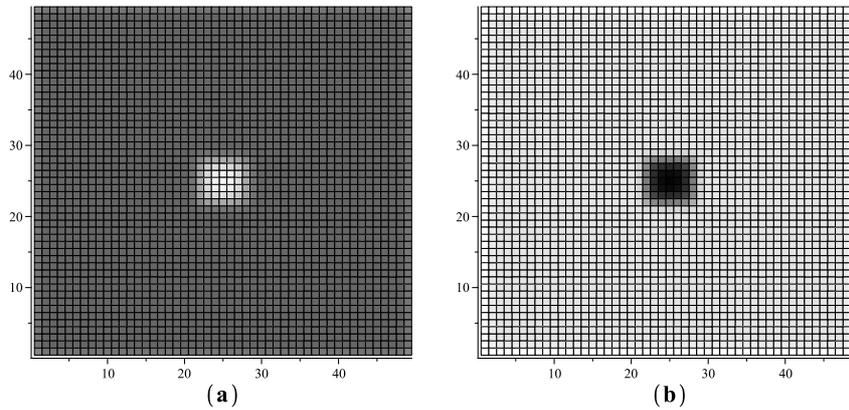


Figura 5.8: Distribuição espacial das densidades populacionais na geração $t = 1000$, para $C=0,0001$ na região R de tamanho 11×11 : (a) humanos suscetíveis e (b) humanos infecciosos.

Comparando com a Figura 5.5, observamos mudanças no estado de equilíbrio endêmico tanto na população de humanos suscetíveis quanto na de humanos infecciosos, porém a doença ainda encontra-se em todo

ambiente, sendo que em nível bem menor dentro da região R , do que fora dele. Os sítios fora de R , para ambos os compartimentos, tendem ao mesmo nível de equilíbrio endêmico do capítulo 4.

As observações acima são confirmadas através dos gráficos das densidades populacionais apresentados na Figura 5.8.

Portanto, necessita-se ampliar ainda mais a região da campanha, se quisermos erradicar a doença.

3º) Consideremos a região R de tamanho 19×19 , centralizada no habitat, constituída por 361 sítios, onde acontecerá a campanha.

Na Figura 5.9 temos os gráficos da distribuição das populações de humanos suscetíveis (S) e de humanos infecciosos (I), nos sítios $(26, j)$ com $j = 1, 2, \dots, 51$, na geração $t = 1000$. As densidades populacionais de humanos suscetíveis e infecciosos, respectivamente, na geração $t = 1000$, em todo o ambiente, são apresentados na Figura 5.10.

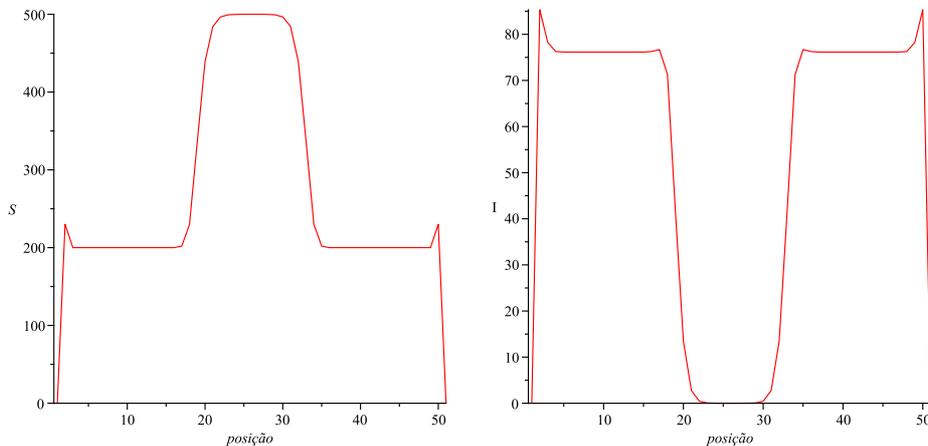


Figura 5.9: Gráficos dos compartimentos dos humanos suscetíveis e infecciosos, na geração $t = 1000$, nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, sendo $C=0,0001$ na região R de tamanho 19×19 .

Ao considerarmos esta região R , também ocorrem mudanças no estado de equilíbrio endêmico, tanto na população de humanos suscetíveis quanto na de humanos infecciosos, porém, diferente do que acontece no

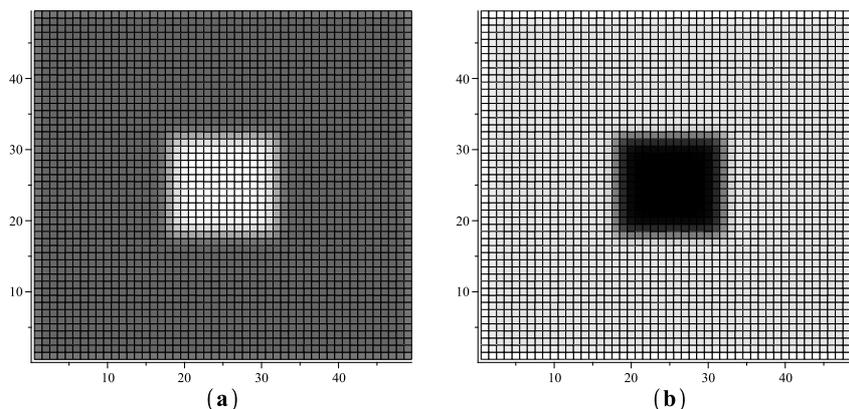


Figura 5.10: Distribuição espacial das densidades populacionais na geração $t = 1000$, para $C=0,0001$ na região R de tamanho 19×19 : (a) humanos suscetíveis e (b) humanos infecciosos.

caso anterior, não há casos da doença dentro de R . Os sítios fora de R , para ambos os compartimentos, também tendem aos mesmos valores do equilíbrio endêmico do capítulo 4.

Para este caso, obtivemos resultados mais satisfatórios, já que conseguimos eliminar a doença em uma parte do ambiente considerado.

