



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE  
CAMPINAS

Instituto de Matemática, Estatística e  
Computação Científica

MARTA MARIA MUCACHO MACUFA

**Endemias com Espalhamento Geográfico:  
Modelagem Matemática e Simulações  
Computacionais, um Estudo Sobre Malária na  
Província de Sofala, Moçambique**

Campinas

2017

Marta Maria Mucacho Macufa

**Endemias com Espalhamento Geográfico: Modelagem Matemática e Simulações Computacionais, um Estudo Sobre Malária na Província de Sofala, Moçambique**

Tese apresentada ao Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica da Universidade Estadual de Campinas como parte dos requisitos exigidos para a obtenção do título de Doutora em Matemática Aplicada.

Orientador: João Frederico da Costa Azevedo Meyer

Este exemplar corresponde à versão final da Tese defendida pela aluna Marta Maria Mucacho Macufa e orientada pelo Prof. Dr. João Frederico da Costa Azevedo Meyer.

Campinas

2017

Agência(s) de fomento e nº(s) de processo(s): CAPES, 15204-12-0

Ficha catalográfica  
Universidade Estadual de Campinas  
Biblioteca do Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica  
Ana Regina Machado - CRB 8/5467

M251e Macufa, Marta Maria Mucacho.  
Endemias com espalhamento geográfico : modelagem matemática e simulações computacionais: um estudo sobre malária na província de Sofala, Moçambique / Marta Maria Mucacho Macufa. – Campinas, SP : [s.n.], 2017.

Orientador: João Frederico da Costa Azevedo Meyer.  
Tese (doutorado) – Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica.

1. Modelos epidemilógicos SIRS. 2. Equação de difusão-advecção. 3. Equações diferenciais parciais não-lineares. 4. Malária - Epidemiologia. 5. Malária - Sofala (Moçambique) - Estudo de casos. 6. Métodos dos elementos finitos. I. Meyer, João Frederico da Costa Azevedo, 1947-. II. Universidade Estadual de Campinas. Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica. III. Título.

#### Informações para Biblioteca Digital

**Título em outro idioma:** Geographic spreading of diseases : mathematical modeling and computer simulations: a study of malaria in the Sofala province in Mozambique

**Palavras-chave em inglês:**

SIRS epidemic models

Diffusion-advection equation

Partial differential equations, nonlinear

Malaria - Epidemiology

Malaria - Sofala (Mozambique) - Case studies

Finite element method

**Área de concentração:** Matemática Aplicada

**Titulação:** Doutora em Matemática Aplicada

**Banca examinadora:**

João Frederico da Costa Azevedo Meyer [Orientador]

Laecio Carvalho de Barros

Estevão Esmi Laureano

Rosana Sueli da Motta Jafelice

Diomar Cristina Mistro

**Data de defesa:** 16-01-2017

**Programa de Pós-Graduação:** Matemática Aplicada

**Tese de Doutorado defendida em 16 de janeiro de 2017 e aprovada**

**Pela Banca Examinadora composta pelos Profs. Drs.**

**Prof(a). Dr(a). JOÃO FREDERICO DA COSTA AZEVEDO MEYER**

**Prof(a). Dr(a). LAECIO CARVALHO DE BARROS**

**Prof(a). Dr(a). ESTEVÃO ESMI LAUREANO**

**Prof(a). Dr(a). ROSANA SUELI DA MOTTA JAFELICE**

**Prof(a). Dr(a). DIOMAR CRISTINA MISTRO**

A Ata da defesa com as respectivas assinaturas dos membros encontra-se no processo de vida acadêmica do aluno.

*Aos meus pais: Jacinta de Jesus e Paulo Macufo (in memoriam)...  
e as minhas queridas irmãs...*

# Agradecimentos

Agradeço em primeiro lugar a Deus pela minha vida e saúde e por conquistar mais essa etapa da minha história.

Ao Professor Joni, por todo apoio, pela amizade e orientação durante esse tempo de doutorado, obrigado de coração, faltam palavras para expressar! Ao Professor André Krindges, por todo apoio na parte computacional e agradeço também ao Professor José Carlos Rubianes, Professora Roberta Delboni pela colaboração nesta tese e ao Jorge me auxiliou com as correções do português (Brasileiro).

Aos meus pais eterna gratidão, vivem sempre no meu coração. Agradeço as minhas queridas irmãs pelo incentivo e apoio durante esses anos. Aos meus sobrinhos que muito me alegram, amo muito vocês!

A todos meus amigos, sem deixar de nomear a ninguém e aos que conheci no IMECC, muito aprendi, naquelas horas longas de estudo, obrigado a todos. Aos professores e a todos que direta ou indiretamente contribuíram para que eu chegasse até aqui!

Obrigado a todos amigos da paróquia Frei Antônio de Santana Galvão, o pessoal do grupo de canto e do grupo de oração.

Agradeço à CAPES pelo apoio financeiro.

*“Tudo posso,  
Naquele que me fortalece”.*  
*(Bíblia Sagrada, Filipenses 4, 13)*

# Resumo

Neste trabalho apresentamos um modelo matemático para evolução do espalhamento geográfico de uma doença transmitida através de um vetor a fim de poder estudar a situação da malária na província de Sofala, uma região do centro de Moçambique. O sistema é composto por equações diferenciais parciais não lineares com difusão-advecção que retrata o espalhamento geográfico com características migratórias na qual interagem duas populações: a população de humanos que por sua vez subdividem-se em suscetíveis, infectados e recuperados e, para população de mosquitos, consideramos mosquitos não portadores e mosquitos portadores dos vírus da malária. No modelo proposto consideramos a taxa intrínseca do crescimento do mosquito variável no tempo pela sua dinâmica que é influenciada sazonalmente. A solução aproximada para o modelo apresentado é construída pelo método numérico, uma vez que não existem expressões analíticas para a solução do sistema não linear de equações diferenciais parciais. No caso estudado, utilizamos o Método de Elementos Finitos (no espaço) e de Diferenças Finitas (no tempo) para a discretização do modelo e, após a formulação variacional, utilizamos o Método de Galerkin e o Método de Crank-Nicolson, respectivamente. A validação do modelo escolhido foi possível através dos dados reais, número de casos e óbitos pela malária, fornecidos pelas autoridades da saúde da província de Sofala. Ao final, são apresentados resultados para alguns cenários.

**Palavras-chave:** Modelos epidemiológicos SIRS, Equações diferenciais parciais não lineares, Equação de difusão-advecção, Malária - Epidemiologia, Métodos dos elementos finitos, Malária - Sofala (Moçambique) - Estudo de casos .

# Abstract

In this work we present a mathematical model for the evolutionary spread of a disease transmitted by a vector in order to be able to study the situation of malaria in the province of Sofala in the center of Mozambique. The resulting system is made up of non-linear partial differential equations using an advective-diffusive term to describe the spatial spread including possible migratory situations in which the populations of the vector and the humans interact. Humans are subdivided into three compartments: Susceptibles, Infecteds and Resistant whereas the mosquitos are subdivided into two compartments: those not carrying the virus and those doing so. In the model we consider that the intrinsic rate of growth of the population of mosquitos to vary according to annual seasons, thus affecting the population dynamics. Since no analytic solutions can be described for this situation, numerical methods are used for approximations of the existing solution. In the present situation, Finite Elements are used in space and Crank-Nicholson in time. In order to try to validate the model, parameters are obtained from the data provided by Sofala Health Authorities and some scenarios are presented.

**Keywords:** SIRS epidemic models, Partial differential equations, nonlinear, Diffusion-advection equation, Malaria - Epidemiology, Finite element methods, Malaria - Sofala (Mozambique) - Case studies.

# Lista de ilustrações

Figura 1 – Países com transmissão da malária. . . . .	19
Figura 2 – Mapa de Moçambique. . . . .	21
Figura 3 – Diagrama compartimental do modelo. . . . .	37
Figura 4 – Mapa da província de Sofala. . . . .	41
Figura 5 – Mapa da província de Sofala com subdivisão administrativa. . . . .	66
Figura 6 – Malha do domínio de estudo. . . . .	67
Figura 7 – Casos confirmados da malária por distritos. . . . .	69
Figura 8 – Total casos confirmados por malária na província de Sofala. . . . .	70
Figura 9 – Total casos confirmados por malária na província de Sofala. . . . .	71
Figura 10 – Taxa de óbitos. . . . .	73
Figura 11 – Gráfico da precipitação. . . . .	75
Figura 12 – Temperatura ( $C^{\circ}$ ) e precipitação (mm/mês), segundo [35]. . . . .	76
Figura 13 – Prevalência do mosquito e do <i>P. falciparum</i> também segundo [35]. . . . .	76
Figura 14 – Precipitação média mensal dos 10 anos. . . . .	77
Figura 15 – Precipitação média em mm e a curva de ajuste para a província de Sofala, no período de 2006 a 2015. . . . .	78
Figura 16 – Gráfico aproximado da taxa intrínseca do mosquito. . . . .	79
Figura 17 – Malha com identificação dos nós observados. . . . .	83
Figura 18 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de muita chuva após 1 dia. . . . .	84
Figura 19 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de muita chuva após 90 dias. . . . .	85
Figura 20 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período muito chuvoso após 180 dias. . . . .	86
Figura 21 – Evolução temporal da dinâmica de malária no período de verão de muita chuva no nó 1000 após 1800 iterações que corresponde a 180 dias. . . . .	87
Figura 22 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de chuva após 1 dias. . . . .	88
Figura 23 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de chuva após 180 dias. . . . .	89

Figura 24 – Solução temporal da dinâmica de malária no período de verão chuva no nó 500 após 1800 iterações que corresponde a dias. . . . .	90
Figura 25 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de seca após 1 dias. . . . .	91
Figura 26 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de seca após 1800 iterações que correspondem a 180 dias. . . . .	92
Figura 27 – Solução temporal da dinâmica de malária no período de verão de muita chuva no nó 1000 após 1800 iterações que corresponde a dias. . . . .	93
Figura 28 – Simulação numérica da dinâmica de transmissão da malária no período de verão com muita chuva, após 1 dia. . . . .	95
Figura 29 – Simulação numérica da dinâmica de transmissão da malária no período de verão com muita chuva, após 90 dias. . . . .	96
Figura 30 – Evolução da dinâmica de malária no período de verão com muita chuva, após 180 a dias. . . . .	97
Figura 31 – Evolução temporal da dinâmica de malária no período de verão de muita chuva no nó 1000 após 1800 iterações que corresponde a dias. . . . .	98
Figura 32 – Simulação numérica da dinâmica de transmissão da malária no período de verão com chuva, após 1 dia. . . . .	99
Figura 33 – Evolução da malária no período de chuva em Sofala após 180 dias. . . . .	100
Figura 34 – Solução temporal da dinâmica de malária no período de verão de chuva no nó 500 após 1800 iterações que corresponde a dias. . . . .	101
Figura 35 – Simulação numérica da dinâmica de transmissão da malária no período de verão com muita chuva, após 1 dia. . . . .	102
Figura 36 – Evolução da dinâmica de transmissão da malária em período de seca em Sofala após a 180 dias. . . . .	103
Figura 37 – Solução temporal da dinâmica de malária no período de verão de chuva no nó 500 após 1800 iterações que corresponde a 180 dias. . . . .	104

# Lista de tabelas

Tabela 1 – Regra de Sinais de Descartes . . . . .	44
Tabela 2 – Número de casos confirmados da malária por distritos na província de Sofala. . . . .	68
Tabela 3 – Número de óbito por malária por distritos na província de Sofala. . . . .	70
Tabela 4 – Taxa de mortalidade pela malária por distritos na província de Sofala, 2006-2010. . . . .	72
Tabela 5 – Taxa média de mortalidade pala malária. . . . .	73
Tabela 6 – Indicadores demográficos na província de Sofala. . . . .	74
Tabela 7 – Precipitação em milímetros (mm) na província de Sofala. . . . .	75
Tabela 8 – Parâmetros estimados com mortalidade antrópica Deficiente. . . . .	82
Tabela 9 – Parâmetros estimados com mortalidade antrópica. . . . .	94
Tabela 10 – Resultados obtidos. . . . .	104

# Sumário

	<b>Introdução</b>	<b>15</b>
<b>1</b>	<b>ABORDAGEM DO PROBLEMA</b>	<b>18</b>
1.1	Malária no Mundo	18
1.2	Malária em Moçambique	20
1.2.1	Malária na Província de Sofala	22
<b>2</b>	<b>MODELOS MATEMÁTICOS</b>	<b>24</b>
2.1	Modelos Matemáticos de Doenças	25
2.1.1	Modelo Simples para Espalhamento Espacial de uma Epidemia	25
2.1.2	Modelo da Dinâmica do Aedes Aegypti	26
2.1.3	Modelo para Espalhamento da Dengue (Takata)	27
2.1.4	Modelo para Espalhamento da Dengue (Silveira)	28
2.1.5	Modelo Alternativo da Malária	30
2.1.6	Modelo Matemático Sazonal para a Malária	31
2.1.7	Modelo Matemático para o espalhamento do Mal das Cadeiras em Capivaras	32
2.1.8	Modelo da Dinâmica interativa da Mosca-dos-Chifres na Presença de um Predador	33
<b>3</b>	<b>MODELO ESCOLHIDO PARA A MALÁRIA</b>	<b>35</b>
3.1	Descrição do Modelo Matemático	35
3.2	Análise de Estabilidade dos Pontos de Equilíbrio	42
3.2.1	Equilíbrio Trivial	46
3.2.2	Equilíbrio livre do Mosquito	46
3.2.3	Equilíbrio do Mosquito	46
3.2.4	Equilíbrio Livre da Doença	47
3.3	Formulação Variacional	49
<b>4</b>	<b>O MÉTODO DOS ELEMENTOS FINITOS</b>	<b>52</b>
4.1	Discretização Espacial: Método de Galerkin	52
4.2	Discretização Temporal: Método de Crank-Nicolson	57
4.3	Tratamento Algorítmico da não linearidade	63
4.4	Discretização da Região do Estudo	65
<b>5</b>	<b>ESTIMATIVA DE PARÂMETROS</b>	<b>68</b>
5.1	Parâmetros para a População de Humanos	68
5.2	Taxa Intrínseca do Crescimento do Mosquito	74

<b>5.3</b>	<b>Parâmetros de Contato</b> . . . . .	<b>79</b>
<b>6</b>	<b>SIMULAÇÕES E RESULTADOS</b> . . . . .	<b>81</b>
<b>6.1</b>	<b>Simulações</b> . . . . .	<b>81</b>
6.1.1	Cenário com Vigilância Deficiente . . . . .	81
6.1.2	Cenário com Vigilância Sanitária . . . . .	93
<b>7</b>	<b>CONCLUSÕES E SUGESTÕES</b> . . . . .	<b>106</b>
<b>7.1</b>	<b>Conclusões</b> . . . . .	<b>106</b>
<b>7.2</b>	<b>Trabalhos Futuros</b> . . . . .	<b>106</b>
	<b>REFERÊNCIAS</b> . . . . .	<b>108</b>
	<b>APÊNDICES</b>	<b>112</b>
	<b>APÊNDICE A – IMPLEMENTAÇÃO COMPUTACIONAL</b> . . . . .	<b>113</b>

# Introdução

A eficácia no melhoramento dos saneamentos básicos, dos antibióticos e dos programas de vacinação criou uma confiança na década de 1960 que muitas doenças logo seriam eliminadas, (malária, febre amarela, tripanossomíase, entre outras). Mas as doenças infecciosas continuam a serem as principais causas de sofrimento e mortalidade nos países em desenvolvimento. Os agentes de doenças infecciosas têm se adaptado e evoluído, de modo que novas doenças infecciosas têm surgido enquanto outras têm ressurgido. Malária, dengue e febre amarela estão entre as ressurgidas e estão se espalhando para novas regiões, [34], [23]. Doenças como a ebola a peste, cólera e dengue hemorrágica, por exemplo, continuam a ressurgir ocasionalmente [34]. Isto porque a invasão dos seres humanos ou de animais em novos ecossistemas, o aquecimento global, a degradação ambiental, o aumento de viagens internacionais e mudanças nos padrões econômicos continuam a oferecer oportunidades para doenças infecciosas novas e existentes [23]. Por essas razões, muitas áreas de conhecimento (ciências biomédicas, ciências afins, matemática, engenharias, estatística, etc.) têm se interessado pelo estudo das doenças infecciosas.

A malária, doença causada por vetor é uma das mais importante doença parasitária e uma das principais causa de morte a nível do mundo. É comum em países tropicais e subtropicais, em especial na África subsahariana e particularmente por caracterizar-se pelo clima quente e úmido, agrava-se em épocas chuvosas, o qual podem favorecer o surgimento do vetor em maior número e contribuir para a prevalência da doença. Globalmente causa grande impacto sócio-econômico, e na saúde pública impõe custos elevados, [4], [13]. Por fim, uma visão relevante do espalhamento progressivo da malária pode ser achado em [53].

A compreensão das características de transmissão de doenças infecciosas nas comunidades, regiões e países, pode levar a uma melhor abordagem para diminuir a transmissão destas doenças; e os modelos matemáticos têm sido ferramentas importantes na análise da propagação e controle de doenças infecciosas. Estes modelos são utilizados na comparação, planejamento, execução, avaliação e melhoramento de diversos programas de detecção, prevenção, terapia e controle [23], [41]. Os modelos matemáticos e simulações de computador são ferramentas experimentais úteis para construir e testar teorias, avaliar conjunturas quantitativas, respondendo à perguntas específicas, determinando sensibilidade às mudanças nos valores de parâmetros e estimando parâmetros chave a partir de dados [23].

Por outro lado, as simulações numéricas podem ser utilizados para resolver problemas complexos como em modelos não lineares. Hoje em dia os métodos numéricos são de ampla utilidade em diferentes áreas da ciência: tais como matemática, estatística,

engenharias e muitas outras áreas que fazem uso destas técnicas para apresentar soluções aproximadas de certos fenômenos. Os experimentos computacionais permitiram simular a dinâmica da interação entre as duas populações, humanos e mosquitos, o espalhamento da doença e prevenção do risco de epidemias na população.

Diversos modelos foram desenvolvidos por estudiosos matemáticos para compreender e analisar o que acontece na natureza. Segundo Skellam [50], a lei da difusão é deduzida e aplicada a fim de compreender a distribuição espacial da densidade populacional, a partir de várias suposições como o de crescimento ou decrescimento populacional. A difusão é também utilizada em modelos epidemiológicos para estudar o efeito da dispersão de doenças no seio da população. A equação diferencial parcial mais simples que descreve a difusão de qualquer partícula ou microrganismo é dada pela seguinte expressão:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = D\nabla^2 u \quad (1)$$

em que  $D$  é a taxa de difusão.

Para estudar a dispersão, Skellam [50] utilizou equações semelhantes à equação (1) e apresentou um modelo simples que descreve difusão e um outro modelo que combina o efeito da dispersão e o crescimento populacional. Mais tarde Cantrell e Cosner [9] também combinaram modelo de dispersão com modelo de dinâmica populacional linear e construíram um modelo de difusão para mostrar como o comportamento de indivíduos em fronteira por trechos podem ser incorporados sobre modelos de reação-difusão. Edelstein-Keshet [20], também fez uso da equação análoga a (1) para descrever a difusão através da membrana celular. E em outro artigo Cantrell et al [11], motivados em entender a evolução da dispersão, consideraram modelos de reação-difusão para estudar população espacialmente distribuída que tende a dispersar-se.

Okubo [43], utilizando equação de advecção e difusão, descreve um modelo para a dispersão de insetos devido a pressão da população em que considera a advecção como sendo o efeito da atração de insetos para uma região particular.

Fazendo uma extensão do modelo clássico de difusão, Murray [41], apresentou um modelo para a dispersão de insetos considerando um aumento na difusão devido a pressão da população e o coeficiente da difusão dependendo da densidade populacional.

O número de trabalhos de epidemiologia matemática parece ter aumentado exponencialmente a partir de meados do século 20 (primeira edição, em 1957, o livro de Bailey [7], é um importante marco), de modo que uma grande variedade de modelos tem sido formulada, analisada matematicamente, e aplicada a doenças infecciosas. Isto pode ser percebido pelos vários estudos recentemente realizados com modelagem epidemiológica, (vide Capítulo 2).

Motivados a procurar e avaliar estratégias para a luta contra malária que afeta a saúde pública em geral e que preocupa as autoridades da saúde a nível do mundo e estimulados pelos matemáticos que ao longo dos anos se interessaram em modelar várias doenças, nos propusemos a estudar a malária com espalhamento geográfico na província de Sofala localizada na região central de Moçambique.

O Principal objetivo deste trabalho é analisar o impacto do espalhamento geográfico da malária em uma região e criar um instrumento que apoie políticas públicas de implementação de medidas recomendadas pela Organização Mundial da Saúde e o contingenciamento desse mal.

