

MODELOS MATRICIAS PARA MODELAGEM POPULACIONAIS.

PERES, Luciano Medina¹; DE CEZARO, Adriano².

¹Universidade Federal do Rio Grande – FURG; Matemática Licenciatura; imperes@bol.com.br;

²Universidade Federal do Rio Grande – FURG; Instituto de Matemática Estatística e Física - IMEF. adrianocezaro@furg.br

1 INTRODUÇÃO

Considerando como população o conjunto de indivíduos da mesma espécie que vivem em uma mesma região ou habitat e ainda, que em um mesmo habitat interagem diversas populações, um dos problemas de interesse constante é entender como ocorrem e quais são os efeitos destas interações no conjunto de seres que coabitam uma determinada região [5]. O foco deste trabalho está na modelagem matemática e no estudo de características de interesse em modelos de interação entre duas populações, a saber, mosquitos *Aedes Aegypti* e humanos.

O estudo de modelos populacionais foi introduzido por Thomas Robert Malthus no final do século 18 [8]. O modelo proposto pelo britânico motivou a outros modelos como de Verhulst, Lotka-Volterra, este último já no século 20 [8]. Modelar populações trata-se de uma atividade de conhecimento interdisciplinar que possibilita agregar um ferramental matemático ao estudo do objeto modelado, permitindo novas deduções, ou conclusões, bem como um estudo detalhado à cerca da validade do modelo proposto e a comparação de resultados obtidos por observação de uma situação real com aqueles fornecidos pelo modelo [2].

Assim, em meados do século 20, o matemático *Patrick Holt Leslie* [7] propôs um modelo populacional que consiste em construir uma matriz de probabilidades em que são considerados os índices de fertilidade de uma faixa etária para a próxima faixa etária, e as taxas de sobrevivência de uma faixa etária para a próxima faixa etária até o fim de um dado ciclo. Este modelo pode ser expresso pela equação

$$Ln_0 = n_1, \quad (1)$$

onde n_0 é a distribuição inicial da população de fêmeas, e n_1 é vetor população do tempo $t \rightarrow t + 1$ e

$$L = \begin{pmatrix} f_1 & f_2 & f_3 & f_4 \\ s_1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & s_2 & \dots & \vdots \\ 0 & \dots & s_3 & 0 \end{pmatrix} \quad (2)$$

é a matriz de *Leslie*. Note que, na primeira linha da matriz L constam os valores da fertilidade f_i da correspondente faixa etária, isto é, o número médio de filhas nascidas por fêmea na i – ésima faixa etária. Assim, $f_i \geq 0$, onde $i = 1, 2, \dots, n$. Ainda, pelo menos uma das entradas f_i é não nula, caso contrário, não haveria perpetuação da espécie. Imediatamente abaixo da diagonal principal, encontram-se os valores correspondentes do percentual de sobrevivência s_i , ou seja, a fração de fêmeas que se espera que vá sobreviver e passar para a $(i + 1)$ – ésima faixa etária. Para garantir a sobrevivência da espécie temos que assumir que $s_i > 0$. Por outro lado, por se tratar de uma probabilidade $s_i \leq 1$. Assim temos que $0 < s_i < 1$, é

importante entender que os s_i são não nulos, pois caso em contrario teríamos rapidamente a extinção da população, onde $i = 1, 2, \dots, n + 1$; como a matriz de *Leslie* deve ser quadrada de ordem n , isto é, ao tomarmos a população em estudo primeiro devemos encontrar faixas etárias de igual distribuição admitindo um final para o ciclo da população em estudo e assim definindo o número de colunas em função da idade fértil da espécie.

O ponto forte do uso deste modelo reside no fato que a matriz L possui um único autovalor dominante positivo ao qual está associado um autovetor de entrada positivas. Isso decorre do fato que os s_i são não nulos, pois sempre sobreviventes de uma faixa etária para próxima até a última idade, e que ao menos uma das entradas f_i é não nula.