Isto pode ser confirmado através da Figura 5.10, cujos gráficos das densidades populacionais mostram que, em uma grande parte do habitat, a população tanto de humanos suscetíveis quanto de humanos infecciosos vão para o equilíbrio endêmico e, na região R , a população de humanos suscetíveis aumenta atingindo o valor do equilíbrio livre da doença e a população de humanos infecciosos vai a zero. Ou seja, o equilíbrio endêmico dá lugar ao equilíbrio livre da doença ($S^* = 500$, $I^* = 0$).

Para conseguirmos um resultado melhor, é importante continuarmos aumentando a região da campanha para tentar eliminar o mosquito, se quisermos erradicar a doença em todo o habitat.

Visto que, para a região $l \times l = 11 \times 11$, ainda não tínhamos a doença erradicada e para a região $l \times l = 19 \times 19$ a doença fora erradicada, podemos neste momento afirmar que existe um valor "crítico", l_c , onde

$13 \leq l_c \leq 19$, tal que a doença é erradicada dentro da região $l \times l$ centralizada no habitat, sempre que $l \geq l_c$; no entanto, fora de R , as populações se mantêm nos valores do equilíbrio endêmico.

4º) Consideremos a região R de tamanho 33×33 , centralizada no habitat, constituída por 1089 sítios, onde acontecerá a campanha.

A região 21×21 , com este mesmo valor de C , já foi examinada na seção anterior.

Na Figura 5.11 temos os gráficos da distribuição das populações de humanos suscetíveis (S) e de humanos infecciosos (I), nos sítios $(26, j)$ com $j = 1, 2, \dots, 51$, na geração $t = 1000$. As densidades populacionais de humanos suscetíveis e infecciosos, respectivamente, na geração $t = 1000$, em todo o ambiente, são apresentados na Figura 5.12.

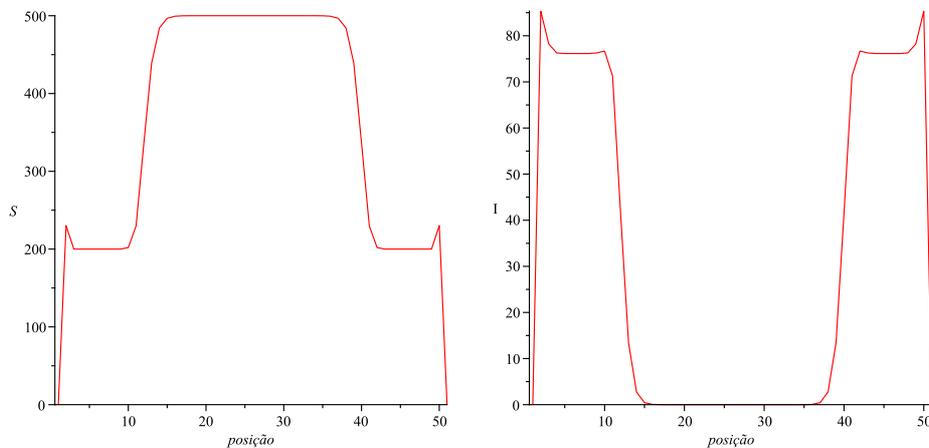


Figura 5.11: Gráficos dos compartimentos dos humanos suscetíveis e infecciosos, na geração $t = 1000$, nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, sendo $C=0,0001$ na região R de tamanho 33×33 .

Para este caso, as mudanças ocorrem em uma região considerável do ambiente porque R é grande, sendo que, dentro da região R , o equilíbrio é aquele livre da doença; o mesmo que ocorre em R de tamanho 19×19 . Nos sítios fora de R , os valores de equilíbrio, para ambos os compartimentos, ainda são os do equilíbrio endêmico do capítulo 4.

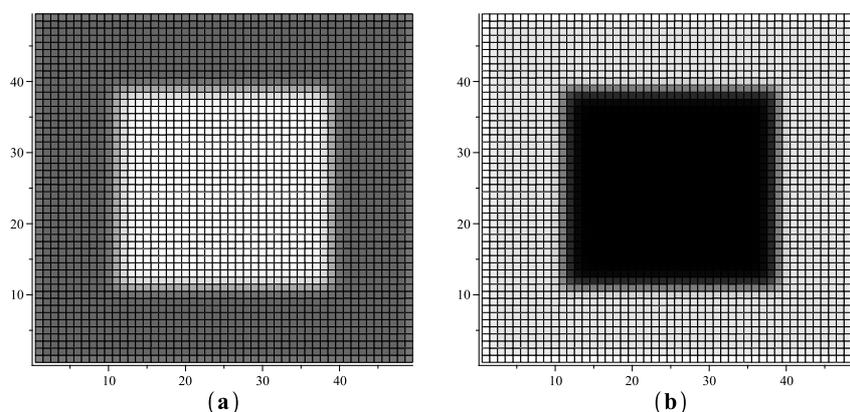


Figura 5.12: Distribuição espacial das densidades populacionais na geração $t = 1000$, para $C=0,0001$ na região R de tamanho 33×33 : (a) humanos suscetíveis e (b) humanos infecciosos.

Isto pode ser confirmado através da Figura 5.12, cujos gráficos das densidades populacionais confirmam que, em uma parte do domínio (menor que a dos casos anteriores), a população tanto de humanos suscetíveis quanto de humanos infecciosos vão para o equilíbrio endêmico e, na região R , a população de humanos suscetíveis aumenta chegando no valor do equilíbrio livre da doença e a de humanos infecciosos vai a zero.

Para este caso, obtivemos resultados ainda mais satisfatórios, já que conseguimos erradicar a doença em uma área maior, decorrente do aumento da área onde é implementada a campanha. Porém ainda não conseguimos eliminar a doença em todo o habitat.

5º) Consideremos agora uma região R de tamanho 35×35 , centralizada no habitat, constituída por 1225 sítios, onde acontecerá a campanha.

Na Figura 5.13 temos os gráficos da distribuição das populações de humanos suscetíveis (S) e de humanos infecciosos (I), nos sítios $(26, j)$ com $j = 1, 2, \dots, 51$, na geração $t = 1000$. As densidades populacionais de humanos suscetíveis e infecciosos, respectivamente, na geração $t = 1000$, em todo o ambiente, são apresentados na Figura 5.14.