No Capítulo 1 abordamos o problema que esta doença ocasiona, descrevendo a sua situação a nível do mundo, em Moçambique e em particular na província de Sofala.

No Capítulo 2 apresentamos vários modelos matemáticos com e sem difusão que modelam diversas doenças. Alguns destes modelam tais doenças com espalhamento espacial e com evolução temporal em população humana, a epidemiologia e em animais, a epizootia.

No Capítulo 3 apresentamos primeiramente o modelo clássico para estudar malária com espalhamento geográfico, em seguida, fizemos o estudo de estabilidade dos pontos de equilíbrio do sistema homogêneo e no final do capítulo apresentamos a formulação variacional com finalidade de resolver o problema numericamente. Neste capítulo apresentamos um aspecto inovador deste trabalho: além de uma modelagem que inclui termo tanto de SI-SIR-SIRS quanto do espalhamento geográfico do risco de contágio, consideramos uma realidade para os mosquitos que segue um comportamento senoidal (cossenoidal, dias) dependente conforme os dados obtidos de precipitação pluvial.

No Capítulo 4 apresentamos uma breve revisão da teoria do Método Elementos Finitos através de Galerkin para fazer a discretização espacial e Método de Crank Nicolson para a discretização temporal.

No Capítulo 5 apresentamos os casos confirmados e de óbitos pela doença da província de Sofala, dados climáticos, já que, o clima influencia na densidade da população do mosquito, tendo uma dinâmica vital sazonal.

No Capítulo 6 resolvemos o problema numericamente em uma malha irregular que é o domínio do nosso estudo e realizamos vários experimentos computacionais através de diferentes cenários com o intuito de encontrar uma aproximação da solução que retrata a difusão da malária na província de Sofala.

E por fim no Capítulo 7 apresentamos as conclusões que chegamos ao realizar este trabalho possa ter continuidade então sugerimos algumas ideias como trabalhos futuros.

# 1 Abordagem do Problema

Neste capítulo abordamos a situação da malária no mundo, uma vez que, esta doença constitui uma grande preocupação para as autoridades da saúde a nível mundial e em geral, nos países onde esta doença ainda é endêmica. A seguir apresentamos a situação da malária em Moçambique, neste país, segundo [30] esta doença se estabilizou de modo predominante, como consequência, tem a maior presença desta endemia. E por fim apresentamos também a situação da malária em Sofala, uma província central de Moçambique. Esta é uma das províncias que contribui para um elevado número de índices e casos da malária no país.

## 1.1 Malária no Mundo

A Malária é uma doença infecciosa que é transmitida ao ser humano através da picada do mosquito portador, a fêmea *Anopheles*. Existem cinco espécies de parasitas: *Plasmodium falsiparum*, *Plasmodium vivax*, *Plasmodium ovale*, *Plasmodium malarie* e *Plasmodium knowlesi* [1], sendo o *P. falsiparum* o mais virulento de todos. As crianças com menos de cinco anos e as mulheres grávidas são mais suscetíveis à doença. Os viajantes que vivem em zonas não endêmicas, podem apresentar as formas mais graves da malária. Os sintomas mais comuns desta doença são: febres alta, cefaleia, dores abdominais, diarreia, vômito e dores no corpo.

Esta é uma das principais causas de mortalidade e morbidade em todo o mundo principalmente nos países em desenvolvimento, e que apesar de ser evitável e tratável, ameaça a vida de 3,2 bilhões de pessoas. Ela mata aproximadamente cerca de 482 000, na sua maioria na África sub-Sahariana onde crianças morrem a cada minuto por malária [15].

Segundo Mabaso et al, [30], com a descoberta da relação do vetor *Anopheles* e transmissão da malária em 1897, estratégias e medidas vem sendo utilizadas e com a disponibilização de dichlorodiphenytrichloroethane (DDT) e outros inseticidas deu-se início a uma nova era mundial para o controle da malária. O uso de DDT para o combate do mosquito levou a adoção do programa da erradicação global da malária coordenado pela Organização Mundial da Saúde (OMS) em 1955. Em dez anos (1957-1966) os resultados foram excelentes, visto que, houve erradicação completa nos Estados Unidos, União Soviética e países da Europa consequentemente houve a redução significativa da incidência da doença.

DDT é uma substância cristalina, organoclorado incolor, insípido e quase

inodoro. Conhecido por suas propriedades inseticidas, esta substância foi descoberta pelo químico suíço Paul Hermann Müller, em 1939. Na metade da segunda guerra mundial foi utilizado para combater a malária e é veneno altamente eficiente contra os artrópodes. Por outro lado, este produto assim como outros inseticidas, quando utilizados em grandes quantidades como em pulverização para o combate da malária traz consigo grandes impactos ambientais, visto que, libera produtos químicos potencialmente perigosos para o ambiente, sem compreender os seus efeitos sobre o meio ambiente ou à saúde humana e o seu uso na agricultura foi uma ameaça para a vida selvagem e das aves. No entanto, este produto é utilizado para o controle do vetor na pulverização residual interna,[54], [53].

No relatório de 2014 da OMS [44] sobre a malária no mundo, consta que com financiamento e cobertura dos programas de luta contra a malária, houve uma considerável redução da incidência da doença bem como da taxa de mortalidade. Constatou-se ainda que 64 países do mundo estão num bom caminho e destes 55 estão próximos de atingir as metas de fazer recuar a malária. Contudo há milhões de pessoas que ainda estão em risco, conseqüentemente todos os anos ocorrem cerca de 90 milhões de casos e 548000 óbitos. Em 2013, verificou-se que a nível mundial 3,3 mil milhões de pessoas em 97 países estariam em risco de contrair a malária e 1,2 mil milhões em risco elevado (maior que 1 caso de malária por mil habitantes todos os anos). Destes casos, o maior número concentra-se no continente africano, por ter muitos países e comunidades mais pobres e marginalizados.

Apesar de um aumento significativo de intervenções contra a malária no mundo, ainda há muito que fazer, pois existem milhões de pessoas que não recebem os serviços que necessitam. O risco é mais preocupante nas regiões da África, pois, ainda em 2013, aproximadamente 82% de casos e 90% de óbitos por malária em todo o mundo aconteceu no continente africano, tendo afetado gravemente crianças menores de cinco anos e mulheres grávidas.

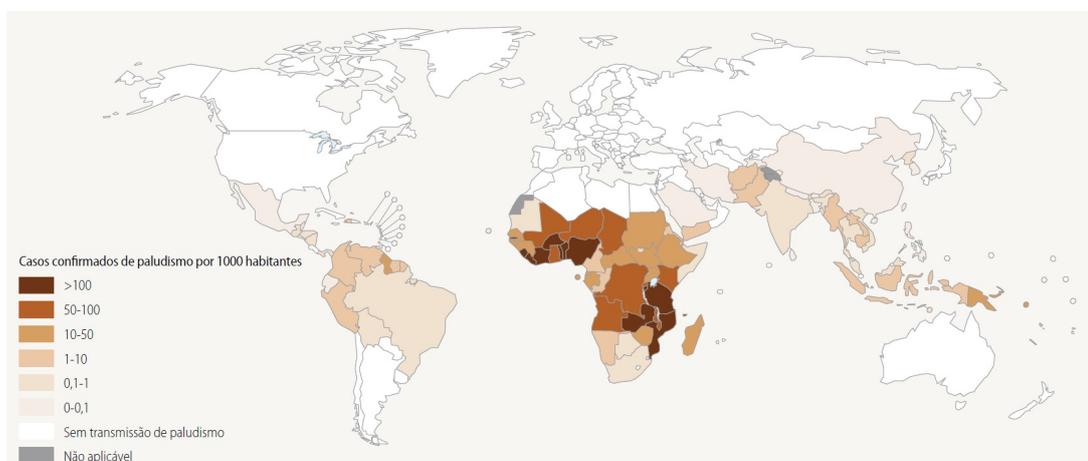


Figura 1 – Países com transmissão da malária.

Fonte: Relatório da OMS, 2014.

A Figura 1, mostra o número de casos confirmados da malária a nível mundial indicando que o maior número concentra-se no continente africano.

De acordo com o relatório de 2015 sobre malária no mundo:

- os casos da malária reduziram em 18%, de 262 milhões em 2000 para 214 milhões em 2015, sendo que a ocorrência dos casos concentra-se na região africana (88%) seguido pela região do sudeste asiático (10%).
- a estimativa da redução da incidência da malária foi de 37% entre 2000 e 2015.
- a mortalidade por malária a nível mundial reduziu consideravelmente em 48% entre 2000 e 2015.
- a estimativa da mortalidade foi de 839000 em 2000 e de 438000 em 2015.

Para se ter um bom progresso globalmente é necessário reduzir em grande escala a incidência de casos da malária. No entanto, o que dificulta o avanço deste progresso é a existência de um número elevado de pessoas, principalmente na África subsaariana que não recebem os serviços que necessitam.

## 1.2 Malária em Moçambique

Moçambique é um país que está localizado na costa oriental da África austral entre os paralelos  $10^{\circ}27'$  e  $26^{\circ}56'$  latitude sul e os meridianos  $30^{\circ}12'$  e  $40^{\circ}51'$  latitude leste, com população estimada em 22 milhões de habitantes. O País é limitado ao norte pela Tanzânia, ao noroeste pela Zâmbia e Malawi, ao oeste pela Suazilândia e pelo Zimbabwe, ao sul e oeste pela África do sul e a leste pelo canal de Moçambique, (oceano índico). O país é constituído por onze províncias (Niassa, Cabo Delgado, Nampula, Tete, Zambézia, Manica, Sofala, Inhambane, Gaza e Maputo e Maputo cidade, sendo esta a capital), como mostrado na Figura 2.



Figura 2 – Mapa de Moçambique.

Fonte: Google mape, 2016.

No país a malária tem sido uma doença desafiadora e um dos principais problemas para as autoridades da saúde pública e para o desenvolvimento sustentável. A malária é endêmica em todo o país com variação nas zonas hiper-endêmicas ao longo do litoral, zonas meso-endêmicas nas terras planas do interior e em algumas zonas hipoendêmicas nas terras altas do interior. Existem vários fatores que contribuem para a endemicidade: as condições climáticas, visto que, Moçambique é propenso a desastres naturais como secas, ciclones, inundações (que muito contribui para o aumento da malária), locais próprios para a produção do vetor, a situação sócio econômica que está relacionada com a pobreza, habitações inapropriadas e acesso limitado aos meios de prevenção [40], [37].

Os vetores da malária em Moçambique pertencem aos grupos *Anopheles Funestus* e *Gâmbiae*, sendo que cerca de 90% das infecções maláricas são causadas pelo *Plasmodium falsiparum*, visto ser o mais frequente no país, e é a causa da forma mais grave da doença. As infecções por *Plasmodium Malarie* e *Plasmodium Ovale* são observadas em 9% e 1%, respectivamente. Em Moçambique a malária atinge o seu pico em épocas chuvosas, podendo eclodir a epidemia, [38], [40].

Segundo Mabaso [30], a pulverização residual interna em áreas selecionadas no sul do país iniciou em 1946. De 1946-1956 foi aplicado o DDT na parte sul do país em zonas semi-urbanas de Maputo e em 1950 o uso de Benzene Hexacloride (BCH) abrangeu todas as áreas da região sul de Moçambique. Este controle de vetor foi efetuado em épocas

diferentes ao longo das décadas de modo que o uso de DDT foi aplicado em Maputo nos anos de 1960 a 1969 e em 1993 a aplicação destes químicos contra os vetores atingiu as principais cidades e depois em 2000 em regiões do sul do país.

Klobe [25], relata que o uso de DDT no país em 1946, trouxe resultados satisfatórios eliminando diretamente o mosquito e como consequência diminuiu a transmissão da malária.

### 1.2.1 Malária na Província de Sofala

Sofala está localizada na região central do País. Ao leste da província temos o oceano Índico, ao norte e a noroeste o rio Zambeze e as províncias de Tete e Zambézia, respetivamente. Ao sul é separada pelo rio Save da província de Inhambane e ao oeste a província de Manica.

A província de Sofala será a região de nossos estudos. Nos restringimos a esta província, pois, as autoridades nos forneceram os dados da malária, enquanto que para as outras províncias, ou seja, quase todo o país, os dados não são de fácil acesso.

A deficiência do saneamento básico e o difícil acesso as unidades da saúde em Sofala são apontadas como sendo as causas que levam ao acréscimo de casos e de mortalidade pela malária de 2003 para 2004. 336 pessoas morreram de um total de 3000 casos diagnosticados, sendo o distrito de Chibabava um dos mais afetados com taxa de prevalência de 450 por 1000 habitantes, [17].

Com o objetivo de descrever o aumento de casos da malária em Moçambique, recentemente Arroz, [6] realizou um estudo onde constatou que Sofala juntamente com outras três províncias foram consideradas responsáveis por 52,7% de casos de malária no primeiro semestre do ano 2014 e 54,4% de mortes por malária são atribuídas a três províncias incluindo Sofala. Com efeito, as taxas de incidência (2,573/100 habitantes) indicaram um padrão de epidemia em Moçambique em Abril do mesmo ano e Sofala teve assim a 5ª taxa (31%) de prevalência da doença mais elevada do país.

De acordo com [51], de janeiro à setembro deste ano, 2016, Sofala notificou 746 óbitos por malária num total de 480 575 casos diagnosticados nas unidades sanitárias da província, sendo mais afetados crianças menores de 5 anos, mulheres grávidas e idosos. O número de óbitos e de casos diagnosticados subiu este ano, comparativamente a igual período de 2007.

As ações desenvolvidas no âmbito de casos e óbitos por malária em Sofala são<sup>1</sup>:

- campanha de distribuição de redes mosquiteiras no âmbito de acesso universal,

<sup>1</sup> Comunicação pessoal do supervisor do programa de malária da província de Sofala, Custódio Cruz em 13 de Novembro de 2015, recebida por correio eletrónico

- campanha de distribuição de redes mosquiteiras impregnadas com insecticidas de longa duração a mulheres grávidas nas consultas pré-natais,
- campanha de Pulverização intra-domiciliarias,
- campanha de saneamento de meio ambiente e recolha de resíduo sólidos e
- diagnóstico e tratamento precoce da malária.

Essas são as principais atividades para o combate a malária, desenvolvidas na província de Sofala. No entanto, a pesar das medidas de prevenção que vem sendo realizadas em todo o país em geral, Sofala é uma das três províncias do país mais afetada e que muito contribui para o aumento das taxas de incidência, [6]. A principal deficiência no combate à malária assim como a redução das taxas de mortalidade pela doença ao longo dos anos, para além do saneamento, constatam-se o difícil acesso as unidades da saúde pelo fato das distâncias e ainda a chegada tardia às unidades sanitárias.

Por fim, neste Capítulo apresentamos a situação da malária a nível do mundo, de Moçambique e em particular da província de Sofala. No próximo Capítulo vamos apresentar diferentes modelos de doenças cuja compreensão da dinâmica de determinada doença contribui, não só para a modelagem matemática mas também para a saúde pública com medidas preventivas e/ou com ações concretas.

## 2 Modelos Matemáticos

A propagação de doenças pode ser descrita através de modelos matemáticos epidemiológicos. Neste capítulo apresentamos modelos matemáticos epidemiológicos que acontecem na vida dos seres vivos, homens e animais. Tais doenças podem ocorrer por transmissão direta ou indireta. Alguns dos modelos que apresentamos são descritos com dinâmica temporal ou espacial e temporal por meio de equações diferenciais ordinárias e parciais, respectivamente. Os termos de difusão utilizados em alguns modelos deste capítulo retratam o espalhamento geográfico de doença em determinada população ao longo do tempo.

As técnicas utilizadas para encontrar as soluções dos modelos apresentados são, na sua maioria, métodos numéricos, nomeadamente: Método de Elementos Finitos e Método de Crank Nicolson para a discretização espacial e temporal, respectivamente. Tais métodos serão descritos com detalhes no Capítulo 4. Em nosso modelo, também fizemos uso destes métodos para apresentar uma aproximação da solução do modelo que nos proposto.

Na literatura encontramos duas maneiras de modelar transmissão de doenças. Temos as de transmissão direta e aquelas de transmissão indireta. As de transmissão direta são aquelas transmitidas de um indivíduo ao outro através de contato direto entre indivíduos suscetíveis e infectados por contatos de muitos e variados modos. As doenças de transmissão indiretas são as que são transmitidas por vetor, como podemos ver em [3], [56]. Das doenças que são transmitidas por vetor, a dengue e a malária por exemplo são transmitidas através da picada do *Aedes Aegypti* e *Anopheles*, respectivamente.

Os modelos que apresentamos nas subseções seguintes baseiam-se em modelos epidemiológicos clássicos em que as populações são divididas em classes diferentes. Tais modelos são designados modelos clássicos compartimentais e conhecidos como:

- Modelo SI - este divide a população em dois compartimentos de indivíduos: suscetíveis  $S$  e infectados  $I$ . Neste caso, o indivíduo que contrai a doença se não recupera, permanece infectado para o resto da sua vida.
- Modelo SIS - neste a população também é dividida em dois compartimentos, suscetíveis  $S$  e infectados  $I$ . Porém o indivíduo que se recupera da doença não adquire imunidade e volta imediatamente para a classe dos suscetíveis.
- Modelo SIR - este divide a população em três compartimentos de suscetíveis  $S$ , infectados  $I$  e recuperado  $R$ . O indivíduo suscetível que contrai a doença é removido,

isto é, o indivíduo recupera adquirindo imunidade permanecendo nesse compartimento ou então morre.

- Modelo SIRS - de acordo com o modelo SIR, se o indivíduo adquire uma imunidade temporária, irá eventualmente voltar a classe dos suscetíveis.

Para mais detalhes sobre modelos clássicos compartimentais de doenças, vide Edelstein-Keshet, [20], Murray [41], Bassanezi e Ferreira, [8].

## 2.1 Modelos Matemáticos de Doenças

Nesta secção apresentamos alguns modelos matemáticos que descrevem o comportamento de uma determinada doença em uma população através de transmissão direta ou indireta. Nestes modelos que apresentamos, alguns descrevem o espalhamento espacial e temporal dessa doença dada através do termo difusão que representa a dispersão geográfica dos indivíduos envolvidos na população acoplada a possíveis fenômenos de migração.

### 2.1.1 Modelo Simples para Espalhamento Espacial de uma Epidemia

Murray [41], ao estudar modelos de difusão que descrevem espalhamento geográfico de epidemias apresenta uma versão simples de um modelo clássico do tipo  $SI$ , em que assume que a população é dividida em  $S = S(x, t)$ , os suscetíveis e  $I = I(x, t)$  os infectados. As equações que modelam a dispersão espacial de suscetíveis e infectados são dadas pelo seguinte sistema não linear de equações diferenciais parciais:

$$\begin{aligned}\frac{\partial S}{\partial t} &= -rIS + D\nabla^2 S, \\ \frac{\partial I}{\partial t} &= rIS - aI + D\nabla^2 I.\end{aligned}\tag{2.1}$$

$x \in \Omega \subset \mathbb{R}^2$  é o domínio espacial em estudo,  $T$  é o tempo final de análise. Em que  $r$  é o parâmetro de transmissão da doença,  $D$  é o coeficiente de difusão,  $a$  representa a taxa de mortalidade e as variáveis  $S$  e  $I$  representam as populações de suscetíveis e infectados, respectivamente. Neste modelo o autor faz uma análise para verificar a existências de ondas viajantes.

Um modelo epidêmico semelhante do tipo  $SI$  para estudar o espalhamento espacial da raiva epidêmica em raposas é apresentado pelo Murray, e o termo difusivo é utilizado apenas na equação para as raposas infectadas uma vez que, quando a raiva afeta

o cérebro leva as raposas infectadas a expandir seu campo de ação. Este modelo é hoje de valor histórico análogo aos de Skellam [50], Fisher [21], Okubo [43], mais recentemente, Cosner e Cantrell [10].

A dinâmica para a epidemia da raiva em raposas considerando  $S$  é a população de suscetíveis e  $I$  é a população infectados é descrito pelo seguinte sistema de equações:

$$\begin{aligned}\frac{\partial S}{\partial t} &= -rIS \\ \frac{\partial I}{\partial t} &= rIS - aI + D\nabla^2 I\end{aligned}\tag{2.2}$$

na qual os parâmetros  $r$ , e  $a$  são taxas de transmissão da doença e de mortalidade respectivamente e  $D$  é a taxa de difusão para as raposas infectadas pela raiva. Para estudar o espalhamento da doença nessa população o autor analisou a existência de solução do tipo ondas viajantes e calculou os valores limiares.