Em 1965, o zoólogo *Leonard Lefkovitch* [6] generalizou as ideias de *Leslie* e apresentou um modelo matricial onde a fase de cada espécie é mais importante que a idade. Esta diferença fundamental possibilita que seja incluído no modelo considerações de permanência na fase ou ciclo na vida da espécie a ser modelada. Assim, a variável idade não é a mais indicada para uma população com estas características. Em outras palavras, o modelo de *Lefkovitch* é regido pela matriz

$$A = \begin{pmatrix} p_1 & f_1 & f_2 & f_3 \\ s_1 & p_2 & \dots & 0 \\ 0 & s_2 & p_3 & \vdots \\ 0 & \dots & s_3 & p_4 \end{pmatrix} \quad (3)$$

Em (3), p_i representa a probabilidades do individuo permanecer na mesma fase ou ciclo. Assim $0 < p_i \leq 1$, para $i = 1, 2, \dots, n$; pois para cada fase teremos indivíduos passado para próxima e alguns permanecendo na mesma. Nas demais posições da primeira linha f_i representam agora, diferentemente que em (2), número médio de filhas nascidas por fêmea no i -ésima ciclo de vida e não mais por idade. Portanto, estes independem da longevidade ou da brevidade de vida da espécie em estudo a sua fertilidade, mas sim, em que momento de sua vida está fertilidade ocorre e da densidade de fertilização. Por se tratar de uma medida de densidade, $f_i \geq 0$, para $i = 1, 2, \dots, n$. As entradas de s_i permanecem as mesmas que em (2).

É importante notar que, pelo mesmo motivo que em (2), o modelo de *Lefkovitch* também tem um autovalor dominante positivo e a este um autovetor associa de entradas positivas.

O foco deste trabalho é estudar maneiras de adaptar os modelos assim descritos na modelagem de populações de humanos e mosquitos *Ae. Aegypti*, vetor responsável pela disseminação da *Dengue*. É importante salientar que a aplicação dos modelos de *Leslie* e *Lefkovitch* não se aplica diretamente, pois a iteração entre os mosquitos *Ae. Aegypti* e humanos acontece de maneira sazonal, não-linear e dependem de migração [8], e assim, poder entender a estrutura ecológica do *Ae. Aegypti*, é muito importante para conhecer a potencialidade vetorial deste mosquito, e a dinâmica de propagação da *Dengue* e o seu controle [9], [10] e [11].

2 METODOLOGIA (MATERIAL E MÉTODOS)

Neste trabalho utilizamos dois modelos matriciais amplamente utilizados na literatura, modelo de *Leslie* e modelo de *Lefkovitch*, que são relativamente

recentes para estudar a iteração entre humanos e *Ae. Aegypti*. A escolha de tais modelos foi motivada por dois aspectos fundamentais: A primeira é que tais modelos permitem trabalhar a iteração entre diferentes espécies em diferentes faixas etárias. A segunda está fortemente baseada nos conceitos matemáticos envolvidos no estudo de tais modelos. Tais conceitos permitem desenvolver estudos analíticos precisos utilizando conceitos de Álgebra Linear e Equações Diferenciais [1], [3] e [4].

As potenciais vantagens dos modelos de *Patrick Holt Leslie* e *Leonard Lefkovitch* são que uma vez estabelecida uma matriz L formada por valores de fertilidade, probabilidade de sobrevivência e de troca de fase, a possibilidade de alterar parâmetros em L ou M poderá ser feito sem necessariamente conhecermos, por exemplo, tamanho ou probabilidade de alguma faixa etária. Por outro lado, segundo estes modelos apresentam limitações, pois não preveem o comportamento para populações com migração. No caso específico da Dengue a migração é um dos fatores determinantes da disseminação da infecção [12]. Um dos pontos inovadores deste estudo está na tentativa de encontrar uma forma de integrar a migração de indivíduos aos modelos citados. As diferenças entre indivíduos da mesma classe como infectados, susceptíveis e recuperados incrementam o desafio de tentar modelar a dinâmica da interação da população de mosquitos com a população de humanos [13].

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Segundo dados constantes no portal da Secretária da Saúde do Rio Grande do Sul em 2012, a cidade do Rio Grande, localizada na região sul do estado do Rio Grande do Sul, apareceu em 2011 entre um dos municípios onde foi constatada a presença de Dengue. Neste ano foram notificados 26 casos suspeitos de infecção, e destes 4 casos foram confirmados, como importados (migração) [14]. A importância do estudo da população de mosquitos *Ae. Aegypti* em Rio Grande, e a sua interação com a população nativa ou devida à migração, deve-se no primeiro momento evitar que os mosquitos acessem a população de humanos portadores do vírus, e segundo não havendo como evitar o acesso do mosquito a população humana contaminada estabelecer uma estratégia para o controle desses contatos para evitar a propagação do vírus ou até mesmo uma epidemia.