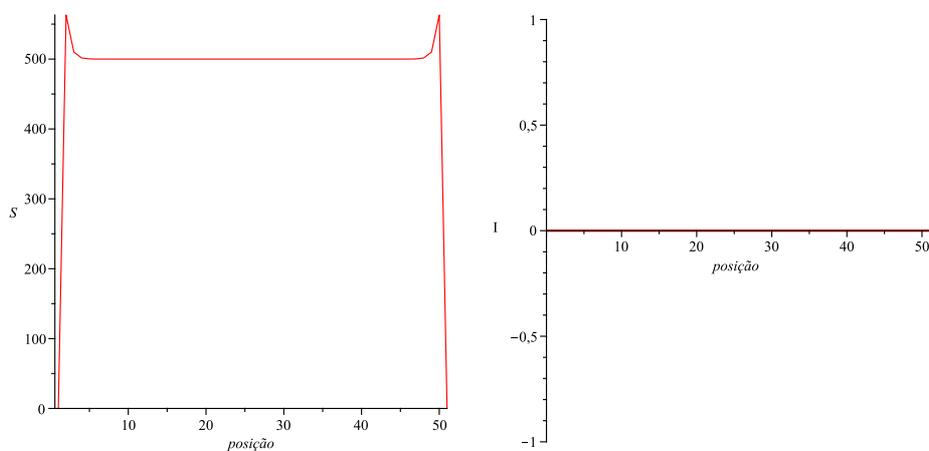


Figura 5.13: Gráficos dos compartimentos dos humanos suscetíveis e infecciosos, na geração $t = 1000$, nos sítios $(26, j)$, $j = 1, 2, \dots, 51$, sendo $C=0,0001$ na região R de tamanho 35×35 .

Desta vez, conseguimos o resultado tão esperado, o da erradicação da doença, **inclusive fora de R** , isto é, **em todo o habitat**. Na Figura 5.13, podemos observar que a população de humanos infecciosos é totalmente nula em todos os sítios e que a população de humanos suscetíveis é totalmente suscetível.

Através da Figura 5.14, os gráficos das densidades populacionais confirmam que em todo o habitat, a população tanto de humanos suscetíveis quanto de humanos infecciosos vão para o equilíbrio livre da doença, ou seja, a população de suscetíveis tende para total de $S = 500$ em cada sítio e a população de infecciosos é nula.

Portanto, não há a necessidade de aumentarmos mais a região de campanha para a erradicação da dengue em todo o ambiente, pois esta já está erradicada. Isto seria um custo desnecessário para a comunidade.

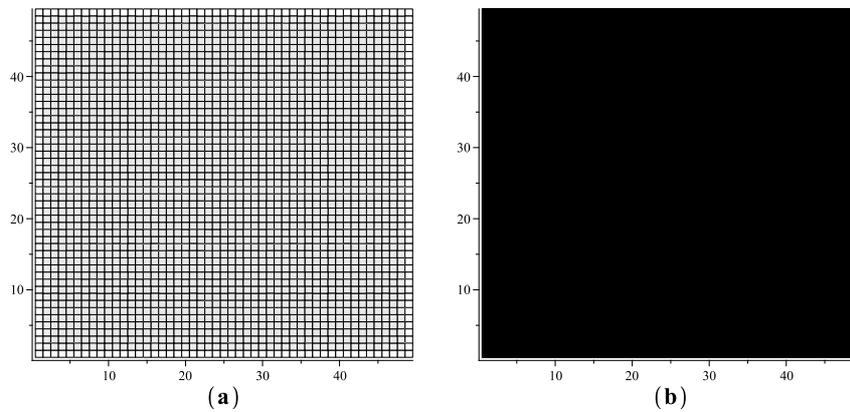


Figura 5.14: Distribuição espacial das densidades populacionais na geração $t = 1000$, para $C=0,0001$ na região R de tamanho 35×35 : (a) humanos suscetíveis e (b) humanos infecciosos.

Com relação ao espalhamento da dengue, diminuir a capacidade dos criadouros, através das retiradas de acumuladores de ovos dos mosquitos, mostrou-se uma boa alternativa, entre as estratégias de controle, tão importantes para a erradicação de doenças.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste trabalho, no capítulo 1, começamos com o estudo de um modelo de transmissão da dengue contínuo, proposto por Yang et al. (2009), constituído de oito equações diferenciais ordinárias, sendo que quatro delas representavam os compartimentos relacionados aos mosquitos (Fase Aquática, Mosquitos Suscetíveis, Mosquitos Expostos - ou Infectados - e Mosquitos Infecciosos) e, as outras quatro equações, representavam os compartimentos relacionados aos humanos (Humanos Suscetíveis, Humanos Expostos ou Infectados, Humanos Infecciosos e Humanos Recuperados).

Deste modelo contínuo, calculamos os equilíbrios os quais foram identificados como: livre da doença sem mosquitos, livre da doença com mosquitos e o endêmico. Apresentamos o estudo da estabilidade para cada um dos equilíbrios; gráficos mostrando o comportamento do sistema também foram acrescentados no decorrer do capítulo.

No capítulo 2, propusemos um modelo discreto de transmissão da dengue, constituído por oito equações a diferenças. Através de alguns testes, verificamos que o modelo estava de acordo com o esperado e, iterando o sistema, observamos o comportamento das soluções para cada compartimento do modelo, bem como verificamos para que tipo de equilíbrio o sistema se dirigia. Com este modelo discreto observamos os seguintes equilíbrios: o livre da doença e o endêmico.

O modelo discreto no tempo, cujos termos foram construídos a partir de equações contínuas semelhantes, possui comportamentos qualitativos análogos aos do modelo contínuo, correspondendo porém a valores de parâmetros distintos. Pelo fato dos parâmetros do modelo discreto não serem os mesmos que os do modelo contínuo, não fizemos comparações quantitativas entre esses dois modelos.

Um objetivo relevante deste trabalho, foi o de acrescentar uma estrutura espacial na dinâmica do sistema discreto e verificar o que acontecia com a solução

em função da posição e do tempo, isto é, em cada sítio com o passar das gerações. Para isso, utilizamos uma abordagem de **Redes de Mapas Acoplados** em um reticulado (rede, ou malha, retangular) de tamanho 49×49 .