### 2.1.2 Modelo da Dinâmica do *Aedes Aegypti*

Para analisar a dinâmica da invasão do mosquito *Aedes Aegypti* transmissor da dengue, Maidana [32], estudou um modelo com equação de reação-difusão para a densidade de mosquito na fase alada acoplada ao sistema compartimental da população de mosquito na fase aquática (ovo, larva e pupa). Neste modelo o autor estudou as soluções do tipo onda viajante para determinar a velocidade mínima de propagação ou invasão dessa espécie. As equações que compõem o modelo são dadas por:

$$\begin{aligned}\frac{\partial M}{\partial t} &= D\frac{\partial^2 M}{\partial x^2} - v\frac{\partial M}{\partial x} + \gamma A \left(1 - \frac{M}{k_1}\right) - \mu_1 M, \quad x \in \mathcal{R}, t > 0 \\ \frac{\partial A}{\partial t} &= r \left(1 - \frac{M}{k_2}\right) M - \mu_2 A - \gamma A, \quad x \in \mathcal{R}, t > 0\end{aligned}\tag{2.3}$$

$$\begin{aligned}M(0, x) &= M_0(x), \quad x \in \mathcal{R} \\ A(0, x) &= A_0(x), \quad x \in \mathcal{R}\end{aligned}\tag{2.4}$$

em que  $M$  é a densidade populacional do mosquito na fase alada e  $A$  é a densidade do populacional do mosquito na fase aquática.  $D$  é o coeficiente de difusão,  $v$  é o transporte considerado apenas na fase alada, os parâmetros  $\mu_1$  e  $\mu_2$  são as taxas de mortalidades do mosquito na fase alada e na fase aquática,  $k_1$  e  $k_2$  são as capacidades de suporte para as populações nas fases aladas e aquáticas, respectivamente, e  $\gamma$  é a taxa de passagem entre as fases e  $r$  é a taxa de oviposição.

### 2.1.3 Modelo para Espalhamento da Dengue (Takata)

Gomes [22], apresenta diversos modelos para estudar o espalhamento da dengue. Um dos seus objetivos era obter simulações do espalhamento da doença na região sul da cidade de Campinas. Este modelo compartimental SIR foi descrito através das equações diferenciais parciais com difusão e alguns dos parâmetros do modelo são considerados incertos devido ao comportamento da população de mosquitos. Para a determinação de tais parâmetros foi utilizado um sistema baseado em regras fuzzy. Os compartimentos são dados por:  $A(x, y, t)$ ,  $M_S(x, y, t)$  e  $M_I(x, y, t)$  que representam mosquitos na fase aquática, suscetíveis e infectados na fase alada e  $S(x, y, t)$ ,  $I(x, y, t)$  e  $R(x, y, t)$  que são a população humana subdividida em suscetíveis, infectados e recuperados, respectivamente. As taxas de passagem de humanos suscetíveis para infectados e de mosquitos suscetíveis para infectados são dadas por  $\beta_2 SM_I$  e  $\beta_1 M_S I$ ,  $\alpha_H$  e  $\alpha_M$  são as taxas de difusão para as populações de humanos e mosquitos, respectivamente e  $\sigma$  é a taxa de recuperação de humanos. Para os mosquitos foi considerado a dinâmica vital com a taxa de nascimento específica Malthusiana de mosquitos dado por  $k$ , pelo fato do estudo ser realizado num período relativamente curto de tempo, e as taxas de mortalidades de mosquitos aquáticos, infectados e suscetíveis são  $\mu_A$ ,  $\mu_S$  e  $\mu_I$ ; e  $\gamma$  é a taxa pela qual o mosquito na fase aquática se torna mosquito adulto, supondo que o mosquito nasça suscetível.

As equações que descrevem este modelo são dadas pelo seguinte sistema:

$$\begin{aligned}
 \frac{\partial M_S}{\partial t} - \operatorname{div}(\alpha_M \nabla M_S) &= \gamma A - \mu_S M_S - \beta_1 I M_S, \\
 \frac{\partial M_I}{\partial t} - \operatorname{div}(\alpha_M \nabla M_I) &= \beta_1 I M_S - \mu_I M_I, \\
 \frac{\partial A}{\partial t} &= k M - \gamma A - \mu_A A, \\
 \frac{\partial S}{\partial t} - \operatorname{div}(\alpha_H \nabla S) &= -\beta_2 S M_I, \\
 \frac{\partial I}{\partial t} - \operatorname{div}(\alpha_H \nabla I) &= \beta_2 S M_I - \sigma I \quad e \\
 \frac{\partial R}{\partial t} - \operatorname{div}(\alpha_H \nabla R) &= \sigma I,
 \end{aligned} \tag{2.5}$$

com as seguintes condições iniciais:

$$\begin{aligned}
M_S(x, y, 0) &= M_{S_0}(x, y), \\
M_I(x, y, 0) &= M_{I_0}(x, y), \\
A(x, y, 0) &= A_0(x, y), \\
S(x, y, 0) &= S_0(x, y), \\
I(x, y, 0) &= I_0(x, y), \\
R(x, y, 0) &= R_0(x, y),
\end{aligned} \tag{2.6}$$

e

$$\frac{\partial M}{\partial \eta} \Big|_{\tau} = 0, \quad \frac{\partial S}{\partial \eta} \Big|_{\tau} = 0, \quad \frac{\partial I}{\partial \eta} \Big|_{\tau} = 0 \quad e \quad \frac{\partial R}{\partial \eta} \Big|_{\tau} = 0, \tag{2.7}$$

que são as condições de contorno de Von Neumann homogêneas em todo o contorno  $\tau$ .

#### 2.1.4 Modelo para Espalhamento da Dengue (Silveira)

Como Gomes [22], no estudo do espalhamento da dengue, Silveira [49], utilizou um modelo compartimental do tipo SIR, que envolve as populações de mosquito e de habitantes humanos para estudar e analisar o espalhamento espacial e temporal da dengue na região sul da cidade de Campinas. Na população de mosquito foram consideradas as subpopulações aquática (ovo, larva e pupa) e alada (mosquitos suscetíveis e infectados), com densidades denotadas, respectivamente por  $A(x, y, t)$ ,  $M_S(x, y, t)$  e  $M_I(x, y, t)$ , e a população humana foi dividida em Suscetíveis, Infectados e Recuperados e suas densidades  $S(x, y, t)$ ,  $I(x, y, t)$  e  $R(x, y, t)$ . As taxas  $\alpha_H$  e  $\alpha_M$  representam dispersão geográfica de pessoas e de mosquitos, para esta última,  $V$  é a advecção causada pelo vento, a taxa de transformação da fase aquática em fêmeas aladas é dado por  $\gamma$ , e  $\mu_S$ ,  $\mu_I$  e  $\mu_A$  são as taxas de mortalidades para mosquitos suscetíveis, infectados e na fase aquática,  $k$  é a taxa de eclosão de ovos com capacidade de suporte,  $k_2$  e  $k_1$  representa a capacidade de suporte dos mosquitos na fase alada;  $\beta_1$  e  $\beta_2$  são as taxas de contacto entre pessoas infectadas e mosquitos suscetíveis e pessoas suscetíveis e mosquitos infectados respectivamente e  $\sigma$  é a taxa de recuperação de humanos e com  $(x, y) \in \Omega \subset \mathbb{R}^2$  e  $J = (0, T]$ . O modelo proposto é descrito pelas seguintes equações:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial M_S}{\partial t} &= \operatorname{div}(\alpha_M \nabla M_S) + V \cdot \nabla M_S + \gamma A \left(1 - \frac{M}{k_1}\right) - \mu_S M_S - \beta_1 I M_S, \\
\frac{\partial M_I}{\partial t} &= \operatorname{div}(\alpha_M \nabla M_I) + V \cdot \nabla M_I + \beta_1 I M_S - \mu_I M_I, \\
\frac{\partial A}{\partial t} &= k \left(1 - \frac{A}{k_2}\right) M - \gamma A - \mu_A A, \\
\frac{\partial S}{\partial t} &= \operatorname{div}(\alpha_H \nabla S) - \beta_2 S M_I, \\
\frac{\partial I}{\partial t} &= \operatorname{div}(\alpha_H \nabla I) + \beta_2 S M_I - \sigma I \quad e \\
\frac{\partial R}{\partial t} &= \operatorname{div}(\alpha_H \nabla R) + \sigma I.
\end{aligned} \tag{2.8}$$

com condições iniciais dadas por:

$$\begin{aligned}
M_S(x, y, 0) &= M_{S_0}(x, y) \\
M_I(x, y, 0) &= M_{I_0}(x, y) \\
A(x, y, 0) &= A_0(x, y) \\
S(x, y, 0) &= S_0(x, y) \\
I(x, y, 0) &= I_0(x, y) \\
R(x, y, 0) &= R_0(x, y)
\end{aligned} \tag{2.9}$$

e as condições de contornos são de Von Neumann nulas para todas as variáveis representando o contorno assintomático, onde o que entra é igual ao que sai.

Em ambos modelos (2.5) e (2.8) sobre a dengue foram utilizados equações diferenciais parciais para compor o modelo e diferem nos seguintes aspectos: No modelo (2.5), a autora utilizou o Sistema baseado em Regras Fuzzy para determinar alguns parâmetros apresentados no modelo, considerando tais parâmetros como incertos. A taxa intrínseca de nascimento de mosquito era um parâmetro determinístico e o crescimento foi pelo modelo de Malthus.

Para aproximar a solução foi utilizado o método de Elementos Finitos para a discretização espacial e Crank-Nicolson para a discretização temporal, enquanto que no modelo (2.8), a autora incorpora a lógica Fuzzy para estimar parâmetros incertos, relacionados ao comportamento do *Aedes aegypti* que depende de chuva e da distribuição de criadouros; a variável da quantidade de chuva, tem dependência estocástica nos valores

amostrados e por esse fato optou pelo Método Cadeia de Markov (de ordem 2), a taxa intrínseca do nascimento do mosquito é verhulstiana e para a implementação do modelo, a autora utilizou o método Explícito Híbrido, para a discretização espacial, constituído pelos métodos WENO-5 (Esquemas Essencialmente Não Oscilatórios Ponderados, de ordem 5) para as regiões não suaves do mapa (domínio), EDFC-4 (Esquemas de Diferenças Finitas Centrado, de ordem 4) para as regiões suaves.

Um esquema lifting foi elaborado para definir suavidade ou não na região, de maneira que seja feita a escolha do método mais adequado. Para a evolução temporal será utilizado um método Runge-Kutta TVD (Variação Total Decrescente) de terceira ordem.

### 2.1.5 Modelo Alternativo da Malária

O modelo (2.10) apresentado por Macufa e Bassanezi (2011) é um modelo compartimental do tipo SIRS, alternativo aos modelos de malária estudados por Bailey, apresentado [31] que considera a interação de duas populações interagindo entre si, população de hospedeiros humanos e de mosquitos. Como em seu trabalho Bailey se limitou apenas à análise qualitativa dos modelos, o objetivo do modelo Alternativo era tornar mais simples os modelos de malária apresentados por Bailey, eliminando assim as equações que descrevem a dinâmica da população de mosquitos, considerando que a densidade de mosquitos é diretamente proporcional à densidade de humanos infecciosos, devido à complexidade dos parâmetros. Sendo assim, a população de humanos é dividida em:  $S$  é população de suscetíveis,  $I$  é população de infectados e  $R$  é população de recuperados.

O modelo é descrito utilizando equações diferenciais ordinária não lineares:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI + pR, \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - pR. \end{cases} \quad e \quad (2.10)$$

Em (2.10) o parâmetro  $\beta$  é a taxa com a qual os suscetíveis se infectam,  $\gamma$  é a taxa de recuperação dos infectados e  $p$  a dos que voltam ser suscetíveis. Para análise do modelo foram feitos estudos qualitativo e simulações numéricas, com as seguintes condições iniciais  $S(0) = S^{(0)}$ ,  $I(0) = I^{(0)}$  e  $R(0) = 0$ .

### 2.1.6 Modelo Matemático Sazonal para a Malária

Wize et al., [55], apresentam um modelo matemático sazonal para a malária que descreve a dinâmica do processo infeccioso da malária na região da amazônia em que considera a variação sazonal da densidade de mosquito, as equações que descrevem o modelo são dadas pelo sistema a seguir:

$$\begin{aligned}
\frac{dH_s(t)}{dt} &= \mu H(t) - abV_i(t) \frac{H_s(t)}{H(t)} - \mu H_s(t) + \sum_{j=1}^n (\phi p_j) H_i(t) \\
\frac{dH_e(t)}{dt} &= abV_i(t) \frac{H_s(t)}{H(t)} - \mu H_e(t) - \eta H_e(t) \\
\frac{dH_i(t)}{dt} &= \eta H_e(t) - \mu H_i(t) - \sum_{j=1}^n (\phi p_j) H_i(t) \\
\frac{dV_s(t)}{dt} &= \varepsilon(t)V(t) - \frac{(\varepsilon(t) - \delta_1)}{k(t)} V_s(t)V(t) - acV_s(t) \frac{H_i(t)}{H(t)} - (\delta_1 + \delta_2)V_s(t) \\
\frac{dV_e(t)}{dt} &= acV_s(t) \frac{H_i(t)}{H(t)} - \frac{(\varepsilon(t) - \delta_1)}{k(t)} V_e(t)V(t) - (\delta_1 + \delta_2)V_e(t) - \alpha V_e(t) \\
\frac{dV_i(t)}{dt} &= \alpha V_e(t) - \frac{(\varepsilon(t) - \delta_1)}{k(t)} V_i(t)V(t) - (\delta_1 + \delta_2)V_i(t).
\end{aligned} \tag{2.11}$$

com  $H = H_s + H_e + H_i$  - humanos de tamanho constante e  $V = V_s + V_e + V_i$  mosquitos variável cujas variáveis de estado para humanos e mosquitos são dadas por: suscetíveis ( $H_s + V_s$ ), expostos ( $H_e + V_e$ ) e infecciosos ( $H_i + V_i$ ). No modelo é considerado que a doença não confere nenhuma imunidade devido a reincidência da doença. Onde  $\mu$  é a taxa de natalidade e mortalidade para humanos por u.t., que neste modelo são idênticas pela hipótese da população humana ser constante e as taxas de migração não foram consideradas;  $a$  é o número de picadas em humanos por mosquito por u.t.;  $b$  é a probabilidade de que um humano suscetível picado por um mosquito infeccioso desenvolva a infecção;  $c$  é a probabilidade de que um mosquito suscetível desenvolva a infecção ao picar um humano infeccioso;  $\eta$  e  $\alpha$  são as taxas de transição do compartimento dos expostos para o compartimento dos infecciosos para humanos e mosquitos por u.t., respectivamente;  $p_j$  é a proporção da população infectada submetida ao tratamento  $j$ , onde  $\sum_{j=1}^n p_j = 1$ ;  $\phi_j$  são as taxas de recuperação para  $p_j$  por u.t.;  $\eta(t)$  é uma função continuamente diferenciável que varia no intervalo  $[\eta_{min}, \eta_{max}]$  e representa a taxa de recrutamento de fêmeas para a classe adulta no tempo  $t$ ;  $k(t)$  é uma função continuamente diferenciável variando no intervalo  $[k_{min}, k_{max}]$  que representa a capacidade suporte no tempo  $t$ ;  $\delta_1$  é a taxa de mortalidade dos mosquitos dependente da densidade por u.t. e  $\delta_2$  é a taxa de mortalidade

dos mosquitos independente da densidade por u.t..

As equações que descrevem o comportamento das populações totais de humanos são

$$\begin{cases} \frac{H(t)}{dt} = 0 \\ \frac{V}{dt} = (\eta(t) - \delta_1 - \delta_2)V(t) - \frac{(\eta(t) - \delta_1)}{k(t)} \end{cases} \quad (2.12)$$

e para a obter uma solução aproximada do modelo proposto foi utilizado o método de diferenças finitas Runge–Kutta de quarta ordem.

### 2.1.7 Modelo Matemático para o espalhamento do Mal das Cadeiras em Capivaras

Pregnotatto [45], propôs dois modelos recorrendo a instrumentos numéricos para, a partir de algumas hipóteses, avaliar o mal-de-cadeiras em população endêmica das capivaras. No primeiro modelo considerou apenas a população de capivaras que foi subdividida em  $S(t)$  é a população de capivaras suscetíveis,  $I(t)$  é a população de capivaras infectadas e  $M(t)$  são as capivaras mortas que é um modelo do tipo SIR ao qual chamou de SIM. A taxa de contágio foi suposta invariante, descrita por uma senoidal que retrata a variação periódica sazonal, representando a variação do efeito de insetos transmissores em termos de contágio. No segundo modelo proposto, o autor não só considerou a população de capivaras (SIM) como também incluiu a população de vetores transmissores que subdividiu em  $N(t)$  são vetores não portadores e  $P(t)$  vetores portadores, com as suas respectivas dinâmicas populacionais, descartando assim a função senoidal utilizada no primeiro modelo.

As equações que descrevem o segundo modelo são dadas no seguinte sistema:

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} - \alpha_S \Delta S + \text{div}(V \cdot S) + \sigma_S S = \lambda_S \left(1 - \frac{S + I}{K_1}\right) - \beta_1 SP, \\ \frac{\partial I}{\partial t} - \alpha_I \Delta I + \sigma_I I = \beta_1 SP - \gamma I, \\ \frac{\partial M}{\partial t} = \gamma I, \\ \frac{\partial N}{\partial t} - \alpha_N \Delta N + \text{div}(W \cdot N) + \sigma_N N = \lambda_N \left(1 - \frac{N + P}{K_2}\right) - \beta_2 NI \quad e \\ \frac{\partial P}{\partial t} - \alpha_N \Delta P + \text{div}(W \cdot P) \Delta I + \sigma_N P = \beta_2 NI. \end{cases} \quad (2.13)$$

em que  $\alpha_S$ ,  $\alpha_I$  e  $\alpha_N$  são os parâmetros de dispersão populacional para as capivaras sadias e infectadas e insetos,  $V$  e  $W$  são vetores direção para possíveis processos de migração de populações de capivaras e insetos. As taxas de infecção para as capivaras assim como para os insetos quando se encontram espécies distintas não infectadas com as infectadas

são dadas por  $\beta_1$  e  $\beta_2$  e  $K_1$  e  $K_2$  são as capacidades de suporte para capivaras e insetos, respectivamente.

Com o modelo (2.13) temos as condições iniciais e condições de contorno que são do tipo misto: Dirichlet e Von Neumann homogêneas.

### 2.1.8 Modelo da Dinâmica interativa da Mosca-dos-Chifres na Presença de um Predador

Koga et al (2011) [27], propuseram um modelo do tipo Lotka-Volterra para analisar a dinâmica populacional entre três espécies: o gado de elevação agroindustrial, a mosca-dos-chifres e os besouros coprófagos representados por  $R = R(x, y, t)$ ,  $M = M(x, y, t)$  e  $B = B(x, y, t)$ , respectivamente e utilizando equações diferenciais parciais não lineares na expressão do modelo matemático envolvendo as três espécies de animais. As equações que descrevem o modelo são dadas pelo seguinte sistema:

$$\begin{cases} \frac{\partial R}{\partial t} = \lambda R - \mu_A R - \mu_{RM} R M, \\ \frac{\partial M}{\partial t} - \alpha_M \Delta M + \vec{V} \nabla M = \lambda_M \left(1 - \frac{M}{\rho R}\right) - \mu_{MB} + \mu_{MR} M R \quad e \\ \frac{\partial B}{\partial t} \alpha_B = \lambda_B B \left(1 - \frac{B}{K_B}\right) \mu_{RB} R B. \end{cases} \quad (2.14)$$

sendo que os coeficientes de difusão são dados por  $\alpha_M$  e  $\alpha_B$ ,  $V = (u, v)$  é o campo de velocidade com  $div(V) = 0$  relativo ao processo migratório da mosca;  $\lambda_R$ ,  $\lambda_M$  e  $\lambda_B$  são os coeficientes de reprodução populacional,  $k_M$  e  $k_B$  são as capacidades de suporte de M e B,  $\mu_A$  é a taxa de abate de reses e  $\mu_{RM}$ ,  $\mu_{MB}$ ,  $\mu_{MR}$  e  $\mu_{RB}$  são coeficientes das interações entre as espécies.

As condições iniciais e de fronteiras para  $\partial = \Gamma_0 \cup \Gamma_1$  são dadas por:

$$R(x, y, 0) = R_0(x, y), \quad M(x, y, 0) = M_0(x, y) \quad e \quad B(x, y, 0) = B_0(x, y) \quad (2.15)$$

$$\frac{\partial R}{\partial \eta} \Big|_{\Omega} = 0, \quad -\alpha_M \frac{\partial M}{\partial \eta} \Big|_{\Gamma_1} = k_1 M, \quad -\alpha_M \frac{\partial M}{\partial \eta} \Big|_{\Gamma_0} = k_0 M, \quad \frac{\partial B}{\partial \eta} \Big|_{\Gamma_0} = 0 \quad e \quad \frac{\partial B}{\partial \eta} \Big|_{\Gamma_1} = k_B B, \quad (2.16)$$

para reses, mosca e besouro, respectivamente. Finalmente para a aproximação da solução foi utilizado o método de diferenças finitas.