Como estes eventos (migração, notificação de casos), são muito recentes em nossa região, isto é, ainda são escassas as observações experimentais, ou de coleta *in loco* de informações que possam servir de banco de dados base, para o desenvolvimento de modelos matemáticos ambientado nas variáveis locais, e assim entender, e então prever a capacidade vetorial de contaminação e propagação do vírus da Dengue. Na população humana o nosso foco não é a prole, mas sim o tratamento dos infectados e o trabalho dos susceptíveis e recuperados para não serem reinfectedados pelo vetor, modelar essa população com estas características é mais complexo [9].

4 CONCLUSÃO

Neste trabalho estabelecemos a relação entre humanos-mosquitos transmissores da Dengue utilizando os modelos de dinâmica populacional de *Leslie* e *Lefkovitch* sem migração. Para tais modelos, estabelecemos existência, unicidade

e estabilidade das dinâmicas populacionais através de conceitos de Álgebra Linear e Equações Diferenciais.

Um segundo passo neste processo é estabelecer quantitativamente os modelos estudados para a realidade atual da região de Rio Grande. Infelizmente ainda há muitos poucos dados relativos ao *Ae. Aegypti* para uma modelagem satisfatória. Outro ponto importante a ser explorado em trabalhos futuros é o fator de migração. Para tal, tencionamos acoplar aos modelos de dinâmica populacional de *Leslie* e *Lefkovich* um fator de migração. Tal acoplamento exige o estudo aprofundado de sistemas dinâmicos acoplados, os quais tornam os modelos, em geral, não lineares.

5 REFERÊNCIAS

- [1] EDELSTEIN-KESHET, L., **Mathematical Models in Biology**. Classics in Applied Mathematics, 46, SIAM, 2005.
- [2] DINIZ, Geraldo Lúcio. **Equações de diferenças e sistemas com aplicações biológicas**. São Carlos – São Paulo: Sociedade Brasileira de Matemática Aplicada e Computacional, 2011.
- [3] PERTHAME, B., **Transport equations in biology**. Frontiers in Mathematics, Birkhäuser Verlag, Basel, 2007
- [4] POOLE, D. **Álgebra Linear**. Cengage Learning. São Paulo, 2011.
- [5] LENZI, H. L., ROMANHA, W. S., MACHADO; M. P. Possíveis níveis de complexidade na modelagem de sistemas biológicos. In: ANDRADE, E. X. L. (Editora). **Modelagem em Biomatemática**. SBMAC. São Carlos. São Paulo. 2004. São Carlos: SBMAC, 2004. Capítulo 3, 54 – 75.
- [6] LEFKOVITCH, L. P., The Study of Population Growth in Organisms Grouped by Stages, **Biometrics**, vol. 21, no. 1, pp. 1-18, 1965.
- [7] LESLIE, P. H., On the Use of Matrices in Certain Population Mathematics, **Biometrika**, vol. 33, no. 3, pp. 183-212, 1945.
- [8] TAVECCHIA, G.. De la población al individuo... y viceversa. Anuari ornitològic de les balears 2010. **A.O.B.** vol. 25 – 2010. Pág. 1-13
- [9] TAKAHASHI, L. T., MAIDANA, N. A.. W. C. FERREIRA JR.. O Aedes e sua Onda. **Biomatemática** Vol. XIII – 2003. Pág. 33–44.
- [10] TAKAHASHI, L. T., W. C. FERREIRA JR., D'AFONSECA, L., A.. Propagação da Dengue entre cidades. **Biomatemática** Vol. XIV – 2004. Pág. 1-18.
- [11] TEIXEIRA, M. G., BARRETO, M. L.. Dengue no Brasil: situação epidemiológica e contribuições para uma agenda de pesquisa. **Estudos avançados**. 2008. Pág. 53-72.
- [12] GOMES, L. T.. **Um estudo sobre o espalhamento da dengue usando equações diferenciais parciais e lógica fuzzy**. 2009. Tese. Mestre em Matemática Aplicada. IMECC - Universidade Estadual de Campinas, Campinas/SP. 29/06/2009.
- [13] BARROS, L. C., GOMES, L. T.. Um modelo evolutivo para a dengue considerando incertezas de fatores ambientais. **XXXIII CONGRESSO NACIONAL DE MATEMÁTICA APLICADA E COMPUTACIONAL**. Águas de Lindóia, SP. Anais do CNMAC. V.3.2010. SBMAC, 20-23/09/2010. 404 - 410.
- [14] <http://www.saude.rs.gov.br/wsa/portal/index.jsp?menu=servicos&cod=10906>, acesso em 15/05/2012.