Ao considerarmos modelo com equações diferenciais, sem levar em conta a localização da população no espaço, estamos supondo que o modelo descreve a dinâmica de um sistema cuja população esteja bem misturada. Ao considerarmos uma estrutura espacial, podemos explorar o comportamento do sistema em populações com densidades diferentes dependendo do local considerado, como por exemplo, os focos de doenças. O tempo pode ser medido através de gerações ou ser considerado contínuo.

Neste trabalho, fizemos um estudo do comportamento da solução utilizando rede de mapas acoplados para estruturarmos o espaço a partir de um modelo com tempo discreto; depois, fizemos uma comparação do modelo em tempo discreto sem espaço com aquele utilizando estrutura espacial. Outro enfoque seria considerar uma malha de coordenadas (i, j) mantendo o tempo contínuo (FUNK et al., 2005), e assim trabalhar com um modelo formado por equações diferenciais ordinárias (contínuo no tempo) porém com densidade populacional dependendo da posição no espaço discreto (sítio), comparando assim, o comportamento do sistema contínuo no tempo sem estrutura espacial com o contínuo no tempo com estrutura espacial.

A abordagem do sistema através das redes de mapas acoplados está desenvolvida no capítulo 3. Considerando a movimentação das populações de cada compartimento do sítio (i, j) apenas entre os quatro sítios vizinhos mais próximos e, considerando que as populações da fase aquática e a de humanos infecciosos não se movimentam, estudamos a evolução temporal das soluções do sistema nos diversos sítios do reticulado, e apresentamos os gráficos correspondentes às diversas situações exploradas. As condições de fronteira utilizadas foram do tipo reflexivas.

Comparamos os comportamentos obtidos a partir dos modelos sem e com estrutura espacial, quando ambos se dirigiam para o equilíbrio endêmico. Concluímos que a doença se espalha mais lentamente, quando estamos considerando uma estrutura espacial, e justificamos este fato por estarmos considerando contato apenas com os vizinhos mais próximos e não diretamente com toda a população.

Para finalizar este trabalho, nos preocupamos em investigar uma alternativa para a erradicação da doença, através da redução da capacidade dos criadouros (podemos interpretar isso como retiradas de acumuladores de ovos dos mosquitos); obtivemos sucesso na determinação de um tamanho mínimo de região, a saber, 35×35 , na qual a adoção desta técnica teria como efeito erradicar a doença não apenas nesta região específica, mas também em todo o habitat de tamanho 49×49 ; ou seja, conseguimos mudar o estado assintótico, de equilíbrio endêmico para equilíbrio livre da doença.

O ambiente considerado para este trabalho é um ambiente planejado com simetrias e homogeneidades, dificilmente encontrados na natureza; portanto, não é o de uma situação real. Estudos podem ser feitos, considerando um ambiente real, onde a distribuição espacial é heterogênea, ou seja, em cada sítio tem-se números diferentes de indivíduos para cada compartimento e, com isso, buscar equilíbrios também heterogêneos (padrões).

Outras extensões deste trabalho poderiam ser:

- utilizar parâmetros mais realísticos para o sistema. Yang e Ferreira (2008) fazem um estudo sobre a dengue considerando um modelo formado por 10 compartimentos, sendo que três deles são os compartimentos da Fase Ovo, da Fase Larva e da Fase Pupa, respectivamente. O modelo inclui efeitos de sazonalidade através de seus parâmetros, justificado pelo fato de o crescimento da população de mosquito depender da época do ano. O autor divide o ano em dois períodos, sendo um deles denominado favorável (temperatura e umidade elevadas) e o outro, de maior du-

ração, desfavorável. As taxas que diferem nesses períodos são as da fase aquática (ovo, larva e pupa) e a de mortalidade do mosquito adulto. Neste trabalho é investigada a redução na população de mosquitos e no número de indivíduos infecciosos, quando um único mecanismo de controle é introduzido na região (larvicida, inseticida ou remoção de recipientes). No nosso trabalho, não foi possível utilizar os parâmetros deste artigo, visto que os mesmos não se adaptam ao nosso modelo.

- trabalhar com uma estrutura espacial mais realística, construída a partir de algum banco de dados disponível;
- explorar o efeito da fragmentação da área de controle, considerando criadouros grandes e pequenos em uma região heterogênea;
- diversificar tipos de movimentos no habitat: em vez de difusão simples, podemos supor movimentos de taxia com relação a alguma substância química (inseticida), por exemplo;
- verificar o efeito causado no comportamento do sistema ao considerarmos a movimentação dos humanos infecciosos não nula ($\mu_I \neq 0$);
- com dados reais, comparar as velocidades de invasão para os dois casos: com população inicial de humanos infecciosos e com população inicial de mosquitos infecciosos;
- explorar estratégias de controle que alterariam outros parâmetros do modelo;
- modelar a vacinação contra os distintos sorotipos da dengue.

Apêndice A LINEARIZAÇÃO DE SISTEMAS CONTÍNUOS AUTÔNOMOS

Considere o Sistema de Equações Diferenciais de Primeira Ordem Não-linear e Autônomo de **ordem** n , cuja variável independente é o tempo e as variáveis dependentes são $x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t)$

$$\begin{aligned} \frac{dx_1}{dt} &= P_1(x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t)), \\ \frac{dx_2}{dt} &= P_2(x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t)), \\ &\vdots \\ \frac{dx_n}{dt} &= P_n(x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t)). \end{aligned} \tag{A.1}$$

É praticamente impossível encontrarmos a solução analítica do sistema acima por causa da existência dos termos não-lineares. Neste caso, somente soluções numéricas são possíveis de serem encontradas utilizando algum método numérico adequado.

Um **Ponto de Equilíbrio** ou **Estado Estacionário** é um ponto $(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$ no espaço das variáveis dependentes tal que, se o estado do sistema for exatamente este ponto, o sistema não variará, ou seja, permanecerá neste ponto, isto é: $P_i(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*) = 0$ para todo $i = 1, 2, \dots, n$.

Um ponto de equilíbrio pode ser **estável** ou **instável**. Um ponto de equilíbrio é dito estável se depois de um certo tempo as trajetórias do sistema se aproximarem dele, caso contrário, ele é dito instável.