Muitos outros modelos, que não apresentamos aqui, por exemplo os trabalhos de [18] e [36], podemos encontrar em várias dissertações e teses estudadas no Instituto de

Matemática, Estatística e Computação Científica-IMECC, cujos objetivos são os de analisar o impacto que os fenômenos causam para a natureza, bem sejam sobre a epidemiologia ou sobre a poluição no ambiente.

O intuito na apresentação dos estudos descritos anteriormente é o de identificar, por um lado a variedade de fenômenos envolvidos em cada um, o que leva a sistemas com significativas diferenças - mesmo com certas semelhanças. Por outro lado, a apresentação evidencia diferentes tratamentos nos parâmetros, em seus respectivos comportamentos além de aproximação numérica das soluções dos sistemas descritos. Este esforço computacional permite uma observação dos comportamentos espaço-temporais das soluções, validando cada modelagem proposta.

Em termos de referência bibliográfica vale destacar o excelente trabalho de Cantrell e Cosner não apenas numa longa publicação mas também no trabalho referenciado em [10].

Neste Capítulo fizemos uma breve revisão bibliográfica de modelos com difusão e apresentamos diversos modelos com espalhamento geográfico de doenças. O próximo Capítulo será dedicado a descrição do modelo que nos propusemos a estudar que é o objetivo deste trabalho.

## 3 Modelo Escolhido Para a Malária

No capítulo anterior fizemos uma breve apresentação de alguns modelos matemáticos com e sem difusão que estudam evolução temporal e espacial de doenças. Tais modelos seguem uma linha de estudo e análise já consagrada como descrevem, por exemplo, trabalhos de Segel, L [48]; Edelstein-Keshet [20], entre tantos outros. Sendo assim, este capítulo destina-se então à apresentação da nossa proposta de modelagem para estudar a malária com espalhamento evolutivo e geográfico em uma determinada região, à determinação dos pontos de equilíbrio e à respectiva análise de estabilidade do sistema homogêneo e à formulação variacional do problema.

A malária é endêmica em praticamente todo o país de Moçambique, como vimos no Capítulo 1. No entanto, pretendemos estudar malária com espalhamento geográfico, num domínio específico, com aplicação (ou estudo de caso) a província de Sofala, uma província a qual foi possível obter mais informações. Isto para analisar e perceber como o vetor se difunde na região e, a partir daí, simular e estudar o efeito de políticas públicas destinadas a melhor controlar o mosquito causador deste mal e consequentemente reduzir os índices de contaminação dessa doença.

Embora a modelagem se baseia numa epidemia como a malária, pode prestar-se a outros males em que está presente um vetor endêmico na região.

Por esta ótica, e mesmo com o foco na malária, esta modelagem e o algoritmo computacional desenvolvidos visam, sobretudo estudar, compreender e simular possíveis ações antrópicas de contenção da doença pelo combate ao vetor ou redução de seu efeito. A bibliografia específica aponta, inclusive, para uma distribuição, por exemplo, de mosquiteiros, bem como o combate ao inseto com o uso de inseticidas específicos, conforme comentado em [42], [39] e [52].

O interesse desse estudo é motivado por todos os malefícios que a malária causa em Moçambique e outros países em termos sociais, econômicos e geopolíticos.

### 3.1 Descrição do Modelo Matemático

A seguir, apresentamos a proposta do modelo com evolução utilizando um sistema de equações diferenciais parciais não lineares que modelam difusão e advecção ou transporte, na qual descrevemos a situação da malária com espalhamento geográfico. Neste modelo temos duas populações que interagem entre si: A população humana e a de mosquito.

No Capítulo 2 apresentamos o modelo Alternativo para a malária, dado pelo

sistema (2.10) [31], que teve seu início nos estudos de Bailey [7]. Com o intuito de analisar o espalhamento da malária em uma região, incluímos alguns aspectos distintos dos de (2.10) que são: estudo espacial e temporal da doença, que permite analisar a evolução das dinâmicas populacionais inter e intra específica, controle do vetor através da taxa de mortalidade induzida e ainda a dinâmica vital, isto é, natalidade e mortalidade de indivíduos para ambas as populações tanto de humanos como de mosquitos.

As equações que vamos utilizar para compor o nosso modelo, em geral são da seguinte forma:

$$\frac{\partial U}{\partial t} - \underbrace{\alpha \Delta U}_{\text{termo difusivo}} + \underbrace{\nabla \nabla U}_{\text{termo advectivo}} - \underbrace{\mu U}_{\text{mortalidade}} = \underbrace{\lambda f}_{\text{termo fonte}} \quad (3.1)$$

em que,

- $U$  é função (e variável dependente) de  $(x,y)$  e de  $t$ .
- $\alpha$  é a taxa de difusão que implica espalhamento, no nosso caso do vírus através das pessoas e mosquitos.
- $\nabla$  representa possíveis tendências migratórias para as populações humanas ou para os mosquitos. Para os humanos, estes processos se relacionam a motivos ora econômicos ora sociais.
- $\mu$  é a taxa da mortalidade dos indivíduos envolvidos no modelo.
- $\lambda$  é a taxa intrínseca de crescimento das populações.
- $f$  é a fonte na qual será dado no modelo a seguir, através do modelo logístico para as duas populações.

Equações semelhantes a (3.1) que podem ser utilizadas para fenômenos dispersão-migração ou difusão-advectação são encontradas hoje em dia em muitos modelos matemáticos como podemos ver em [3] e em alguns modelos apresentados no Capítulo 2.

O modelo escolhido para descrever a dinâmica de transmissão da malária em uma população, é o modelo clássico do tipo *SIRS* cujo diagrama compartimental é dado no diagrama a seguir.

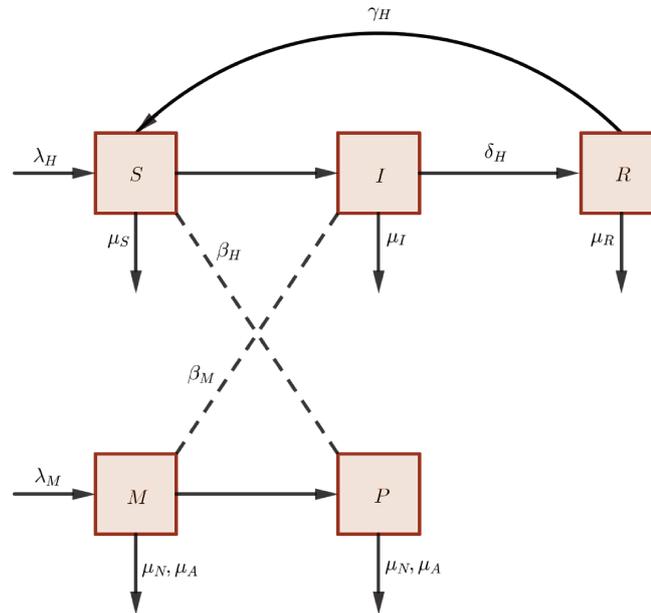


Figura 3 – Diagrama compartimental do modelo.

A Figura 3 representa o modelo compartimental do tipo SIRS. A população de seres humanos é dividida em (S) é a população de suscetíveis, (I) é a população de infectados e (R) é a população de recuperados e a população de mosquitos em (M) é a população de mosquitos não portadores e (P) é a população de mosquitos portadores. Quando um indivíduo suscetível é picado por um mosquito portador passa a classe dos infectados com taxa  $\beta_H$  e quando o mosquito não portador pica um indivíduo infectado passa a classe dos portadores com a taxa  $\beta_M$ . O indivíduo que contrai a doença pode ser recuperado após o tratamento com taxa  $\delta_H$  ou então morre com taxa  $\mu_I$  e quando o indivíduo recuperado perde a imunidade, ele volta para a classe dos suscetíveis, enquanto que o mosquito portador permanece assim para o resto da sua vida e morre com taxa  $\mu_N$  que é a mortalidade natural do mosquito, ou morre com taxa  $\mu_A$  que é a mortalidade induzida antropicamente, isto é, através da ação humana.

Sendo assim, o modelo recorre às seguintes equações diferenciais parciais não lineares, para  $(x, y) \in \Omega \subset \mathbb{R}^2$ , o domínio espacial, e  $t \in J = (0, T_f]$ , o domínio temporal em que  $T_f$  é o tempo final:

para  $S = S(x, y, t)$ ,  $I = I(x, y, t)$ ,  $R = R(x, y, t)$ ,  $M = M(x, y, t)$  e  $P = P(x, y, t)$

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial S}{\partial t} - \alpha_S \Delta S + \mathbb{V}_S \cdot \nabla S + \mu_S S = \lambda_H (S + I + R) \left( 1 - \frac{S + I + R}{K} \right) - \beta_H S P + \gamma_H R, \\ \frac{\partial I}{\partial t} - \alpha_I \Delta I + \mathbb{V}_I \cdot \nabla I + \mu_I I = \beta_H S P - \delta_H I, \\ \frac{\partial R}{\partial t} - \alpha_R \Delta R + \mathbb{V}_R \cdot \nabla R + \mu_R R = \delta_H I - \gamma_H R, \\ \frac{\partial M}{\partial t} - \alpha_M \Delta M + \mathbb{W}_M \cdot \nabla M + (\mu_N + \mu_A) M = \lambda_M (M + P) \left( 1 - \frac{M + P}{L} \right) - \beta_M M I \quad e \\ \frac{\partial P}{\partial t} - \alpha_P \Delta P + \mathbb{W}_P \cdot \nabla P + (\mu_N + \mu_A) P = \beta_M M I. \end{array} \right. \quad (3.2)$$

em que:

- $\alpha_S$  é a taxa da dispersão da população de humanos suscetíveis;
- $\alpha_I$  é a taxa da dispersão da população de indivíduos infectados;
- $\alpha_R$  é a taxa da dispersão da população de recuperados;
- $\alpha_M$  é a taxa da dispersão da população de mosquitos não portadores;
- $\alpha_P$  é a taxa da dispersão da população de mosquitos portadores;
- $\mathbb{V}_S$  é um vetor que representa possível movimento migratório na população humana suscetível;
- $\mathbb{V}_I$  é um vetor que descreve migração para a população de infectados;
- $\mathbb{V}_R$ , é um vetor que representa a citada migração da população de recuperados;
- $\mathbb{W}_M$  é um vetor que representa o transporte advectivo ou processo migratório da população de mosquitos não portadores, enquanto que
- $\mathbb{W}_P$  é um vetor que representa o transporte advectivo ou processo migratório da população de mosquitos portadores, idêntico a  $\mathbb{W}_M$ ;
- $\lambda_H$  é a taxa intrínseca de crescimento da população humana de suscetíveis;
- $\lambda_M$  é a taxa intrínseca de crescimento da população de mosquitos;

- $\gamma_H$  é a taxa com a qual a população de recuperados volta a serem suscetíveis;
- $\mu_S$  é a taxa na qual a população de indivíduos suscetíveis morrem naturalmente;
- $\mu_I$  é a taxa na qual a população de indivíduos infectados morrem pela doença;
- $\mu_R$  é a taxa na qual a população de indivíduos recuperados morrem naturalmente;
- $\mu_N$  é a taxa na qual a população de mosquito morrem naturalmente;
- $\mu_A$  é a taxa na qual a população de mosquito morrem pela ação humana;
- $\delta_H$  é a taxa com a qual a população de indivíduos infectados se recuperam da doença;
- $\beta_H$  é a taxa com que os suscetíveis contraem a doença ao serem picados por mosquitos infectados;
- $\beta_M$  é a taxa com que os mosquitos não portadores contraem o vírus ao picarem indivíduos infectados;
- $K$  é a capacidade de suporte para a população humana; e
- $L$  é a capacidade de suporte para a população de mosquitos.

Neste modelo utilizamos o crescimento logístico para as populações de humanos e de mosquitos, de modo análogo em [29] considera em humanos o mesmo tipo de crescimento e diferentemente de [12] que em seu modelo utiliza o crescimento malthusiano. Para as populações de humanos assim como de mosquitos supomos que competem por uma quantidade limitada de recursos e, além disso, consideramos que nascidos de humanos infectados ou não, nascem suscetíveis e que a prole de um mosquito sempre nasce não portadora do vírus. Para a população humana consideramos diferentes taxas de mortalidades para suscetíveis, infectados e recuperados ( $\mu_S, \mu_I$  e  $\mu_R$ ). Para a população de mosquitos temos as mortalidades natural e aquela causada pela ação antrópica ( $\mu_N$  e  $\mu_A$ ). Os termos de difusão para cada população representam a dispersão e os termos advecção representam viagens para a população humana inclusive de infectados e migração para os mosquitos que pode ser influenciada pelos ventos [24], ou ainda o mosquito pode migrar à procura de lugares adequados para oviposição e também para procurar o sangue humano para a sua alimentação quando trata-se da fêmea *Anopheles* [5], uma vez que o macho se alimenta da seiva das plantas.

Neste trabalho a opção foi por uma dinâmica de Verhulst, embora, dados os períodos dos tempos nos ensaios, poderia ter sido feita uma opção por Malthus, bem mais simples - e linear. No entanto, caso haja a necessidade e a possibilidade seria um desafio bem mais longos e, nesses casos, ter um algoritmo com Verhulst será bastante útil.

No modelo proposto, vamos variar o parâmetro  $\lambda_M$ , que é a taxa intrínseca do nascimento do mosquito, já que a densidade do mosquito varia sazonalmente. De acordo com os autores em [2], o efeito sazonal influencia na distribuição espacial da incidência da malária, segundo um estudo feito em crianças menores de 10 anos, estes constataram que a transmissão da malária é alta em estação chuvosa, mas o padrão espacial da incidência da doença independe das condições climáticas sazonais. Em um outro estudo os autores em [55] descreveram modelo para a malária incluindo os fatores sazonais que afetam o desenvolvimento do vetor e influenciam na propagação desta doença. Deste modo, a taxa intrínseca da reprodução de mosquito que propomos, poderá ser descrita de seguinte forma:

$$\lambda_M = \lambda_M(t) = \lambda_0 + \omega \text{sen} \left( t \frac{\pi}{180} \right) \quad (3.3)$$

em que,  $\lambda_M$  varia de acordo com o tempo,  $\lambda_0$  é a taxa média da natalidade e  $\omega$  é a amplitude da variação desta taxa em torno de  $\lambda_0$  conforme a estação do ano. A justificativa da escolha da equação (3.3) para determinar o parâmetro  $\lambda_M$  se deve a 2 aspetos: o primeiro relacionado a variabilidade sazonal das condições adequadas à reprodução de mosquitos e a segunda ao fato de se usar com frequência e com relativa confiança a senoidal na descrição das condições apontadas: acima tempo de chuvas e tempo de seca ciclicamente alternados ao longo dos anos. A nossa opção foi a de usar uma função periódica comum às variações meteorológicas ajustadas por um parâmetro obtidos via Quadrados Mínimos. No Capítulo 5 fizemos a descrição deste parâmetro.

De acordo com [5] existem fatores heterogêneos na dinâmica da transmissão da malária tanto pelas picadas pelo vetor quanto como por parte do hospedeiro. No entanto neste modelo não levamos em conta este tipo de heterogeneidade. Outra característica é o de considerar imunidade temporária (modelos SIRS, *cf* Bailey), diferentemente de [55] cuja modelagem desconsidera este aspeto preferindo trabalhar com modelos do tipo SIS.

As condições iniciais são dadas por:

$$\begin{aligned} S(x, y, 0) &= S^{(0)}(x, y), \\ I(x, y, 0) &= I^{(0)}(x, y), \\ R(x, y, 0) &= R^{(0)}(x, y), \\ M(x, y, 0) &= M^{(0)}(x, y) \quad e \\ P(x, y, 0) &= P^{(0)}(x, y). \end{aligned} \quad (3.4)$$

As condições de contorno que adotamos para este modelo, são do tipo Neumann homogêneo (*cf* Lou e Zhao, 2011), [29], dadas por:

$$\frac{\partial S}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = \frac{\partial I}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = \frac{\partial R}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = \frac{\partial M}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = \frac{\partial P}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = 0 \quad (3.5)$$

em que  $\frac{\partial S}{\partial \eta}$  é a derivada normal exterior a fronteira,  $\partial\Omega$ , para população de suscetíveis, assim como para as restantes variáveis dependentes.

Para exemplificar a ação do modelo e das aproximações do nosso estudo vamos fazer a discretização de uma das regiões do centro do país, a província de Sofala, que é o domínio do estudo.

Colocamos as condições de contorno de Von Neumann homogênea em todo o contorno do mapa da província de Sofala.

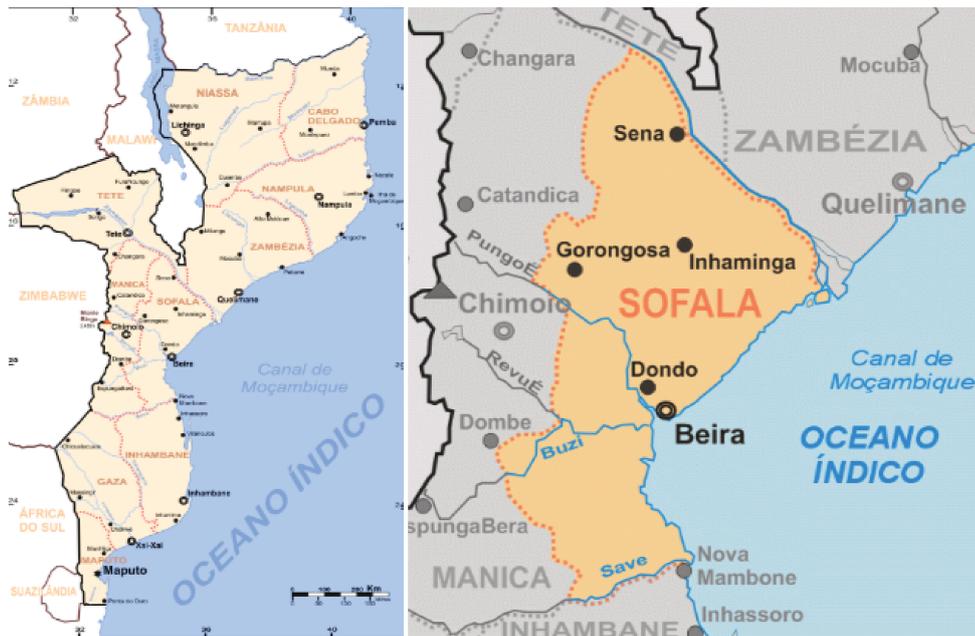


Figura 4 – Mapa da província de Sofala.

Na Figura 4 temos ao leste da província o oceano Índico, onde consideramos que não há passagem de ambas as populações. Na divisa da província de Sofala com outras províncias, isto é, ao norte e a noroeste temos o rio Zambeze e as províncias de Tete e Zambézia. A sul Sofala é separada da província de Inhambane pelo rio Save enquanto que a oeste, Sofala está ligada à província de Manica, que também são províncias em que a malária é endêmica, sendo assim, a população no contorno não varia e, portanto, a derivada direcional é igual a zero. Então o modelo que vamos estudar é constituído pelas equações (3.2), (3.3), (3.4) e (3.5).

Salientamos que, o modelo escolhido para estudar malária com espalhamento geográfico na província de Sofala - Moçambique que estamos propondo, é um modelo geral que tanto pode ser aplicado a outras regiões como a outros tipos de doenças que são transmitidas através de um vetor endêmico.

Sabemos da literatura que ainda não dispomos de ferramentas analíticas para a resolução de problemas descritos na formulação clássica, daí que vamos, nas próximas,

seções recorrer ao estudo e análise da estabilidade dos pontos de equilíbrio e à formulação variacional.

## 3.2 Análise de Estabilidade dos Pontos de Equilíbrio

Segundo [20], modelos com equações diferenciais parciais acopladas e não lineares, como é no nosso caso, tem uma particularidade, não podem ser resolvidos completamente utilizando técnicas analíticas. Portanto, nesta seção vamos analisar a dinâmica espacialmente homogênea dado pelo sistema de equações diferenciais ordinárias (3.6), para estudar a estabilidade local dos pontos de equilíbrio. Seja o sistema

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \lambda_H (S + I + R) \left( 1 - \frac{S + I + R}{K} \right) - \beta_H SP + \gamma_H R - \mu_S S, \\ \frac{dI}{dt} = \beta_H SP - \delta_H I - \mu_I I, \\ \frac{dR}{dt} = \delta_H I - \gamma_H R - \mu_R R, \\ \frac{dM}{dt} = \lambda_M (M + P) \left( 1 - \frac{M + P}{L} \right) - \beta_M MI - \mu_M M \quad e \\ \frac{dP}{dt} = \beta_M MI - \mu_M P \end{array} \right. \quad (3.6)$$

em que  $\mu_M = \mu_N + \mu_A$ .

Para estudar a estabilidade local consideramos o sistema (3.6) em equilíbrio estacionário, considerando o parâmetro  $\lambda_M$ , a taxa intrínseca nascimento do mosquito,

constante.

$$\left\{ \begin{array}{l} \lambda_H (S + I + R) \left( 1 - \frac{S + I + R}{K} \right) - \beta_H SP + \gamma_H R - \mu_S S = 0, \\ \beta_H SP - \delta_H I - \mu_I I = 0, \\ \delta_H I - \gamma_H R - \mu_R R = 0, \\ \lambda_M (M + P) \left( 1 - \frac{M + P}{L} \right) - \beta_M MI - \mu_M M = 0 \quad e \\ \beta_M MI - \mu_M P = 0. \end{array} \right. \quad (3.7)$$

Do sistema (3.7), para  $P = \frac{\beta_M MI}{\mu_M}$  obtemos:

$$M = 0 \text{ ou } \bar{M} = \frac{L(\lambda_M d - \beta_M)I + L(\lambda_M - \mu_M)}{\lambda_M(1 + dI)^2}; \quad d = \frac{\beta_M}{\mu_M}.$$

Se  $M = 0$ , temos os seguintes equilíbrios:

$E_0 = (0, 0, 0, 0, 0)$  é o equilíbrio trivial que implica na extinção das populações e  $E_1 = (S^*, 0, 0, 0, 0)$  em que  $S^* = \frac{K(\lambda_H - \mu_S)}{\lambda_H}$  é o equilíbrio livre do mosquito se  $\lambda_H > \mu_S$ .

Para  $M \neq 0$  temos as seguintes expressões:

$$\bar{P} = \frac{dL [(\lambda_M d - \beta_M)I^2 + (\lambda_M - \mu_M)I]}{\lambda_M(1 + dI)^2},$$

$$\bar{R} = \frac{\delta_H I}{\gamma_H + \mu_R},$$

$$\bar{S} = \frac{\lambda_M(\delta_H + \mu_I)(1 + dI)^2 I}{\beta_H dL [(\lambda_M d - \beta_M)I^2 + (\lambda_M - \mu_M)I]},$$

que são expressões para  $\bar{S}$ ,  $\bar{R}$ ,  $\bar{M}$  e  $\bar{P}$  em função do  $I$ . Para obtermos a expressão para  $I$  substituímos  $\bar{S}$ ,  $\bar{R}$  e  $\bar{P}$  na primeira equação do sistema (3.6) e obtemos:

$$\begin{aligned} & \{-\beta^2 d^2 L^2 (FI + g)^2 I [\lambda_H(1 + e)^2 + \lambda_H K(1 + e) + K(H + \gamma_H e)] \\ & + H \lambda_M (1 + dI)^2 [\beta_H dL (FI + g)(\lambda_H K - K\mu_S - 2\lambda_H(1 + e)I) - \lambda_H H \lambda_M]\} I^2 = 0 \end{aligned} \quad (3.8)$$

onde

$$d = \frac{\beta_M}{\mu_M}, \quad e = \frac{\delta_H}{\gamma_H + \mu_R}, \quad F = \lambda_M d - \beta_M, \quad g = \lambda_M - \mu_M \quad e \quad H = \delta_H + \mu_I. \quad (3.9)$$

Da equação (3.8) se  $I = 0$ , temos  $P = 0$  e  $R = 0$ , então temos  $S = 0$  ou  $S^* = \frac{(\lambda_H - \mu_S)K}{\lambda_H}$  e  $M = 0$  ou  $M^* = \frac{(\lambda_M - \mu_M)L}{\lambda_M}$ . De onde obtemos os seguintes pontos:  $E_2 = (0, 0, 0, M^*, 0)$  e  $E_3 = (S^*, 0, 0, M^*, 0)$ , sendo  $E_3$  o equilíbrio livre do doença.

na equação (3.8) reescrevemos o termos entre colchetes como:

$$(1 + dI)^2 p(I) = 0 \quad (3.10)$$

$$p(I) = (aI^2 + bI + c) \quad (3.11)$$

em que

$$a = \beta d L \lambda_H (1 + e) [\beta d L (\lambda_M - \mu_M)^2 (1 + e) + 2H \lambda_M F], \quad (3.12)$$

$$b = \beta d L \{ \beta d L (\lambda_M - \mu_M)^2 K [-\lambda_H (1 + e) + (H + \gamma_H e)] - H \lambda F K (\lambda_M - \mu_M) + 2H \lambda_M \lambda_H (1 + e) g \}, \quad (3.13)$$

$$c = H \lambda_M [\lambda_M H \lambda_H - \beta_H d L K (\lambda_H - \mu_S)]. \quad (3.14)$$

Note que  $(1 + dI)^2 = 0$  implica  $I = -1/d < 0$ . Entretanto não faz sentido uma população negativa. Portanto  $(1 + dI)^2 > 0$  e para  $I \neq 0$  a equação (3.10) é satisfeita apenas quando  $p(I) = 0$  possui soluções positivas.

Para analisar se a equação  $p(I) = 0$  possui raízes positivas estudamos a variação de sinais dos seus coeficientes utilizando a regra de sinal de Descartes, dada pela Tabela 1 a seguir:

Tabela 1 – Regra de Sinais de Descartes

Casos	a	b	c	n° de raízes positivas
I	+	+	-	1
	+	-	-	1
II	+	+	+	0
	+	-	+	0 ou 2

É fácil ver que o coeficiente  $a > 0$  quando substituimos (3.9) em (3.12) e quando  $\lambda_M > \mu_M$ .

Analisando o sinal do coeficiente  $c$  dado em (3.14), e reescrevendo como:

$$c = H\lambda_M\bar{c}, \text{ onde}$$

$$\bar{c} = \lambda_M\lambda_H(\delta_H + \mu_I)[1 - R_0]$$

em que

$$R_0 = \frac{\beta_M\beta_H LK(\lambda_H - \mu_S)(\lambda_M - \mu_M)}{\mu_M\lambda_M\lambda_H(\delta_H + \mu_I)} \quad (3.15)$$

supondo que  $\lambda_H - \mu_S > 0$  e  $\lambda_M - \mu_M > 0$ . Assim o sinal de  $c$  depende do limiar  $R_0$ :

$$(i) \ c < 0 \Leftrightarrow R_0 > 1$$

$$(ii) \ c > 0 \Leftrightarrow R_0 < 1$$

onde  $R_0$  é a razão da reprodutividade basal.

Utilizando a regra de sinal de Descartes na Tabela 1, para (3.11) concluímos que:

**Caso I:** se  $R_0 > 1$  então  $c < 0$  e independentemente do sinal do  $b$  garantimos, desta forma, a existência de uma solução positiva,  $\bar{I} > 0$ .

sendo  $\bar{I} > 0$  e  $\lambda_M > \mu_M$  o equilíbrio endêmico dado por  $E_4 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{R}, \bar{M}, \bar{P})$  para a equação  $p(\bar{I}) = 0$ , onde:

$$\bar{S} = \frac{\beta_M}{\mu_M}(\lambda_M - \mu_M)\bar{I} + (\lambda_M - \mu_M),$$

$$\bar{R} = \frac{\delta_H}{\gamma_H + \mu_R}\bar{I},$$

$$\bar{M} = \frac{\frac{L\beta_M}{\mu_M}(\lambda_M - \mu_M)(\bar{I} + 1)}{\lambda_M(1 + d\bar{I})^2},$$

$$\bar{P} = \frac{\frac{L\beta_M^2}{\mu_M^2}(\lambda_M - \mu_M)(\bar{I} + 1)\bar{I}}{\lambda_M(1 + d\bar{I})^2}.$$

Nas subseções a seguir estudamos estabilidade dos pontos de equilíbrio. Se um ponto de equilíbrio satisfaz as condições do critério de Routh-Hurwitz, isto é, se todos os autovalores do polinômio característico tem a parte real negativa então o equilíbrio correspondente é local e assintoticamente estável,[20] e [41].

### 3.2.1 Equilíbrio Trivial

A matriz jacobiana calculada no ponto  $E_0 = (S, I, R, M, P) = (0, 0, 0, 0, 0)$  é dado por:

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} (\lambda_H - \mu_S) - \lambda & \lambda_H & \lambda_H + \gamma_H & 0 & 0 \\ 0 & -(\delta_H + \mu_I) - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + \mu_R) - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (\lambda_M - \mu_M) - \lambda & \lambda_M \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -\mu_M - \lambda \end{bmatrix}. \quad (3.16)$$

em que os autovalores são:  $\lambda_1 = \lambda_H - \mu_S$ ,  $\lambda_2 = -(\delta_H + \mu_I)$ ,  $\lambda_3 = -(\gamma_H + \mu_R)$ ,  $\lambda_4 = \lambda_M - \mu_M$  e  $\lambda_5 = -\mu_M$ . Então o equilíbrio  $E_0 = (0, 0, 0, 0, 0)$  é instável, se  $\lambda_H - \mu_S > 0$  e  $\lambda_M - \mu_M > 0$ .

### 3.2.2 Equilíbrio livre do Mosquito

A Jacobiana calculada no ponto  $E_1 = (S, I, R, M, P) = (S^*, 0, 0, 0, 0)$ , é:

$$J(E_1) = \begin{bmatrix} -(\lambda_H - \mu_S) - \lambda & -\lambda_H + 2\mu_S & -\lambda_H + 2\mu_S + \gamma_H & 0 & -\beta_H S^* \\ 0 & -(\delta_H + \mu_I) - \lambda & 0 & 0 & \beta_H S^* \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + \mu_R) - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (\lambda_M - \mu_M) - \lambda & \lambda_M \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -\mu_M - \lambda \end{bmatrix}. \quad (3.17)$$

os autovalores são dados por:  $\lambda_1 = -(\lambda_H - \mu_S)$ ,  $\lambda_2 = -(\delta_H + \mu_I)$ ,  $\lambda_3 = -(\gamma_H + \mu_R)$ ,  $\lambda_4 = \lambda_M - \mu_M$  e  $\lambda_5 = -\mu_M$ . Logo o equilíbrio  $E_1 = (S^*, 0, 0, 0, 0)$  é local e assintoticamente estável, se  $\lambda_M < \mu_M$ .

### 3.2.3 Equilíbrio do Mosquito

Para o ponto  $E_2 = (S, I, R, M, P) = (0, 0, 0, M^*, 0)$  a jacobiana é dada por:

$$J(E_2) = \begin{bmatrix} (\lambda_H - \mu_S) - \lambda & \lambda_H & \lambda_H + \gamma_H & 0 & 0 \\ 0 & -(\delta_H + \mu_I) - \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + \mu_R) - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_M M^* & 0 & (\lambda_M - \mu_M) - \lambda & \lambda_M + 2\mu_M \\ 0 & \beta_M M^* & 0 & 0 & -\mu_M - \lambda \end{bmatrix}. \quad (3.18)$$

sendo que os autovalores são:  $\lambda_1 = (\lambda_H - \mu_S)$ ,  $\lambda_2 = -(\delta_H + \mu_I)$ ,  $\lambda_3 = -(\gamma_H + \mu_R)$ ,  $\lambda_4 = \lambda_M - \mu_M$  e  $\lambda_5 = -\mu_M$ . Logo o equilíbrio  $E_2 = (0, 0, 0, M^*, 0)$  é instável, se  $\lambda_H - \mu_S > 0$ .

### 3.2.4 Equilíbrio Livre da Doença

Para o equilíbrio livre da doença,  $E_3 = (S, I, R, M, P) = (S^*, 0, 0, M^*, 0)$ , a jacobiana calculada em  $E_3$  é:

$$J(E_3) = \begin{bmatrix} -(\lambda_H - \mu_S) - \lambda & -\lambda_H + 2\mu_S & -\lambda_H + 2\mu_S + \gamma_H & 0 & -\beta_H S^* \\ 0 & -(\delta_H + \mu_I) - \lambda & 0 & 0 & \beta_H S^* \\ 0 & \delta_H & -(\gamma_H + \mu_R) - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & -\beta_M M^* & 0 & -(\lambda_M - \mu_M) - \lambda & -\lambda_M + 2\mu_M \\ 0 & \beta_M M^* & 0 & 0 & -\mu_M - \lambda \end{bmatrix} \quad (3.19)$$

cujos polinômio característico é dado por

$$[-(\lambda_H - \mu_S) - \lambda][-(\lambda_M - \mu_M) - \lambda][-(\gamma_H + \mu_R) - \lambda]\{\lambda^2 + A_1\lambda + A_0\} = 0 \quad (3.20)$$

em que

$$A_1 = [(\delta_H + \mu_I) + \mu_M],$$

$$A_0 = (\delta_H + \mu_I)\mu_M - \beta_M\beta_H M^* S^*.$$

Da equação (3.20) temos que os autovalores são  $\lambda = -(\lambda_H - \mu_S)$ ,  $\lambda = -(\lambda_M - \mu_M)$ ,  $\lambda = -(\delta_H + \mu_I)$ . E para o polinômio  $p(\lambda) = \lambda^2 + A_1\lambda + A_0 = 0$ , pelo critério de Routh-Hurwitz, se  $A_1 > 0$  e  $A_0 > 0$  [20] e [41], então todos os autovalores (raízes de  $p(\lambda)$  tem parte real negativa), isto é:

$$A_1 = [(\delta_H + \mu_I) + \mu_M],$$

$$A_0 = (\delta_H + \mu_I)\mu_M (1 - R_0).$$

com  $R_0$  dado em (3.15), então  $A_0 > 0 \Leftrightarrow R_0 < 1$ , logo

- (i) Se  $R_0 < 1$ , então  $A_0 > 0$  e como  $A_1 > 0$ , a parte real de todos autovalores é negativa então o equilíbrio  $E_3$  é local e assintoticamente estável.
- (ii)  $R_0 > 1$  é  $E_3$  é instável.

**Observação:** Se  $R_0 > 1$  o equilíbrio  $E_4$  é possivelmente local e assintoticamente estável, em que  $E_4$  é da por:

$$E_4 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{R}, \bar{M}, \bar{P}) \quad (3.21)$$

em que

$$\bar{S} = \frac{\beta_M}{\mu_M}(\lambda_M - \mu_M)\bar{I} + (\lambda_M - \mu_M),$$

$$\bar{R} = \frac{\delta_H}{\gamma_H + \mu_R}\bar{I},$$

$$\bar{M} = \frac{\frac{L\beta_M}{\mu_M}(\lambda_M - \mu_M)(\bar{I} + 1)}{\lambda_M(1 + d\bar{I})^2},$$

$$\bar{P} = \frac{\frac{L\beta_M^2}{\mu_M^2}(\lambda_M - \mu_M)(\bar{I} + 1)\bar{I}}{\lambda_M(1 + d\bar{I})^2}.$$

Se  $R_0 > 1$  o equilíbrio  $E_4$  é possivelmente local e assintoticamente estável.

Deve-se observar que nas modelagens em epidemiologia pode-se avaliar o crescimento de uma doença na população comparando-se  $R_0$  com 1, em estudos como o presente, não podemos recorrer a esse instrumento matemático - justamente pela variabilidade da taxa intrínseca do mosquito. Com efeito, a diminuição da doença na população implica reduzir os valores de contacto  $\beta_H$  e de  $\beta_M$ , ou seja, manter ativa as políticas públicas de combate ao mosquito com produtos agroquímicos (o que aumentaria os valores de  $\mu_A$ ), por outro lado, devem-se considerar os efeitos nocivos a outras espécies, além, obviamente, de consequências para os seres humanos.

Assim, um objetivo deste trabalho foi o de disponibilizar para autoridades de Saúde Pública um instrumental numérico-computacional que auxilie na avaliação dos efeitos da adoção de alguma estratégia antes de aplicá-la na sociedade e na natureza. O algoritmo produzido deve ser capaz de cumprir, ainda que parcialmente, este importante papel na prevenção de endemias como a malária.

Nesta seção trabalhamos considerando apenas e tão somente a variável temporal. Particularmente esta atitude pode ser de justificada por um estudo analítico em cada ponto do domínio espacial.

Nossos resultados apontam para o fato de que à exceção de estudos estacionários triviais (e irreais) há a possibilidade de um estudo estacionário endêmico em cada ponto. Esta constatação baseia a suposição da existência de soluções assintóticas sobre o domínio  $\Omega$  ao longo do tempo.

### 3.3 Formulação Variacional

Na seção 3.1 apresentamos a formulação do modelo do nosso problema, conhecida como formulação forte. Segundo [14], sobretudo em função do domínio adotado, não existe uma expressão para a solução analítica (existência e unicidade de solução) para o sistema (3.2) dado. Uma alternativa para construir a solução é a aproximação numérica e para essa aproximação, vamos descrever o sistema (3.2) na formulação variacional, ou seja, a formulação fraca. Esta formulação se presta a colocar o problema de modo a utilizar a aproximação do tipo Galerkin, em espaço bem mais permissivos, por assim dizer, que os clássicos. É esse o motivo de usar os espaços Hilbertianos.

Seja  $W = L^2([0, T_f], V)$  onde  $V = \left\{ v \in H^1(\Omega); \frac{\partial v}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = 0 \right\}$  e para  $\forall t \in J$ , definimos o produto interno:

$$(u, v) = \int_{\Omega} u v dx dy,$$

$$(\nabla u || \nabla v) = \int_{\Omega} \nabla u \nabla v d\mu, \text{ e}$$

$$\langle u, v \rangle = \int_{\Omega} u \cdot v d\gamma,$$

onde para cada  $t$  fixo em  $J$ ,  $u \in W$  e  $v \in V$ .

Multiplicamos as equações do sistema (3.2) por uma função qualquer  $v$  de  $V$  para obter:

Para  $(x, y) \in \Omega$ ,  $t \in J$ ,

$$\left\{ \begin{array}{l} \left( \frac{\partial S}{\partial t} |v \right) - \alpha_S (\Delta S |v) + (\mathbb{V}_S \cdot \nabla S |v) + \mu_S (S |v) = \lambda_H \left( (S + I + R) \left( 1 - \frac{S + I + R}{K} \right) |v \right) \\ - \beta_H (SP |v) + \gamma_H (R |v), \\ \\ \left( \frac{\partial I}{\partial t} |v \right) - \alpha_I (\Delta I |v) + (\mathbb{V}_I \cdot \nabla I |v) + \mu_I (I |v) = \beta_H (SP |v) - \delta_H (I |v), \\ \\ \left( \frac{\partial R}{\partial t} |v \right) - \alpha_R (\Delta R |v) + (\mathbb{V}_R \cdot \nabla R |v) + \mu_R (R |v) = \delta_H (I |v) - \gamma_H (R |v), \\ \\ \left( \frac{\partial M}{\partial t} |v \right) - \alpha_M (\Delta M |v) + (\mathbb{W}_M \cdot \nabla M |v) + (\mu_N + \mu_A)(M |v) \\ = \lambda_M \left( (M + P) \left( 1 - \frac{M + P}{L} \right) |v \right) - \beta_M (MI |v) \quad e \\ \\ \left( \frac{\partial P}{\partial t} |v \right) - \alpha_P (\Delta P |v) + (\mathbb{W}_P \cdot \nabla P |v) + (\mu_N + \mu_A)(P |v) = \beta_M (MI |v). \end{array} \right. \quad (3.22)$$

para todo  $v \in V$ .