A **Linearização do Sistema** é um procedimento adotado para conhecermos o comportamento qualitativo das soluções, estando estas próximas de um determinado Ponto de Equilíbrio:

$$\vec{X}^* = (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*), \tag{A.2}$$

ou seja, quando:

$$x_1(t) = x_1^* + \xi_1(t), \quad x_2(t) = x_2^* + \xi_2(t), \dots, \quad x_n(t) = x_n^* + \xi_n(t), \quad (\text{A.3})$$

com $\xi_1, \xi_2, \dots, \xi_n$ valores muito pequenos.

Substituindo (A.3) no sistema (A.1), obtemos

$$\begin{aligned} \frac{d\xi_1}{dt} &= P_1(x_1^* + \xi_1(t), x_2^* + \xi_2(t), \dots, x_n^* + \xi_n(t)), \\ \frac{d\xi_2}{dt} &= P_2(x_1^* + \xi_1(t), x_2^* + \xi_2(t), \dots, x_n^* + \xi_n(t)), \\ &\vdots \\ \frac{d\xi_n}{dt} &= P_n(x_1^* + \xi_1(t), x_2^* + \xi_2(t), \dots, x_n^* + \xi_n(t)). \end{aligned} \quad (\text{A.4})$$

Para as funções do lado direito de (A.4), podemos escrever suas expressões em Série de Taylor, como segue:

$$\begin{aligned} P_1(x_1^* + \xi_1(t), \dots, x_n^* + \xi_n(t)) &= \left[\frac{\partial P_1}{\partial x_1} \right]_{\vec{X}^*} (\xi_1) + \dots + \left[\frac{\partial P_1}{\partial x_n} \right]_{\vec{X}^*} (\xi_n) + \\ &+ \left[\frac{\partial^2 P_1}{\partial x_1^2} \right]_{\vec{X}^*} \frac{(\xi_1)^2}{2} + \dots + \left[\frac{\partial^2 P_1}{\partial x_n^2} \right]_{\vec{X}^*} \frac{(\xi_n)^2}{2} + \dots, \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} P_2(x_1^* + \xi_1(t), \dots, x_n^* + \xi_n(t)) &= \left[\frac{\partial P_2}{\partial x_1} \right]_{\vec{X}^*} (\xi_1) + \dots + \left[\frac{\partial P_2}{\partial x_n} \right]_{\vec{X}^*} (\xi_n) + \\ &+ \left[\frac{\partial^2 P_2}{\partial x_1^2} \right]_{\vec{X}^*} \frac{(\xi_1)^2}{2} + \dots + \left[\frac{\partial^2 P_2}{\partial x_n^2} \right]_{\vec{X}^*} \frac{(\xi_n)^2}{2} + \dots, \end{aligned}$$

\vdots

$$\begin{aligned} P_n(x_1^* + \xi_1(t), \dots, x_n^* + \xi_n(t)) &= \left[\frac{\partial P_n}{\partial x_1} \right]_{\vec{X}^*} (\xi_1) + \dots + \left[\frac{\partial P_n}{\partial x_n} \right]_{\vec{X}^*} (\xi_n) + \\ &+ \left[\frac{\partial^2 P_n}{\partial x_1^2} \right]_{\vec{X}^*} \frac{(\xi_1)^2}{2} + \dots + \left[\frac{\partial^2 P_n}{\partial x_n^2} \right]_{\vec{X}^*} \frac{(\xi_n)^2}{2} + \dots, \end{aligned}$$

onde usamos o fato de que $P_i(\vec{X}^*) = 0$, para todo $i = 1, 2, \dots, n$.

Como $\xi_1, \xi_2, \dots, \xi_n$ são valores muito pequenos, temos que os termos quadráticos, bilineares e os de ordem maior que 2, nas expansões acima, são menores ainda. Desprezando esses termos e considerando apenas os *termos lineares* podemos escrever uma aproximação linear para o sistema (A.4), como segue:

$$\begin{aligned} \frac{d\xi_1}{dt} &\approx \left[\frac{\partial P_1}{\partial x_1} \right]_{\vec{X}^*} \xi_1 + \dots + \left[\frac{\partial P_1}{\partial x_n} \right]_{\vec{X}^*} \xi_n, \\ \frac{d\xi_2}{dt} &\approx \left[\frac{\partial P_2}{\partial x_1} \right]_{\vec{X}^*} \xi_1 + \dots + \left[\frac{\partial P_2}{\partial x_n} \right]_{\vec{X}^*} \xi_n, \\ &\vdots \\ \frac{d\xi_n}{dt} &\approx \left[\frac{\partial P_n}{\partial x_1} \right]_{\vec{X}^*} \xi_1 + \dots + \left[\frac{\partial P_n}{\partial x_n} \right]_{\vec{X}^*} \xi_n, \end{aligned} \quad (\text{A.5})$$

que pode ser escrito matricialmente da seguinte forma:

$$\begin{pmatrix} \frac{d\xi_1}{dt} \\ \frac{d\xi_2}{dt} \\ \vdots \\ \frac{d\xi_n}{dt} \end{pmatrix} \approx \begin{pmatrix} \frac{\partial P_1}{\partial x_1} & \frac{\partial P_1}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial P_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial P_2}{\partial x_1} & \frac{\partial P_2}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial P_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial P_n}{\partial x_1} & \frac{\partial P_n}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial P_n}{\partial x_n} \end{pmatrix}_{\vec{X}^*=(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)} \begin{pmatrix} \xi_1 \\ \xi_2 \\ \vdots \\ \xi_n \end{pmatrix}, \quad (\text{A.6})$$

ou seja:

$$\vec{\xi} = \mathbf{J}(\vec{X}^*)\vec{\xi},$$

onde $\mathbf{J}(\vec{X}^*) = \mathbf{J}(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$ é a matriz do sistema linearizado, também denominada matriz Jacobiana do sistema (A.1), definida por

$$\mathbf{J}(\vec{X}^*) = \begin{pmatrix} \frac{\partial P_1}{\partial x_1} & \frac{\partial P_1}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial P_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial P_2}{\partial x_1} & \frac{\partial P_2}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial P_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial P_n}{\partial x_1} & \frac{\partial P_n}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial P_n}{\partial x_n} \end{pmatrix}_{\vec{X}^*=(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)}, \quad (\text{A.7})$$

e $\vec{\xi}(t)$ é o vetor coluna $(\xi_1(t), \xi_2(t), \dots, \xi_n(t))^T$.