Utilizando a relação de Green temos, então:

$$\begin{aligned} -\alpha_S (\Delta S |v) &= \alpha_S (\nabla S || \nabla v) - \alpha_S \left( \frac{\partial S}{\partial \eta} |v \right), \\ -\alpha_I (\Delta I |v) &= \alpha_I (\nabla I || \nabla v) - \alpha_I \left( \frac{\partial I}{\partial \eta} |v \right), \\ -\alpha_R (\Delta R |v) &= \alpha_R (\nabla R || \nabla v) - \alpha_R \left( \frac{\partial R}{\partial \eta} |v \right), \\ -\alpha_M (\Delta M |v) &= \alpha_M (\nabla M || \nabla v) - \alpha_M \left( \frac{\partial M}{\partial \eta} |v \right), \quad e \\ -\alpha_P (\Delta P |v) &= \alpha_P (\nabla P || \nabla v) - \alpha_P \left( \frac{\partial P}{\partial \eta} |v \right). \end{aligned}$$

Ora, pelas condições de contorno,

$$\frac{\partial S}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = \frac{\partial I}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = \frac{\partial R}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = \frac{\partial M}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = \frac{\partial P}{\partial \eta} \Big|_{\partial \Omega} = 0, \quad \text{vem}$$

$$\begin{aligned}
-\alpha_S(\Delta S|v) &= \alpha_S(\nabla S||\nabla v), \\
-\alpha_I(\Delta I|v) &= \alpha_I(\nabla I||\nabla v), \\
-\alpha_R(\Delta R|v) &= \alpha_R(\nabla R||\nabla v), \\
-\alpha_M(\Delta M|v) &= \alpha_M(\nabla M||\nabla v), \text{ e} \\
-\alpha_P(\Delta P|v) &= \alpha_P(\nabla P||\nabla v).
\end{aligned} \tag{3.23}$$

Substituindo (3.23) em (3.22) e utilizando que  $\mathbb{V} = \langle V_{U1}, V_{U2} \rangle$  é constante, temos então a formulação variacional dada pelas seguintes equações:

$$\left\{ \begin{aligned}
&\left( \frac{\partial S}{\partial t} |v \right) + \alpha_S (\nabla S || \nabla v) + V_{S1} \left( \frac{\partial S}{\partial x} |v \right) + V_{S2} \left( \frac{\partial S}{\partial y} |v \right) + \mu_S(S|v) = \\
&\lambda_H \left( (S + I + R) \left( 1 - \frac{S + I + R}{K} \right) |v \right) - \beta_H (SP|v) + \gamma_H (R|v), \\
&\left( \frac{\partial I}{\partial t} |v \right) + \alpha_I (\nabla I || \nabla v) + V_{I1} \left( \frac{\partial I}{\partial x} |v \right) + V_{I2} \left( \frac{\partial I}{\partial y} |v \right) + \mu_I (I|v) = \beta_H (SP|v) \\
&-\delta_H (I|v), \\
&\left( \frac{\partial R}{\partial t} |v \right) + \alpha_R (\nabla R || \nabla v) + V_{R1} \left( \frac{\partial R}{\partial x} |v \right) + V_{R2} \left( \frac{\partial R}{\partial y} |v \right) + \mu_R(R|v) = \delta_H (I|v) \\
&-\gamma_H (R|v), \\
&\left( \frac{\partial M}{\partial t} |v \right) + \alpha_M (\nabla M || \nabla v) + W_{M1} \left( \frac{\partial M}{\partial x} |v \right) + W_{M2} \left( \frac{\partial M}{\partial y} |v \right) + (\mu_N + \mu_A)(M|v) = \\
&\lambda_M \left( (M + P) \left( 1 - \frac{M + P}{L} \right) |v \right) - \beta_M (MI|v), \text{ e} \\
&\left( \frac{\partial P}{\partial t} |v \right) + \alpha_P (\nabla P || \nabla v) + W_{P1} \left( \frac{\partial P}{\partial x} |v \right) + W_{P2} \left( \frac{\partial P}{\partial y} |v \right) + (\mu_N + \mu_A)(P|v) = \\
&\beta_M (MI|v).
\end{aligned} \right. \tag{3.24}$$

Como podemos ver, as condições de contorno (3.5), ficaram incluídas na equação (3.24).

Fizemos assim a descrição do modelo e a respectiva formulação variacional para estudar o espalhamento de malária em uma das regiões do centro de Moçambique, lembrando que este estudo se prestaria a qualquer região geográfica e a epidemias transmitidas por vetor. No capítulo a seguir vamos fazer a discretização das variáveis espaciais e temporal pelos Métodos de Elementos Finitos e de Crank-Nicolson.

## 4 O Método dos Elementos Finitos

Neste Capítulo descrevemos brevemente o método dos Elementos Finitos para aproximar espacialmente a solução do problema descrito na formulação variacional dada pela equação (3.24) do capítulo anterior, sobre o espaço  $\mathcal{V}$ . Para a aproximação numérica desejada, inicialmente fizemos a discretização espacial através do método de Galerkin, em seguida fizemos uma discretização temporal pelo método de Cranck-Nicolson para as variáveis espaciais e temporal respectivamente.

### 4.1 Discretização Espacial: Método de Galerkin

Como o Método dos Elementos Finitos é utilizado para aproximar soluções de problemas já colocados na formulação variacional, uma abordagem bem conhecida para aproximar soluções é o método de Galerkin.

Então, de posse da formulação variacional, ou seja da formulação fraca do nosso problema, o próximo passo para a construção da solução numérica é a discretização da equação (3.24) utilizando o método de Galerkin [14]. Segundo [28], temos garantida a existência e a unicidade da solução do sistema (3.24). Isto permite a aproximação da solução desejada usando Galerkin e Cranck-Nicolson.

Consideremos então:

- (1) Triangulação  $\mathcal{T}_h$  que é estabelecida sobre o conjunto  $\Omega_h$ .  $\Omega_h$  é união finita de  $k \in \mathcal{T}_h$  elementos finitos.  $\Omega_h$  aproxima  $\Omega$  no sentido de se ter  $\Omega_h \rightarrow \Omega$  com  $h$  identificando um refinamento da triangulação  $\mathcal{T}_h$ .
- (2) As funções  $v_h \in \mathcal{V}_h$  são polinômios por partes tal que para  $k \in \mathcal{T}_h$  os espaços  $P_k = \{v_h|_k; v_h \in \mathcal{V}_h\}$  consistem de polinômios.
- (3) Existe uma base  $\beta$  no espaço  $\mathcal{V}_h$ , com  $\mathcal{V}_h$  como subespaço de dimensão finita de  $\mathcal{V}$  definida como:

Sejam  $\mathcal{V}_h \in \mathcal{V}$  o subespaço de dimensão finita com  $\beta = \{\phi_1, \dots, \phi_n\}$  uma base para  $\mathcal{V}_h$ . A solução de (3.24) será uma combinação linear dos elementos de  $\beta$ . Um problema que aproxima o da solução do sistema (3.24) é dado por: Encontrar  $S_h, I_h, R_h, M_h, P_h,$

tal que:

$$\left\{ \begin{array}{l}
 \left( \frac{\partial S_h}{\partial t} |v \right) + \alpha_S (\nabla S_h | \nabla v) + V_{S1} \left( \frac{\partial S_h}{\partial x} |v \right) + V_{S2} \left( \frac{\partial S_h}{\partial y} |v \right) + \mu_S (S_h |v) = \\
 \lambda_H \left( (S_h + I_h + R_h) \left( 1 - \frac{S_h + I_h + R_h}{K} \right) |v \right) - \beta_H (S_h P_h |v) + \gamma_H (R_h |v), \\
 \\
 \left( \frac{\partial I_h}{\partial t} |v \right) + \alpha_I (\nabla I_h | \nabla v) + V_{I1} \left( \frac{\partial I_h}{\partial x} |v \right) + V_{I2} \left( \frac{\partial I_h}{\partial y} |v \right) + \mu_I (I_h |v) = \beta_H (S_h P_h |v) \\
 - \delta_H (I_h |v) \\
 \\
 \left( \frac{\partial R_h}{\partial t} |v \right) + \alpha_R (\nabla R_h | \nabla v) + V_{R1} \left( \frac{\partial R_h}{\partial x} |v \right) + V_{R2} \left( \frac{\partial R_h}{\partial y} |v \right) + \mu_R (R_h |v) = \delta_H (I_h |v) \\
 - \gamma_H (R_h |v), \\
 \\
 \left( \frac{\partial M_h}{\partial t} |v \right) + \alpha_M (\nabla M_h | \nabla v) + W_{M1} \left( \frac{\partial M_h}{\partial x} |v \right) + W_{M2} \left( \frac{\partial M_h}{\partial y} |v \right) + (\mu_N + \mu_A)(M_h |v) = \\
 \lambda_M \left( (M_h + P_h) \left( 1 - \frac{M_h + P_h}{L} \right) |v \right) - \beta_M (M_h I |v_h), \quad e \\
 \\
 \left( \frac{\partial P_h}{\partial t} |v \right) + \alpha_P (\nabla P_h | \nabla v) + W_{P1} \left( \frac{\partial P_h}{\partial x} |v \right) + W_{P2} \left( \frac{\partial P_h}{\partial y} |v \right) + (\mu_N + \mu_A)(P_h |v) = \\
 \beta_M (M_h I_h |v) - \delta_M (P_h |v), \quad \text{para } \forall v \in \mathcal{V}_h.
 \end{array} \right. \quad (4.1)$$

Sejam,

$$\left\{ \begin{array}{l}
 S_h = \sum_{j=1}^n S(t)_j \phi_j(x, y), \\
 I_h = \sum_{j=1}^n I(t)_j \phi_j(x, y), \\
 R_h = \sum_{j=1}^n R(t)_j \phi_j(x, y), \\
 M_h = \sum_{j=1}^n M(t)_j \phi_j(x, y), \quad e \\
 P_h = \sum_{j=1}^n P(t)_j \phi_j(x, y).
 \end{array} \right. \quad (4.2)$$

as aproximações da solução para o problema (4.1) dadas por (4.2) e as respectivas derivadas

temporal e espaciais das variáveis dependentes que são dadas por:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial S_h}{\partial t} = \sum_{j=1}^n \frac{dS_j}{dt} \phi_j(x, y), \\ \frac{\partial I_h}{\partial t} = \sum_{j=1}^n \frac{dI_j}{dt} \phi_j(x, y), \\ \frac{\partial R_h}{\partial t} = \sum_{j=1}^n \frac{dR_j}{dt} \phi_j(x, y), \\ \frac{\partial M_h}{\partial t} = \sum_{j=1}^n \frac{dM_j}{dt} \phi_j(x, y), \text{ e} \\ \frac{\partial P_h}{\partial t} = \sum_{j=1}^n \frac{dP_j}{dt} \phi_j(x, y). \end{array} \right. \quad (4.3)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial S_h}{\partial x} = \sum_{j=1}^n S_j \frac{\partial \phi_j}{\partial x}(x, y), \\ \frac{\partial I_h}{\partial x} = \sum_{j=1}^n I_j \frac{\partial \phi_j}{\partial x}(x, y), \\ \frac{\partial R_h}{\partial x} = \sum_{j=1}^n R_j \frac{\partial \phi_j}{\partial x}(x, y), \\ \frac{\partial M_h}{\partial x} = \sum_{j=1}^n M_j \frac{\partial \phi_j}{\partial x}(x, y), \text{ e} \\ \frac{\partial P_h}{\partial x} = \sum_{j=1}^n P_j \frac{\partial \phi_j}{\partial x}(x, y). \end{array} \right. \quad (4.4)$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial S_h}{\partial y} = \sum_{j=1}^n S_j \frac{\partial \phi_j}{\partial y}(x, y), \\ \frac{\partial I_h}{\partial y} = \sum_{j=1}^n I_j \frac{\partial \phi_j}{\partial y}(x, y), \\ \frac{\partial R_h}{\partial y} = \sum_{j=1}^n R_j \frac{\partial \phi_j}{\partial y}(x, y), \\ \frac{\partial M_h}{\partial y} = \sum_{j=1}^n M_j \frac{\partial \phi_j}{\partial y}(x, y), \text{ e} \\ \frac{\partial P_h}{\partial y} = \sum_{j=1}^n P_j \frac{\partial \phi_j}{\partial y}(x, y). \end{array} \right. \quad (4.5)$$

Substituindo as equações (4.2)-(4.5) em cada uma das equações da formulação variacional (4.1), temos, respectivamente:

Densidade da População de Suscetíveis:

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n \frac{dS_j}{dt}(\phi_j|v) + \alpha_S \sum_{j=1}^n S_j(\nabla\phi_j||\nabla v) + V_{S1} \sum_{j=1}^n S_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} |v \right) + V_{S2} \sum_{j=1}^n S_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} |v \right) \\
& + \mu_S \sum_{j=1}^n S_j(\phi_j|v) = \lambda_H \sum_{j=1}^n S_j(\phi_j|v) + \lambda_H \sum_{j=1}^n I_j(\phi_j|v) + \lambda_H \sum_{j=1}^n R_j(\phi_j|v) \\
& - \frac{\lambda_H}{K} \sum_{j=1}^n S_j \sum_{k=1}^n (S_k + I_k + R_k)(\phi_j\phi_k|v) - \frac{\lambda_H}{K} \sum_{j=1}^n I_j \sum_{k=1}^n (S_k + I_k + R_k)(\phi_j\phi_k|v) \\
& - \frac{\lambda_H}{K} \sum_{j=1}^n R_j \sum_{k=1}^n (S_k + I_k + R_k)(\phi_j\phi_k|v) - \beta_H \sum_{j=1}^n S_j \sum_{k=1}^n P_k(\phi_j\phi_k|v) + \gamma_H \sum_{j=1}^n R_j(\phi_j|v); \quad (4.6)
\end{aligned}$$

Densidade da População de Infectados:

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n \frac{dI_j}{dt}(\phi_j|v) + \alpha_I \sum_{j=1}^n I_j(\nabla\phi_j||\nabla v) + V_{I1} \sum_{j=1}^n I_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} |v \right) + V_{I2} \sum_{j=1}^n I_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} |v \right) \\
& + \mu_I \sum_{j=1}^n I_j(\phi_j|v) = \beta_H \sum_{j=1}^n S_j \sum_{k=1}^n P_k(\phi_j\phi_k|v) - \delta_H \sum_{j=1}^n I_j(\phi_j|v); \quad (4.7)
\end{aligned}$$

Densidade da População de Recuperados:

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n \frac{dR_j}{dt}(\phi_j|v) + \alpha_R \sum_{j=1}^n R_j(\nabla\phi_j||\nabla v) + V_{R1} \sum_{j=1}^n R_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} |v \right) + V_{R2} \sum_{j=1}^n R_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} |v \right) \\
& + \mu_R \sum_{j=1}^n R_j(\phi_j|v) = \delta_H \sum_{j=1}^n I_j(\phi_j|v) - \gamma_H \sum_{j=1}^n R_j(\phi_j|v); \quad (4.8)
\end{aligned}$$

Densidade da População de Mosquitos não Portadores;

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n \frac{dM_j}{dt}(\phi_j|v) + \alpha_M \sum_{j=1}^n I_j(\nabla\phi_j||\nabla v) + W_{M1} \sum_{j=1}^n M_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} |v \right) + W_{M2} \sum_{j=1}^n M_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} |v \right) \\
& + (\mu_N + \mu_A) \sum_{j=1}^n M_j(\phi_j|v) = \lambda_M \sum_{j=1}^n M_j(\phi_j|v) + \lambda_M \sum_{j=1}^n P_j(\phi_j|v) \\
& - \frac{\lambda_M}{L} \left[ \sum_{j=1}^n M_j \sum_{k=1}^n M_k + 2 \sum_{j=1}^n M_j \sum_{k=1}^n P_k + \sum_{j=1}^n P_j \sum_{k=1}^n P_k \right] (\phi_j\phi_k|v) \\
& - \beta_v \sum_{j=1}^n M_j \sum_{k=1}^n I_k(\phi_j\phi_k|v); \quad (4.9)
\end{aligned}$$

Densidade da População de Mosquitos Portadores:

$$\begin{aligned} \sum_{j=1}^n \frac{dP_j}{dt}(\phi_j|v) + \alpha_P \sum_{j=1}^n P_j(\nabla\phi_j|\nabla v) + W_{P1} \sum_{j=1}^n P_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} | v \right) + V_{R2} \sum_{j=1}^n P_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} | v \right) \\ + (\mu_N + \mu_A) \sum_{j=1}^n P_j(\phi_j|v) = \beta_v \sum_{j=1}^n M_j \sum_{k=1}^n (I_k)(\phi_j\phi_k|v); \end{aligned} \quad (4.10)$$

para todo  $v \in \mathcal{V}_h$ . E como  $v \in \mathcal{V}_h$  é qualquer, podemos tomar  $\phi_i$  da base  $\beta$  de  $\mathcal{V}_h$ . Assim teremos, para  $\forall\phi_i \in \beta$ ,

Densidade da População de Suscetíveis

$$\begin{aligned} \sum_{j=1}^n \frac{dS_j}{dt}(\phi_j|\phi_i) + \alpha_S \sum_{j=1}^n S_j(\nabla\phi_j|\nabla\phi_i) + V_{S1} \sum_{j=1}^n S_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{S2} \sum_{j=1}^n S_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \\ + \mu_S \sum_{j=1}^n S_j(\phi_j|\phi_i) = \lambda_H \sum_{j=1}^n S_j(\phi_j\phi_i) + \lambda_H \sum_{j=1}^n I_j(\phi_j|\phi_i) + \lambda_H \sum_{j=1}^n R_j(\phi_j|\phi_i) \\ - \frac{\lambda_H}{K} \sum_{j=1}^n S_j \sum_{k=1}^n (S_k + I_k + R_k)(\phi_j\phi_k|\phi_i) - \frac{\lambda_H}{K} \sum_{j=1}^n I_j \sum_{k=1}^n (S_k + I_k + R_k)(\phi_j\phi_k|\phi_i) \\ - \frac{\lambda_H}{K} \sum_{j=1}^n R_j \sum_{k=1}^n (S_k + I_k + R_k)(\phi_j\phi_k|\phi_i) \\ - \beta_H \sum_{j=1}^n S_j \sum_{k=1}^n P_k(\phi_j\phi_k|\phi_i) + \gamma_H \sum_{j=1}^n R_j(\phi_j|\phi_i); \end{aligned} \quad (4.11)$$

Densidade da População de Infectados

$$\begin{aligned} \sum_{j=1}^n \frac{dI_j}{dt}(\phi_j|\phi_i) + \alpha_I \sum_{j=1}^n I_j(\nabla\phi_j|\nabla\phi_i) + V_{I1} \sum_{j=1}^n I_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{I2} \sum_{j=1}^n I_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \\ + \mu_I \sum_{j=1}^n I_j(\phi_j|\phi_i) = \beta_H \sum_{j=1}^n S_j \sum_{k=1}^n P_k(\phi_j\phi_k|\phi_i) - \delta_H \sum_{j=1}^n I_j(\phi_j|\phi_i); \end{aligned} \quad (4.12)$$

Densidade da População de Recuperados

$$\begin{aligned} \sum_{j=1}^n \frac{dR_j}{dt}(\phi_j|\phi_i) + \alpha_R \sum_{j=1}^n R_j(\nabla\phi_j|\nabla\phi_i) + V_{R1} \sum_{j=1}^n R_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} | v \right) + V_{R2} \sum_{j=1}^n R_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \\ + \mu_R \sum_{j=1}^n R_j(\phi_j|\phi_i) = \delta_H \sum_{j=1}^n I_j(\phi_j|\phi_i) - \gamma_H \sum_{j=1}^n R_j(\phi_j|\phi_i); \end{aligned} \quad (4.13)$$

Densidade da População de Mosquitos não Portadores

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n \frac{dM_j}{dt}(\phi_j|\phi_i) + \alpha_M \sum_{j=1}^n I_j(\nabla\phi_j||\nabla\phi_i) + W_{M1} \sum_{j=1}^n M_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) \\
& \quad + W_{M2} \sum_{j=1}^n M_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) + (\mu_N + \mu_A) \sum_{j=1}^n M_j(\phi_j|\phi_i) \\
& \quad = \lambda_M \sum_{j=1}^n M_j(\phi_j|\phi_i) + \lambda_M \sum_{j=1}^n P_j(\phi_j|\phi_i) \\
& - \frac{\lambda_M}{L} \left[ \sum_{j=1}^n M_j \sum_{k=1}^n M_k + 2 \sum_{j=1}^n M_j \sum_{k=1}^n P_k + \sum_{j=1}^n P_j \sum_{k=1}^n P_k \right] (\phi_j\phi_k|\phi_i) \\
& \quad - \beta_M \sum_{j=1}^n M_j \sum_{k=1}^n I_k(\phi_j\phi_k|\phi_i); \tag{4.14}
\end{aligned}$$

Densidade da População de Mosquitos Portadores

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n \frac{dP_j}{dt}(\phi_j|\phi_i) + \alpha_P \sum_{j=1}^n P_j(\nabla\phi_j||\nabla\phi_i) + W_{P1} \sum_{j=1}^n P_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) \\
& + W_{P2} \sum_{j=1}^n P_j \left( \frac{\partial\phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) + (\mu_N + \mu_A) \sum_{j=1}^n P_j(\phi_j|\phi_i) = \beta_M \sum_{j=1}^n M_j \sum_{k=1}^n (I_k)(\phi_j\phi_k|\phi_i). \tag{4.15}
\end{aligned}$$

## 4.2 Discretização Temporal: Método de Crank-Nicolson

A seguir utilizamos o método de Crank-Nicolson para fazer a discretização da variável temporal. Este método faz uma aproximação implícita de segunda ordem [16]. Aplicando então a diferença centrada no tempo  $t_{n+1/2}$ , obtemos as seguintes aproximações

$$\left\{ \begin{array}{l} S_j(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} \\ I_j(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}}{2} \\ R_j(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{R_j^{(n+1)} + R_j^{(n)}}{2} \\ M_j(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{M_j^{(n+1)} + M_j^{(n)}}{2} \\ P_j(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{P_j^{(n+1)} + P_j^{(n)}}{2} \end{array} \right. \tag{4.16}$$

e as respectivas derivadas das aproximações

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_j}{dt}(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{S_j^{(n+1)} - S_j^{(n)}}{\Delta t} \\ \frac{dI_j}{dt}(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{I_j^{(n+1)} - I_j^{(n)}}{\Delta t} \\ \frac{dR_j}{dt}(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{R_j^{(n+1)} - R_j^{(n)}}{\Delta t} \\ \frac{dM_j}{dt}(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{M_j^{(n+1)} - M_j^{(n)}}{\Delta t} \\ \frac{dP_j}{dt}(x, y, t_{n+1/2}) \approx \frac{P_j^{(n+1)} - P_j^{(n)}}{\Delta t} \end{array} \right. \quad (4.17)$$

Substituindo as aproximações indicadas em (4.16) e (4.17) nas equações de (4.11) a (4.15) temos:

$$\begin{aligned}
 & \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} - S_j^{(n)}}{\Delta t} (\phi_j | \phi_i) + \alpha_S \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} (\nabla \phi_j | |\nabla \phi_i) \\
 & + V_{S1} \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{S2} \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \\
 & + \mu_S \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} (\phi_j | \phi_i) = \\
 = & \lambda_H \left[ \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} + \sum_{j=1}^n \frac{I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}}{2} + \sum_{j=1}^n \frac{R_j^{(n+1)} + R_j^{(n)}}{2} \right] (\phi_j | \phi_i) \\
 & - \frac{\lambda_H}{K} \left[ \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} \sum_{k=1}^n \frac{S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}}{2} \right] (\phi_j \phi_k | \phi_j) \\
 & - \frac{\lambda_H}{K} \left[ 2 \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} \sum_{k=1}^n \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} \right] (\phi_j \phi_k | \phi_j) \\
 & - \frac{\lambda_H}{K} \left[ 2 \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} \sum_{k=1}^n \frac{R_k^{(n+1)} + R_k^{(n)}}{2} \right] (\phi_j \phi_k | \phi_j) \\
 & - \frac{\lambda_H}{K} \left[ 2 \sum_{j=1}^n \frac{I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}}{2} \sum_{k=1}^n \frac{R_k^{(n+1)} + R_k^{(n)}}{2} \right] (\phi_j \phi_k | \phi_j) \\
 & - \frac{\lambda_H}{K} \left[ \sum_{j=1}^n \frac{I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}}{2} \sum_{k=1}^n \frac{I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}}{2} \right] (\phi_j \phi_k | \phi_j) \\
 & - \frac{\lambda_H}{K} \left[ \sum_{j=1}^n \frac{R_j^{(n+1)} + R_j^{(n)}}{2} \sum_{k=1}^n \frac{R_k^{(n+1)} + R_k^{(n)}}{2} \right] (\phi_j \phi_k | \phi_j) \\
 & - \beta_H \sum_{j=1}^n \frac{S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)}}{2} \sum_{k=1}^n \frac{P_k^{(n+1)} + P_k^{(n)}}{2} (\phi_j \phi_k | \phi_j) \\
 & + \gamma_H \sum_{j=1}^n \frac{R_j^{(n+1)} + R_j^{(n)}}{2} (\phi_j | \phi_i). \tag{4.18}
 \end{aligned}$$

De modo análogo, fizemos as substituições indicadas para as restantes equações das populações de humanos, isto é, infectados e recuperados e para mosquitos não portadores e mosquitos portadores. Finalmente, multiplicamos cada termo do passo anterior por  $\Delta t$ , em seguida reorganizamos os termos e colocamos os termos do instante  $(n + 1)$  do lado esquerdo e, os do instante  $(n)$  do lado direito e para cada equação, obtemos:

Equação para a população de suscetíveis:

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n S_j^{(n+1)} \left[ \left( 1 + (\mu_S - \lambda_H) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) + \alpha_S \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad + \sum_{j=1}^n S_j^{(n+1)} \left[ V_{S1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{S2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& \quad + \sum_{j=1}^n S_j^{(n+1)} \left[ \sum_{k=1}^n \left( \beta_H \frac{\Delta t}{4} (P_k^{(n+1)} + P_k^{(n)}) \right) (\phi_j \phi_k | \phi_i) \right] \\
& \quad \quad + \sum_{j=1}^n S_j^{(n+1)} \sum_{k=1}^n \left[ \lambda_H \frac{\Delta t}{4k} (S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}) \right] (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& + \sum_{j=1}^n S_j^{(n+1)} \sum_{k=1}^n \left[ 2\lambda_H \frac{\Delta t}{4k} (I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)} + R_k^{(n+1)} + R_k^{(n)}) \right] (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& = \sum_{j=1}^n S_j^{(n)} \left[ \left( 1 - (\mu_S - \lambda_H) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) - \alpha_S \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad - \sum_{j=1}^n S_j^{(n)} \left[ V_{S1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{S2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& \quad - \sum_{j=1}^n S_j^{(n)} \left[ \sum_{k=1}^n \left( \beta_H \frac{\Delta t}{4} (P_k^{(n+1)} + P_k^{(n)}) \right) (\phi_j \phi_k | \phi_i) \right] \\
& \quad \quad - \sum_{j=1}^n S_j^{(n)} \sum_{k=1}^n \left[ \lambda_H \frac{\Delta t}{4k} (S_k^{(n+1)} + S_k^{(n)}) \right] (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& \quad - \sum_{j=1}^n S_j^{(n)} \sum_{k=1}^n \left[ 2\lambda_H \frac{\Delta t}{4k} (I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)} + R_k^{(n+1)} + R_k^{(n)}) \right] (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& + \sum_{j=1}^n \left[ \lambda_H \frac{\Delta t}{2} (I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}) + (\lambda_H + \gamma_H) \frac{\Delta t}{2} (R_k^{(n+1)} + R_k^{(n)}) \right] (\phi_j | \phi_i) \\
& - \lambda_H \frac{\Delta t}{4K} \left[ \sum_{j=1}^n (I_j^{(n+1)} + I_j^{(n)}) \sum_{k=1}^n \left( (I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}) + 2(R_k^{(n+1)} + R_k^{(n)}) \right) \right] (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& \quad - \lambda_H \frac{\Delta t}{4K} \left[ \sum_{j=1}^n (R_j^{(n+1)} + R_j^{(n)}) \sum_{k=1}^n (R_k^{(n+1)} + R_k^{(n)}) \right] (\phi_j \phi_k | \phi_i). \quad (4.19)
\end{aligned}$$

Equação para a população de infectados:

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n I_j^{(n+1)} \left[ \left( 1 + (\delta_H + \mu_H) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) + \alpha_I \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad + \sum_{j=1}^n I_j^{(n+1)} \left[ V_{I1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{I2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& = \sum_{j=1}^n I_j^{(n)} \left[ \left( 1 - (\delta_H + \mu_H) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) - \alpha_I \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad - \sum_{j=1}^n I_j^{(n)} \left[ V_{I1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{I2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& \quad + \beta_H \frac{\Delta t}{4} \sum_{j=1}^n \sum_{k=1}^n \left( S_j^{(n+1)} + S_j^{(n)} \right) \left( P_k^{(n+1)} + P_k^{(n)} \right) (\phi_j \phi_k | \phi_i). \tag{4.20}
\end{aligned}$$

Equação para a população de Recuperados:

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n R_j^{(n+1)} \left[ \left( 1 + (\gamma_H + \mu_R) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) + \alpha_R \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad + \sum_{j=1}^n R_j^{(n+1)} \left[ V_{R1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{R2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& = \sum_{j=1}^n R_j^{(n)} \left[ \left( 1 - (\gamma_H + \mu_R) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) - \alpha_R \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad - \sum_{j=1}^n R_j^{(n)} \left[ V_{R1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + V_{R2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& \quad + \delta_H \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^n \left( I_j^{(n+1)} + I_j \right) (\phi_j | \phi_i) \tag{4.21}
\end{aligned}$$

Equação para Mosquitos não Portadores:

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n M_j^{(n+1)} \left[ \left( 1 + (\mu_N + \mu_A - \lambda_M) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) + \alpha_M \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad + \sum_{j=1}^n M_j^{(n+1)} \left[ W_{M1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + W_{M2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& \quad \quad + \beta_v \frac{\Delta t}{4} \sum_{j=1}^n M_j^{(n+1)} \sum_{k=1}^n (I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}) (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& + \sum_{j=1}^n M_j^{(n+1)} \left[ \lambda_M \frac{\Delta t}{4L} \sum_{k=1}^n (M_k^{(n+1)} + M_k^{(n)}) + \lambda_M \frac{\Delta t}{2L} \sum_{k=1}^n (P_k^{(n+1)} + P_k^{(n)}) \right] (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& = \sum_{j=1}^n M_j^{(n)} \left[ \left( 1 - (\mu_N + \mu_A - \lambda_M) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) - \alpha_M \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad - \sum_{j=1}^n M_j^{(n)} \left[ W_{M1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + W_{M2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& \quad \quad - \beta_v \frac{\Delta t}{4} \sum_{j=1}^n M_j^{(n)} \sum_{k=1}^n (I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}) (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& - \sum_{j=1}^n M_j^{(n)} \left[ \lambda_M \frac{\Delta t}{4L} \sum_{k=1}^n (M_k^{(n+1)} + M_k^{(n)}) + \lambda_M \frac{\Delta t}{2L} \sum_{k=1}^n (P_k^{(n+1)} + P_k^{(n)}) \right] (\phi_j \phi_k | \phi_i) \\
& \quad \quad \quad + \lambda_M \frac{\Delta t}{2} \sum_{j=1}^n (P_j^{(n+1)} + P_j^{(n)}) (\phi_j | \phi_i) \\
& \quad \quad \quad - \lambda_M \frac{\Delta t}{4L} \sum_{j=1}^n (P_j^{(n+1)} + P_j^{(n)}) \sum_{k=1}^n (P_k^{(n+1)} + P_k^{(n)}) (\phi_j \phi_k | \phi_i). \quad (4.22)
\end{aligned}$$

Equação para Mosquitos Portadores:

$$\begin{aligned}
& \sum_{j=1}^n P_j^{(n+1)} \left[ \left( 1 + (\mu_N + \mu_A) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) + \alpha_P \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad + \sum_{j=1}^n P_j^{(n+1)} \left[ W_{P1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + W_{P2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& = \sum_{j=1}^n P_j^{(n)} \left[ \left( 1 - (\mu_N + \mu_A) \frac{\Delta t}{2} \right) (\phi_j | \phi_i) + \alpha_P \frac{\Delta t}{2} (\nabla \phi_j | | \nabla \phi_i) \right] \\
& \quad - \sum_{j=1}^n P_j^{(n)} \left[ W_{P1} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial x} | \phi_i \right) + W_{P2} \frac{\Delta t}{2} \left( \frac{\partial \phi_j}{\partial y} | \phi_i \right) \right] \\
& \quad \quad + \beta_v \frac{\Delta t}{4} \sum_{j=1}^n \sum_{k=1}^n (M_j^{(n+1)} + M_j^{(n)}) (I_k^{(n+1)} + I_k^{(n)}) (\phi_j \phi_k | \phi_i). \quad (4.23)
\end{aligned}$$

### 4.3 Tratamento Algorítmico da não linearidade

De uma maneira geral, as equações anteriores podem ser descritas na forma matricial, cujo problema é apresentado do seguinte modo: encontrar  $S^{(n)}, I^{(n)}, R^{(n)}, M^{(n)}, P^{(n)}$  tais que

$$\begin{cases} \mathbb{A}_S(\cdot)S^{(n+1)} = \mathbb{B}_S(\cdot)S^{(n)} + \mathbb{D}_S(\cdot) \\ \mathbb{A}_I(\cdot)I^{(n+1)} = \mathbb{B}_I(\cdot)I^{(n)} + \mathbb{D}_I(\cdot) \\ \mathbb{A}_R(\cdot)R^{(n+1)} = \mathbb{B}_R(\cdot)R^{(n)} + \mathbb{D}_R(\cdot) \\ \mathbb{A}_M(\cdot)M^{(n+1)} = \mathbb{B}_M(\cdot)M^{(n)} + \mathbb{D}_M(\cdot) \\ \mathbb{A}_P(\cdot)P^{(n+1)} = \mathbb{B}_P(\cdot)P^{(n)} + \mathbb{D}_P(\cdot) \end{cases} \quad (4.24)$$

em que

$$\begin{aligned} \mathbb{A}_S(\cdot) &= \mathbb{A}_S(P^{(n)}, S^{(n)}, I^{(n)}, R^{(n)}, P^{(n+1)}, S^{(n+1)}, I^{(n+1)}, R^{(n+1)}), \\ \mathbb{B}_S(\cdot) &= \mathbb{B}_S(P^{(n)}, S^{(n)}, I^{(n)}, R^{(n)}, P^{(n+1)}, S^{(n+1)}, I^{(n+1)}, R^{(n+1)}) e \\ \mathbb{D}_S(\cdot) &= (I^{(n)}, R^{(n)}, I^{(n+1)}, R^{(n+1)}); \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \mathbb{A}_I(\cdot) &= \mathbb{A}_I(c), \\ \mathbb{B}_I(\cdot) &= \mathbb{B}_I(S^{(n)}, P^{(n)}, S^{(n+1)}, P^{(n+1)}) e \\ \mathbb{D}_I(\cdot) &= (S^{(n)}, P^{(n)}, S^{(n+1)}, P^{(n+1)}); \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \mathbb{A}_R(\cdot) &= \mathbb{A}_R(c), \\ \mathbb{B}_R(\cdot) &= \mathbb{B}_R(I^{(n)}, I^{(n+1)}) e \\ \mathbb{D}_R(\cdot) &= (I^{(n)}, I^{(n+1)}); \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \mathbb{A}_M(\cdot) &= \mathbb{A}_M(I^{(n)}, M^{(n)}, P^{(n)}, M(I^{(n+1)}, M^{(n+1)}, P^{(n+1)}), \\ \mathbb{B}_M(\cdot) &= \mathbb{B}_M(I^{(n)}, M^{(n)}, P^{(n)}, I^{(n+1)}, M^{(n+1)}, P^{(n+1)}) e \\ \mathbb{D}_M(\cdot) &= (P^{(n)}, P^{(n+1)}); \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \mathbb{A}_P(\cdot) &= \mathbb{A}_P(c), \\ \mathbb{B}_P(\cdot) &= \mathbb{B}_P(I^{(n)}, M^{(n)}, I^{(n+1)}, M^{(n+1)}) e \\ \mathbb{D}_P(\cdot) &= (M^{(n)}, I^{(n)}, M^{(n+1)}, I^{(n+1)}). \end{aligned}$$

na qual  $\mathbb{A}_I(c)$  e  $\mathbb{A}_R(c)$  são matrizes que dependem somente dos parâmetros.

Para resolver o sistema (4.24) baseamo-nos no método preditor-corretor proposto por Douglas e Dupont, em [19]. Este método de resolução consiste em, a cada passo do tempo, resolver o sistema não linear através de processos iterativos.

A seguir, vamos obter a solução aproximada do sistema (4.24) para  $n = 0$ . Temos, portanto, que resolver o seguinte sistema:

$$\begin{cases} \mathbb{A}_S(\cdot)S^{(1)} = \mathbb{B}_S(\cdot)S^{(0)} + \mathbb{D}_S(\cdot) \\ \mathbb{A}_I(\cdot)I^{(1)} = \mathbb{B}_I(\cdot)I^{(0)} + \mathbb{D}_I(\cdot) \\ \mathbb{A}_R(\cdot)R^{(1)} = \mathbb{B}_R(\cdot)R^{(0)} + \mathbb{D}_R(\cdot) \\ \mathbb{A}_M(\cdot)M^{(1)} = \mathbb{B}_M(\cdot)M^{(0)} + \mathbb{D}_M(\cdot) \\ \mathbb{A}_P(\cdot)P^{(1)} = \mathbb{B}_P(\cdot)P^{(0)} + \mathbb{D}_P(\cdot) \end{cases} \quad (4.25)$$

Dadas  $S^{(0)}, I^{(0)}, R^{(0)}, M^{(0)}, P^{(0)}$  as condições iniciais de cada uma das populações: Para encontrar  $S^{(1)}, I^{(1)}, R^{(1)}, M^{(1)}, P^{(1)}$  vamos inicialmente efetuar o processo iterativo citado acima, que passamos a descrever:

- calculamos  $S^{(*)}$  em

$$\begin{aligned} \mathbb{A}_S(S^{(0)}, I^{(0)}, P^{(0)}, R^{(0)}, S^{(0)}, I^{(0)}, P^{(0)}, R^{(0)})S^{(*)} = \\ \mathbb{B}_S(S^{(0)}, I^{(0)}, P^{(0)}, R^{(0)}, S^{(0)}, I^{(0)}, P^{(0)}, R^{(0)})S^{(0)} + \mathbb{D}_S(I^{(0)}, R^{(0)}, I^{(0)}, R^{(0)}) \end{aligned} e$$

obtemos o vector  $S^{(*)}$ .

- calculamos  $I^{(*)}$

$$\mathbb{A}_I(c)I^{(*)} = \mathbb{B}_I(P^{(0)}, S^{(*)}, S^{(0)}, P^{(0)})I^{(0)} + \mathbb{D}_I(S^{(0)}, P^{(0)}, S^{(*)}, P^{(0)}) \end{aligned} e$$

obtemos o vector  $I^{(*)}$ .

- calculamos  $R^{(*)}$

$$\mathbb{A}_R(c)R^{(*)} = \mathbb{B}_R(I^{(0)}, I^{(*)})R^{(0)} + \mathbb{D}_R(I^{(0)}, I^{(*)}) \end{aligned} e$$

obtemos o vector  $R^{(*)}$ .

- calculamos  $M^{(*)}$

$$\begin{aligned} \mathbb{A}_M(I^{(*)}, M^{(0)}, P^{(0)}, I^{(0)}, M^{(0)}, P^{(0)})M^{(*)} = \\ \mathbb{B}_M(I^{(*)}, M^{(0)}, P^{(0)}, I^{(0)}, M^{(0)}, P^{(0)})M^{(0)} + \mathbb{D}_M(P^{(0)}, P^{(0)}) \end{aligned} e$$

obtemos o vector  $M^{(*)}$ .

- calculamos  $P^{(*)}$

$$\mathbb{A}_P(c)P^{(*)} = \mathbb{B}_P(I^{(*)}, M^{(*)}, I^{(0)}, M^{(0)})P^{(0)} + \mathbb{D}_S(M^{(0)}, I^{(0)}, M^{(*)}, I^{(*)}) \end{aligned} e$$

obtemos o vector  $P^{(*)}$ .

Para encontrar  $S^{(**)}$ ,  $I^{(**)}$ ,  $R^{(**)}$ ,  $M^{(**)}$ ,  $P^{(**)}$ , fazemos o processo análogo ao anterior, do seguinte modo:

- calculamos  $S^{(**)}$

$$\mathbb{A}_S(S^{(0)}, I^{(0)}, P^{(0)}, R^{(0)}, S^{(*)}, I^{(*)}, P^{(*)}, R^{(*)})S^{(**)} = \\ \mathbb{B}_S(S^{(0)}, I^{(0)}, P^{(0)}, R^{(0)}, S^{(*)}, I^{(*)}, P^{(*)}, R^{(*)})S^{(0)} + \mathbb{D}_S(I^{(0)}, R^{(0)}, I^{(*)}, R^{(*)}) e \\ \text{obtemos o vetor } S^{(**)};$$

- calculamos  $I^{(**)}$

$$\mathbb{A}_I(c)I^{(**)} = \mathbb{B}_I(P^{(0)}, S^{(**)}, S^{(0)}, P^{(*)})I^{(0)} + \mathbb{D}_I(S^{(0)}, P^{(0)}, S^{(**)}, P^{(*)}) e \\ \text{obtemos o vetor } I^{(**)};$$

- calculamos  $R^{(**)}$

$$\mathbb{A}_R(c)R^{(**)} = \mathbb{B}_R(I^{(0)}, I^{(**)})R^{(0)} + \mathbb{D}_R(I^{(0)}, I^{(**)}) e \\ \text{obtemos o vetor } R^{(**)};$$

- calculamos  $M^{(**)}$

$$\mathbb{A}_M(I^{(**)}, M^{(*)}, P^{(*)}, I^{(0)}, M^{(0)}, P^{(0)})M^{(**)} = \\ \mathbb{B}_M(I^{(**)}, M^{(*)}, P^{(*)}, I^{(0)}, M^{(0)}, P^{(0)})M^{(0)} + \mathbb{D}_M(P^{(0)}, P^{(*)}) \\ \text{obtemos o vetor } M^{(**)};$$

- calculamos  $P^{(**)}$

$$\mathbb{A}_P(c)P^{(**)} = \mathbb{B}_P(I^{(**)}, M^{(**)}, I^{(0)}, M^{(0)})P^{(0)} + \mathbb{D}_S(M^{(0)}, I^{(0)}, M^{(*)}, I^{(**)}) e \\ \text{obtemos o vetor } P^{(**)}.$$

Continuamos sucessivamente este processo até obtermos, após  $k$  repetições,

$$S^{(1)} = S^{(k*)}, \quad I^{(1)} = I^{(k*)}, \quad R^{(1)} = R^{(k*)}, \quad M^{(1)} = M^{(k*)} \quad e \quad P^{(1)} = P^{(k*)}.$$

De acordo com Douglas e Dupont [19] não são necessárias mais que 5 iterações por passo no tempo.