A solução do sistema (A.6) é dada pela combinação linear:

$$\vec{\xi}(t) = c_1 \vec{v}_1 e^{\lambda_1 t} + c_2 \vec{v}_2 e^{\lambda_2 t} + \dots + c_n \vec{v}_n e^{\lambda_n t}, \quad (\text{A.8})$$

onde λ_i com $i = 1, \dots, n$ são os autovalores da matriz Jacobiana do sistema e \vec{v}_i com $i = 1, \dots, n$ são os autovetores correspondentes a estes autovalores.

Os autovalores $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ da matriz Jacobiana são as **raízes** do **Polinômio Característico** dado por

$$P(\lambda) = \det(\mathbf{J}(\vec{X}^*) - \lambda \mathbf{I}), \quad (\text{A.9})$$

onde \mathbf{I} é a matriz identidade de ordem n e o autovetor \vec{v}_i relacionado ao autovalor λ_i , com $i = 1, \dots, n$ satisfaz a equação:

$$\mathbf{J}(\vec{X}^*) \vec{v}_i = \lambda_i \vec{v}_i.$$

De (A.3) vemos que, para que a solução $\vec{X}(t) = (x_1(t), x_2(t), \dots, x_n(t))$ do sistema (A.1) tenda ao ponto de equilíbrio, quando $\vec{X}(t)$ estiver próximo do equilíbrio, é necessário que $\vec{\xi}(t) \rightarrow \vec{0}$ quando $t \rightarrow \infty$. Para tanto, é necessário que a **parte real** de todos os autovalores da matriz Jacobiana (A.7) **seja negativa**. Neste caso, o equilíbrio é dito **linearmente estável**.

Para verificarmos os sinais da parte real dos autovalores, sem precisar calcular estes autovalores, podem ser usadas as condições de **Routh-Hurwitz**, que apresentaremos no Apêndice B.

Apêndice B SOBRE AS RAÍZES DE UM POLINÔMIO

B.1 As Condições de Routh-Hurwitz

As condições necessárias e suficientes para que as raízes de um polinômio de grau n :

$$P(\lambda) = \lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + a_2\lambda^{n-2} + \dots + a_{n-1}\lambda + a_n, \quad (\text{B.1})$$

onde a_i , $i = 1, \dots, n$, são todos coeficientes reais e $a_n \neq 0$, tenham **parte real negativa** são as **Condições de Routh-Hurwitz**. Existem várias formas equivalentes para estas condições, uma das quais é constituída por:

$$a_n > 0, \quad (\text{B.2})$$

juntamente com,

$$D_1 = a_1 > 0, \quad (\text{B.3})$$

$$D_2 = \det \begin{bmatrix} a_1 & a_3 \\ 1 & a_2 \end{bmatrix} > 0, \quad (\text{B.4})$$

$$D_3 = \det \begin{bmatrix} a_1 & a_3 & a_5 \\ 1 & a_2 & a_4 \\ 0 & a_1 & a_3 \end{bmatrix} > 0, \quad (\text{B.5})$$

$$\vdots$$

$$D_k = \det \begin{bmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & \cdot & \cdot & \cdot \\ 1 & a_2 & a_4 & \cdot & \cdot & \cdot \\ 0 & a_1 & a_3 & \cdot & \cdot & \cdot \\ 0 & 1 & a_2 & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ 0 & 0 & \cdot & \cdot & \cdot & a_k \end{bmatrix} > 0, \quad (\text{B.6})$$

para $k = 1, \dots, n - 1$.

B.2 Uma outra forma de analisar raízes de um polinômio

Nesta seção, adotaremos a abordagem de Leite, Bassanezi e Yang (2000) para mostrar que o polinômio $H_2(\lambda)$, obtido ao analisar a estabilidade de um dos equilíbrios livres da doença no modelo SEIR contínuo, dado em (2.35), admite raízes reais e negativas.

1ª Parte: Os autovalores (as raízes) de $H_2(\lambda)$ são reais.

Para mostrarmos este fato, temos:

$$H_2(\lambda) = (\alpha + \mu + \lambda)(\gamma + \mu_f + \lambda)(\eta + \mu + \lambda)(\mu_f + \lambda) - \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) \quad (\text{B.7})$$

que não admite raiz complexa com parte imaginária não nula, isto é, do tipo $c + di$, com $d \neq 0$, pois substituindo em

$$H_2(\lambda) = 0, \quad (\text{B.8})$$

isto é, em

$$(\alpha + \mu + \lambda)(\gamma + \mu_f + \lambda)(\eta + \mu + \lambda)(\mu_f + \lambda) = \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right), \quad (\text{B.9})$$

λ por $c + di$, o lado esquerdo será uma expressão do tipo $A + Bdi$, onde A e B são reais não nulos, enquanto que o lado direito é sempre real; portanto, conclui-se que $d = 0$.

2ª Parte: Dado que as raízes de $H_2(\lambda)$ são reais, se o seu termo independente for positivo, então as suas raízes são negativas.

Para mostrarmos este fato, temos que, sendo λ uma raiz de $H_2(\lambda)$ dado em (B.7), podemos escrever:

$$(\alpha + \mu + \lambda)(\gamma + \mu_f + \lambda)(\eta + \mu + \lambda)(\mu_f + \lambda) = \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right), \quad (\text{B.10})$$

e queremos mostrar que, se o termo independente

$$a_4 = (\alpha + \mu)(\gamma + \mu_f)(\eta + \mu)(\mu_f) - \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) \quad (\text{B.11})$$

for positivo, então todas as raízes λ_i ($i = 1, 2, 3, 4$) são negativas.

Isto se prova por contradição, supondo que exista algum $\lambda_i > 0$ e mostrando que esta hipótese implica em $a_4 < 0$.

Suponhamos que exista um autovalor $\lambda_i > 0$, para algum i . Então

$$(\alpha + \mu)(\gamma + \mu_f)(\eta + \mu)(\mu_f) < (\alpha + \mu + \lambda)(\gamma + \mu_f + \lambda)(\eta + \mu + \lambda)(\mu_f + \lambda).$$

Por outro lado, usando (B.10), concluímos que:

$$(\alpha + \mu)(\gamma + \mu_f)(\eta + \mu)(\mu_f) < \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right)$$

que podemos escrever da forma:

$$(\alpha + \mu)(\gamma + \mu_f)(\eta + \mu)(\mu_f) - \alpha\gamma\beta_h\beta_m C \frac{\pi_q}{\mu_f} \left(1 - \frac{1}{Q_0}\right) < 0. \quad (\text{B.12})$$

Reconhecendo que o termo do lado esquerdo da desigualdade de (B.12) é o próprio a_4 dado em (B.11), concluímos que $a_4 < 0$. Mostramos, então, que se existir $\lambda_i > 0$, temos $a_4 < 0$.

Portanto, se $a_4 > 0$, temos que os autovalores do polinômio (B.7) são negativos.

Apêndice C PASSAGEM DO CONTÍNUO PARA O DISCRETO

Nos itens abaixo, veremos algumas situações em que, a partir de uma equação contínua, geramos uma equação discreta equivalente, no sentido de que os pontos (t, x_t) do modelo discreto estejam sobre a curva $x(t) \times t$ do modelo contínuo.

a) Um modelo representando decaimento exponencial

De acordo com Gurney e Nisbet (1998), uma aproximação discreta para o modelo contínuo:

$$\frac{dN}{dt} = -\alpha N, \quad N(0) = N_0, \quad (\text{C.1})$$

cuja solução é dada por

$$N(t) = N_0 e^{-\alpha t}, \quad (\text{C.2})$$

pode ser obtida considerando um incremento Δt , de modo que o tempo final seja dado por $t + \Delta t$ e a condição inicial corresponda a t (Δt representaria a duração de uma geração), donde obtém-se:

$$N_{t+\Delta t} = N_t e^{-\alpha \Delta t}. \quad (\text{C.3})$$

Tomando $\Delta t = 1$, isto é, contando o tempo em número de gerações, o modelo discreto equivalente à equação (C.1) é dado por:

$$N_{t+1} = N_t e^{-\alpha}. \quad (\text{C.4})$$

Na Figura C.1, apresentamos as soluções para os modelos contínuo (C.1) e discreto (C.4), para um mesmo valor de α e de N_0 . Estes gráficos estão sobrepostos, evidenciando que os pontos correspondentes ao modelo discreto situam-se sobre a curva correspondente ao modelo contínuo.

O modelo C.1 é o modelo de Malthus quando, na população considerada, ocorrerem mais mortes do que nascimentos.

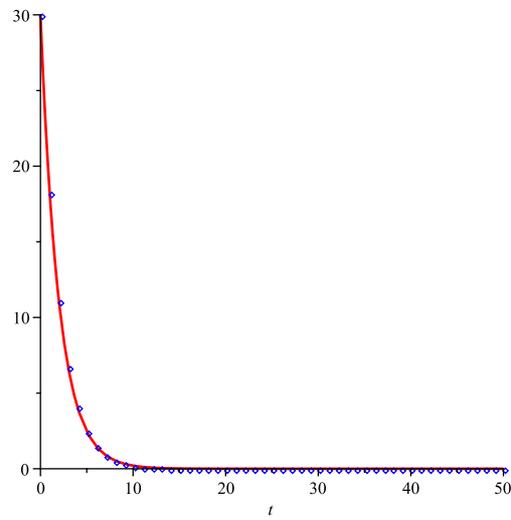


Figura C.1: Gráfico das soluções dos modelos contínuo (C.1) (linha) e discreto (C.4) (pontos) sobrepostos, para valores de $\alpha = 0.5$ e $N_0 = 30$.

Uma extensão do raciocínio acima leva a concluir que, para o problema de valor inicial contínuo:

$$\frac{dx}{dt} = \alpha(k - x), \quad x(0) = x_0, \quad (\text{C.5})$$

que tem como solução

$$x(t) = k + (x_0 - k)e^{-\alpha t},$$

a versão discreta seria:

$$x_{t+1} = k + (x_t - k)e^{-\alpha}. \quad (\text{C.6})$$

Na Figura C.2 temos as soluções para os modelos (C.5) e (C.6) sobrepostas.

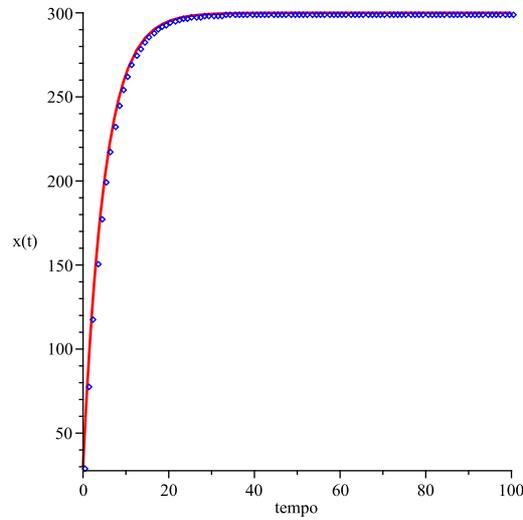


Figura C.2: Gráfico das soluções dos modelos contínuo (C.5) e discreto (C.6) sobrepostos, para valores de $\alpha = 0.2$, $x_0 = 30$.

b) O Modelo Logístico

Para o modelo Logístico, que inclui um termo quadrático representando a competição entre indivíduos de mesma espécie:

$$\frac{dN}{dt} = rN(t) \left(1 - \frac{N(t)}{k} \right), \quad (\text{C.7})$$

temos que, se $r < 2$, o modelo discreto equivalente é o modelo de Richer, dado por

$$N_{t+1} = N_t e^{r \left(1 - \frac{N_t}{k} \right)} = e^r N_t e^{-\frac{rN_t}{k}}. \quad (\text{C.8})$$

Para valores de $r > 2$, o modelo de Richer apresenta ciclos e caos.

Na Figura C.3 temos as soluções para os modelos (C.7) (curva contínua) e (C.8) (pontos) sobrepostos, evidenciando a equivalência entre estes modelos para $r = 0.2$, $N_0 = 30$ e $k = 200$ em ambos os casos.

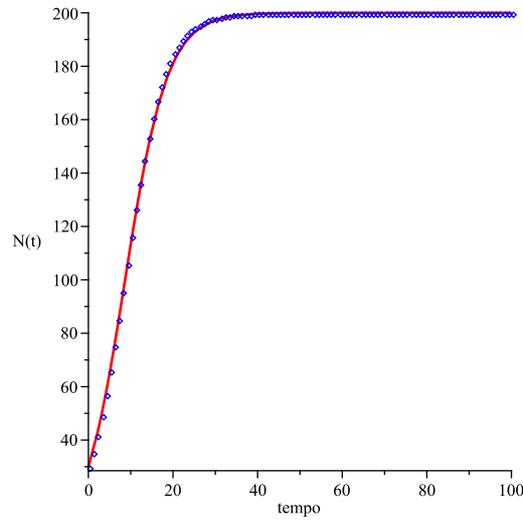


Figura C.3: Gráfico das soluções dos modelos contínuo (C.7) e discreto (C.8) sobrepostos, para valores de $r = 0.2$, $N_0 = 30$ e $k = 200$.

c) A Lei de Ação das Massas em Modelos Contínuos de duas espécies

De acordo com Kot (2001), considere o seguinte:

- Primeiramente, o número de encontros N_e entre as populações x e y é proporcional ao produto de suas densidades, ou seja,

$$N_e = \alpha xy,$$

onde α é a taxa de contato entre x e y .

- Uma segunda suposição é que, para cada indivíduo da população y , os encontros com x aconteçam aleatoriamente.

Seja $f(k)$ a probabilidade que x tem de ser encontrado k vezes num tempo t .

Pelo fato do número de encontros serem aleatórios, nós podemos representar a probabilidade de k encontros, por uma distribuição baseada no número médio de encontros que acontecem por unidade de tempo.

A distribuição de Poisson,

$$f(k) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!}, \quad (\text{C.9})$$

é uma distribuição de probabilidade discreta, que expressa a probabilidade de ocorrer um número k de eventos em um intervalo de tempo fixo, conhecido o número médio, λ , de ocorrências neste intervalo.

Como o número de encontros é dado por $N_e = \alpha xy$, concluímos que

$$\lambda = \frac{N_e}{x} = \alpha y, \quad (\text{C.10})$$

e, portanto, de (C.9)

$$f(k) = \frac{(\alpha y)^k e^{-\alpha y}}{k!}. \quad (\text{C.11})$$

Considerando que a probabilidade de não haver encontros de x com y durante o tempo de vida de x corresponde a $k = 0$ (ou seja, a população x permanecerá como no tempo anterior, no mesmo compartimento), então de (C.9), $f(0) = e^{-\alpha y}$.

Assim, o termo αxy que representava o contato entre x e y , transferindo populações do compartimento x para o compartimento y , é então substituído pelo termo

$$x e^{-\alpha y}, \quad (\text{C.12})$$

que representará a população que permanece no compartimento x .

Referências Bibliográficas

- BUNIMOVICH, L. A. Coupled Map Lattices: at the Age of Maturity. In: CHAZOTTES, J.-R ; FERNANDEZ, B. **Dynamics of Coupled Map Lattices and of Related Spatially Extended Systems**. Ed. Springer, p.9-32, 2005.
- CIRINO, S.; SILVA, J. A. L. Modelo Epidemiológico SEIR de Transmissão da Dengue em Redes de Populações Acopladas. **TEMA Tend. Mat. Apl. Comput.**, v.5, n.1, p.55-64, 2004.
- DEROUICH, M.; BOUTAYEB, A. Dengue Fever: Mathematical Modelling and Computer Simulation. **Applied Mathematics and Computation**, v.177, p.528-544, 2006.
- ESTEVA, L.; YANG, H. M. Control of Dengue Vector by the Sterile Insect Technique Considering Logistic Recruitment. **TEMA Tend. Mat. Apl. Comput.**, v.7, n.2, p.259-268, 2006.
- FUNK, G. A.; JANSEN, V. A. A.; BONHOEFFER, S.; KILLINGBACK, T. Spatial Models of Virus-immune Dynamics. **Journal of Theoretical Biology**, v.223, p.221-236, 2005.
- GIESECKE, J. **Modern Infectious Disease Epidemiology**. Arnold, 2^a ed, 2002.
- GURNEY, W. S. C.; NISBET, R. M. **Ecological Dynamics**. Oxford University Press, 1998.
- KESHET-EDELSTEIN, L. **Mathematical Models in Biology**. SIAM, 1988.
- KOT, M. **Elements of Mathematical Ecology**. Ed. CAMBRIDGE, 2001.
- LEITE, M. B. F.; BASSANEZI, R. C.; YANG, H. M. The Basic Reproduction Ratio for a Model of Directly Transmitted Infections Considering the Virus Charge and the Immunological Response. **IMA Journal of Mathematics Applied in Medicine and Biology**, v.17, p.15-31, 2000.

SUCEN/SP - **Controle Integrado dos Vetores da Dengue**. Disponível em:
<http://www.sucen.sp.gov.br/downl/vetores_geral/den_contri.pdf> Acesso em:
15 junho de 2009.

YANG, H. M. Epidemiologia da Transmissão da Dengue. **TEMA Tend. Mat. Apl. Comput.**, v.4, n.3, p.387-396, 2003.

YANG, H. M.; FERREIRA, C. P. Assessing the Effects of Vector Control on Dengue Transmission. **Applied Mathematics and Computation**, v.198, p.401-413, 2008.

YANG, H. M.; FERREIRA, C. P.; TERNES, S. Dinâmica Populacional do Vetor Transmissor da Dengue. **Applied Mathematics and Computation**, v.4, n.2, p.287-296, 2003.

YANG, H. M.; MARCORIS, M. L. G.; GALVANI, K. C.; ANDRIGHETTI, M. T. M.; WANDERLEY, D. M. V. Assessing the Effects of Temperature on Dengue Transmission. **Epidemiol. Infect.**, v.7, n.2, p.1-9, 2009.