## 4.4 Discretização da Região do Estado

Nesta sessão fizemos a discretização da região que é o domínio do nosso estudo de caso, conforme nos referimos nos capítulos anteriores, a província de Sofala, uma escolha, como indicado por possíveis adoções políticas públicas de contingência da malária e suas avaliações.

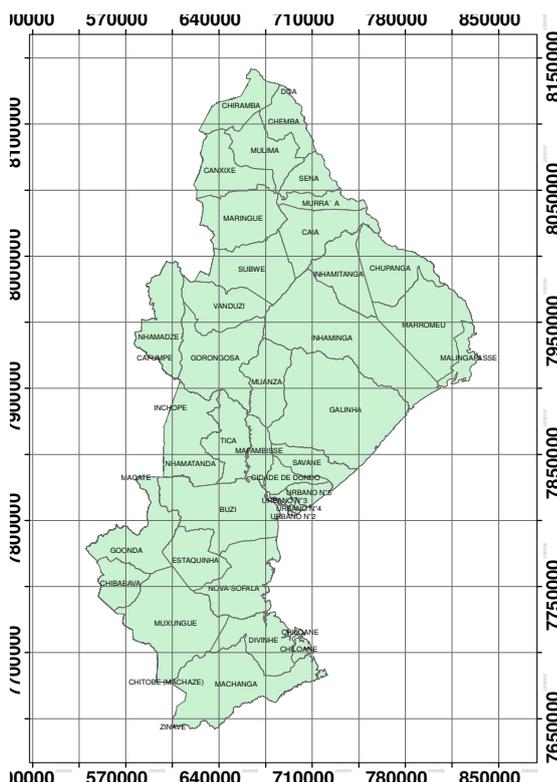


Figura 5 – Mapa da província de Sofala com subdivisão administrativa.

Dadas as características do sistema não linear de Equações Diferenciais Parciais com domínio totalmente irregular, sendo proveniente de uma região geográfica adotado na modelagem matemática, a opção natural (no sentido de ser mais indicada do que algumas outras clássicas, como diferenças finitas) é a de usar o Método de Galerkin para Elementos Finitos no espaço e um método do tipo preditor-corretor na aproximação temporal, com o método de Crank-Nicolson.

Na discretização do domínio, utilizamos um *Software* livre denominado *GMSH* para a malha da triangulação do domínio geográfico. *GMSH* é um gerador de malha de elementos finitos desenvolvido por Christophe Geuzaine e Jean-François Remacle. Liberado sob a licença GNU General Public (com uma exceção para permitir a ligação com outros geradores de malha específicos). O *GMSH* contém 1 módulo, para a descrição geométrica articulada. *GMSH* suporta entrada paramétrica, e avança mecanismos de visualização. Abaixo apresentamos a malha do domínio em estudo, na Figura 6, gerada no *Software* *GMSH*.

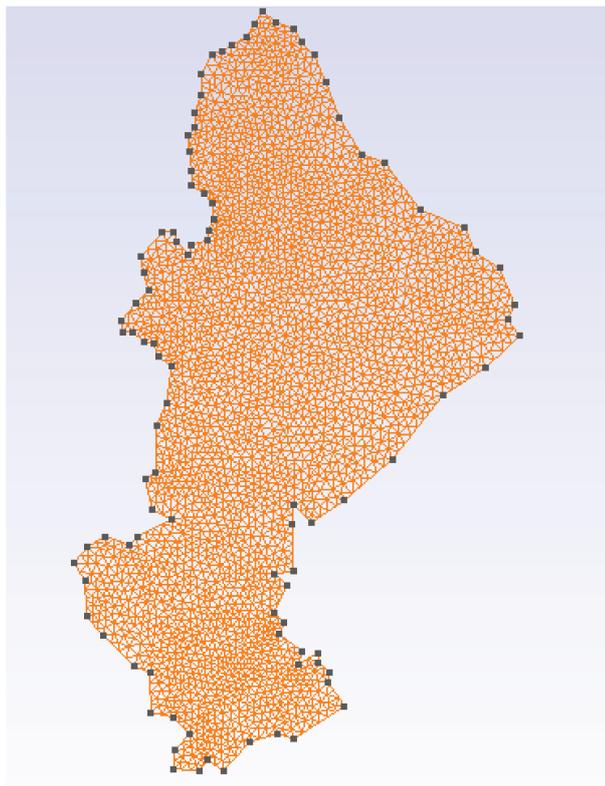


Figura 6 – Malha do domínio de estudo.

A Figura (6) mostra a discretização espacial do que representa a província de sofala. Utilizando o *Software Gmsh*, marcamos 96 pontos no contorno do domínio da província e a partir do mesmo *Software* geramos a malha de elementos finitos triangulares da 1<sup>a</sup> ordem com 3 graus de liberdade por elemento triangular, onde a malha contém 7577 elementos e 3940 nós.

No próximo Capítulo trazemos os dados reais de Moçambique de modo particular na província de Sofala e dedicamos a estimação dos parâmetros baseando-nos nesses dados.

## 5 Estimativa de Parâmetros

No Capítulo anterior, fizemos as discretizações espacial e temporal do problema em estudo e a discretização do seu domínio. Dedicamos este capítulo à estimação dos parâmetros. Para tornar os resultados das simulações mais próximos a realidade, cujos resultados serão apresentados no Capítulo 7, e para a validação do modelo escolhido, trazemos neste Capítulo alguns dados reais que foram coletados no local do estudo e, a partir destes, estimamos alguns parâmetros que são utilizados na geração dos cenários evolutivos e que foram fornecidos pela Direção Provincial de Saúde de Sofala, pelo Instituto Nacional de Estatística e pelo Instituto Nacional de Meteorologia da província de Sofala. Desses dados, temos números de casos confirmados e mortalidade por malária e por fim os dados da precipitação, respectivamente. Outros parâmetros são numericamente estimados, alguns obtidos na literatura e outros testados experimentalmente.

Como comentado anteriormente, dedicamos as seguintes seções a estimação de alguns parâmetros que foi possível determinar utilizando os dados reais coletados na província, outros parâmetros porém, encontramos disponíveis no Instituto Nacional de Estatística da república de Moçambique no anuário do país.

### 5.1 Parâmetros para a População de Humanos

Como o modelo apresentado no Capítulo 4 envolve dinâmica vital, trazemos nesta seção os dados de número de casos e óbitos por malária e Indicadores Demográficos da província, com estes dados foi possível determinar uma taxa ponderada de mortalidade por malária e encontrar taxas de natalidade e mortalidade, respectivamente. Tais dados foram fornecidos pela Direção Provincial da Saúde da Província de Sofala e pelo Instituto Nacional de Estatística.

Tabela 2 – Número de casos confirmados da malária por distritos na província de Sofala.

Distrito	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Beira	160023	162354	146748	111536	73571	67716	69297	67768	92500	68739
Búzi	58482	53815	46444	36271	28115	25685	16825	38657	63849	40007
Caia	36471	38243	29983	14630	18274	24932	24649	50588	46351	53956
Chemba	26919	24251	25336	21146	16909	14329	14057	22889	18404	18661
Cheringoma	5836	6636	5213	3824	2275	4811	4287	8063	13028	16486
Chibabava	42223	42952	44752	40179	29135	26909	19164	28667	54762	43979
Dondo	63272	70747	73948	42468	25927	24032	25890	46199	62303	69887
Gorongosa	38142	31725	31029	39297	32557	30134	33503	32944	40592	52929
Machanga	18128	17241	10185	12324	12998	10912	6614	12397	27185	11094
Maringue	17971	19774	28754	28268	24669	20265	12213	20307	29663	22790
Marromeu	37201	35657	41729	43397	20730	26955	23772	32621	35535	54878
Muanza	5497	5182	5859	6506	3932	5407	7283	10933	13175	10644
Nhamatanda	97141	101536	105377	64173	45799	42862	37748	42458	82325	85896
total	607307	610113	595357	464019	334891	324949	295302	414491	579672	549946

Fonte: Direção Provincial de Saúde de Sofala<sup>1</sup>.

A Tabela 2 mostra a evolução temporal do número de casos confirmados da malária distribuídos por 13 distritos na província de Sofala. Nestes dados podemos observar que nesta província, pelo menos 6 distritos tiveram redução no número de casos da malária a uma média de 64,4% e 55,8% entre os anos de 2006 à 2013 e 2009 à 2012 nos distritos de Beira, Búzi e Chemba e Chibabava, Dondo e Nhamatanda, respectivamente. Por outro lado, a pesar destes avanços na redução do número de casos, houve um aumento a uma média de 177,4% entre os anos de 2013 – 2015, a destacar nos distritos de Cheringoma, Dondo, Gorongosa, Marromeu e Nhamatanda enquanto em Beira, Búzi, Chibabavava, Machanga, Maríngue e Muanza aumentou em média 163% no ano de 2013 para 2015. Podemos ver ainda que os distritos mais atingidos recentemente, foram pela ordem, Nhamatanda, Dondo, Beira, Marromeu, Caia e Gorongosa, todos com muito mais casos que Muanza.

Analisando os dados da Tabela 2 a nível de toda a província, podemos ver que os casos de malária diminuíram 67,9% entre os anos de 2007 e 2012 e no entanto de 2012 para 2014 houve um acréscimo brusco de 196,28%.

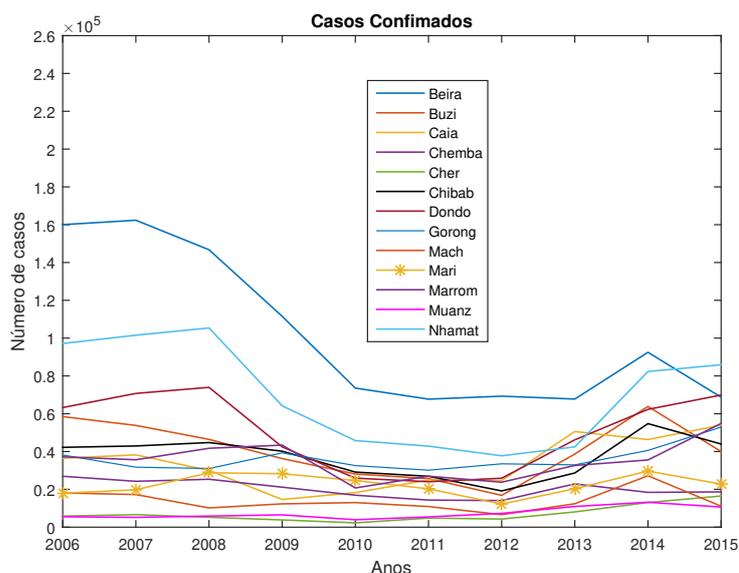


Figura 7 – Casos confirmados da malária por distritos.

Na Figura 7 podemos observar o número de casos da malária que identifica comparativamente a sua evolução no período de 2006 – 2015 nos diversos distritos de Sofala.

<sup>1</sup> Comunicação pessoal do programa de malária da província de Sofala - Moçambique, Janeiro de 2016

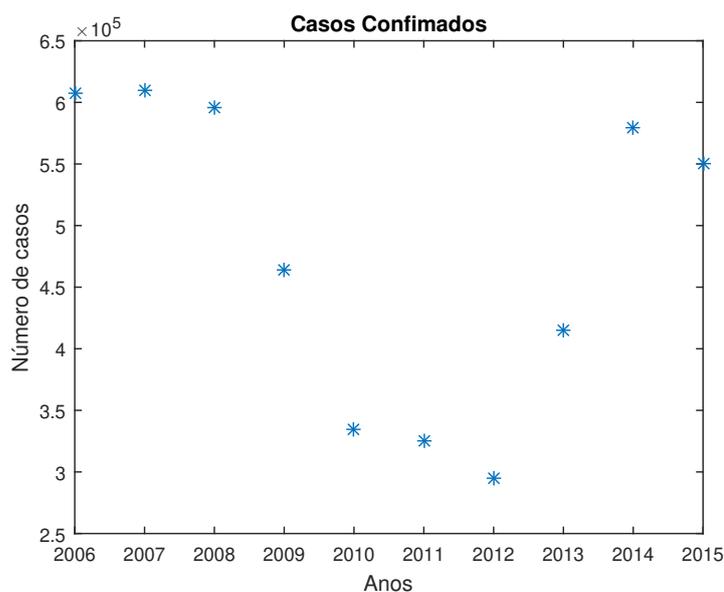


Figura 8 – Total casos confirmados por malária na província de Sofala.

A Figura 8 mostra os casos de malária em toda a província de Sofala. De acordo com as autoridades da Saúde de Sofala medidas de combate a esta doença vem sendo feitas, conforme vimos no Capítulo 2, para eliminação deste mal. No entanto, observando a figura, vemos o reaparecimento de um pico no número de casos da doença no ano de 2014.

Tabela 3 – Número de óbito por malária por distritos na província de Sofala.

Distrito	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Beira	223	129	178	85	33	22	32	37	124	62
Búzi	31	42	31	14	23	24	11	15	10	6
Caia	28	19	19	6	3	14	10	28	13	3
Chemba	-	-	-	3	6	1	9	7	1	10
Cheringoma	-	-	2	1	3	4	2	4	4	3
Chibabava	48	48	5	8	1	10	5	16	17	11
Dondo	49	58	51	24	29	21	20	37	9	29
Gorongosa	3	1	-	-	5	19	30	4	2	4
Machanga	6	14	5	8	4	1	-	5	-	-
Maríngue	13	7	5	19	2	5	-	2	7	2
Marromeu	52	77	84	41	38	46	27	31	20	14
Muanza	3	-	7	7	-	-	1	2	4	1
Nhamatanda	91	126	187	86	28	49	67	25	63	36
Total	547	501	532	302	175	216	214	208	279	181

Fonte: Direção Provincial de Saúde de Sofala<sup>2</sup>.

A Tabela 3 mostra o número de óbitos pela doença, fornecidos pela Direção Provincial da Saúde da província de Sofala. Observando esta tabela, podemos destacar os distritos de Beira, Búzi, Caia, Chibabava, Dondo, Marromeu e Nhamatanda que ao

<sup>2</sup> Comunicação pessoal do programa de malária da província de Sofala - Moçambique, Janeiro de 2016

longo desses anos apresentaram mais casos de óbitos em relação aos outros distritos. No entanto, de 2006 para 2013 houve diminuição de 43,9% em média, mas os distritos da Beira e Nhamatanda nos anos de 2013 para 2014 aumentou 293%.

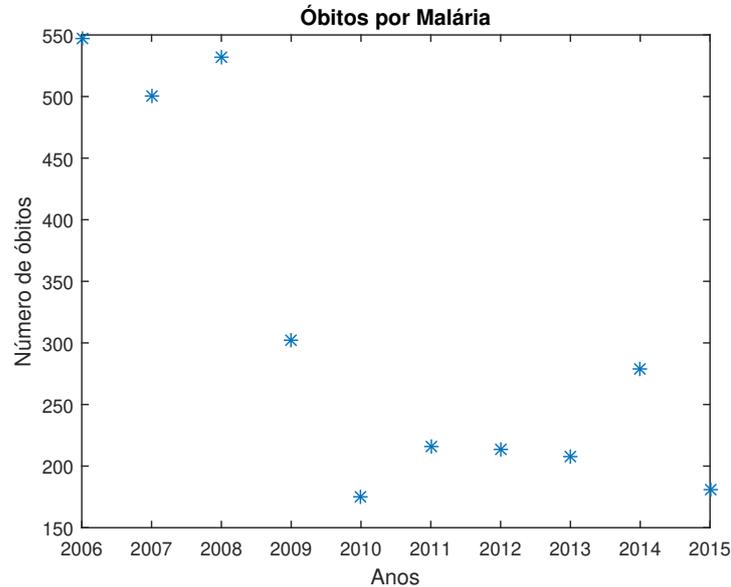


Figura 9 – Total casos confirmados por malária na província de Sofala.

A Figura 9 mostra o comportamento de óbitos em toda a província de Sofala, contrário ao número de casos, observamos nesta figura uma queda considerável no número de óbitos.

Analisando Tabelas 2 e 3 podemos ver que em todos os distritos a malária continua a representar a grave ameaça a saúde pública com quase 200 casos de mortalidade praticamente para 550000 casos. Ora isto corresponde a cerca de 1 óbito a cada 30000 casos. Analisando estas Tabelas e as respetivas figuras, podemos ver que os dados sugerem que a malária na província de Sofala tende a ter um comportamento instável.

Utilizando os dados das Tabelas 2 e 3 podemos calcular a taxa de mortalidade pela malária em cada distrito entre os anos de 2006 e 2015, a partir da seguinte expressão:

$$\mu_I = \frac{\text{número de óbitos}}{\text{número de casos}}. \quad (5.1)$$

Tabela 4 – Taxa de mortalidade pela malária por distritos na província de Sofala, 2006-2010.

Distrito	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Beira	0,0014	$7,9456 \times 10^{-4}$	0,0012	$7,6209 \times 10^{-4}$	$4,4855 \times 10^{-4}$	$3,2489 \times 10^{-4}$	$4,6178 \times 10^{-4}$	$5,4598 \times 10^{-4}$	0,0013	$9,0196 \times 10^{-4}$
Búzi	$5,3008 \times 10^{-4}$	$7,8045 \times 10^{-4}$	$6,6747 \times 10^{-4}$	$3,8598 \times 10^{-4}$	$8,1807 \times 10^{-4}$	$9,3440 \times 10^{-4}$	$6,5379 \times 10^{-4}$	$3,8803 \times 10^{-4}$	$1,5662 \times 10^{-4}$	$1,4997 \times 10^{-4}$
Caia	$7,6773 \times 10^{-4}$	$4,9642 \times 10^{-4}$	$6,3369 \times 10^{-4}$	$4,1012 \times 10^{-4}$	$1,6417 \times 10^{-4}$	$5,6153 \times 10^{-4}$	$4,0570 \times 10^{-4}$	$5,5349 \times 10^{-4}$	$2,8047 \times 10^{-4}$	$5,5601 \times 10^{-5}$
Chemba	-	-	-	$1,4187 \times 10^{-4}$	$3,5484 \times 10^{-4}$	$6,9789 \times 10^{-5}$	$6,4025 \times 10^{-4}$	$3,0582 \times 10^{-4}$	$5,4336 \times 10^{-5}$	$5,3588 \times 10^{-4}$
Cheringoma	-	-	$3,8366 \times 10^{-4}$	$2,6151 \times 10^{-4}$	0,0013	$8,3143 \times 10^{-4}$	$4,6653 \times 10^{-4}$	$4,9609 \times 10^{-4}$	$3,0703 \times 10^{-4}$	$1,8197 \times 10^{-4}$
Chibabava	0,0011	0,0011	$1,1173 \times 10^{-4}$	$1,9911 \times 10^{-4}$	$3,4323 \times 10^{-4}$	$3,7162 \times 10^{-4}$	$2,6091 \times 10^{-4}$	$5,5818 \times 10^{-4}$	$3,1043 \times 10^{-4}$	$2,5016 \times 10^{-4}$
Dondo	$7,7443 \times 10^{-4}$	$8,1982 \times 10^{-4}$	$6,8967 \times 10^{-4}$	$5,6513 \times 10^{-4}$	0,0011	$8,7383 \times 10^{-4}$	$7,7250 \times 10^{-4}$	$8,0088 \times 10^{-4}$	$1,4446 \times 10^{-4}$	$4,1496 \times 10^{-4}$
Gorongosa	$7,8653 \times 10^{-4}$	$3,1521 \times 10^{-4}$	-	-	$1,5358 \times 10^{-4}$	$6,3052 \times 10^{-4}$	$8,9544 \times 10^{-4}$	$1,2142 \times 10^{-4}$	$4,9273 \times 10^{-4}$	$7,5573 \times 10^{-4}$
Machanga	$3,3089 \times 10^{-4}$	$8,1202 \times 10^{-4}$	$4,9092 \times 10^{-4}$	$6,4914 \times 10^{-4}$	$3,0774 \times 10^{-4}$	$9,1642 \times 10^{-4}$	-	$4,0322 \times 10^{-4}$	-	-
Maringue	$7,2339 \times 10^{-4}$	$2,5286 \times 10^{-4}$	$1,7389 \times 10^{-4}$	$7,7214 \times 10^{-4}$	$8,107 \times 10^{-4}$	$2,4673 \times 10^{-4}$	-	$9,8488 \times 10^{-5}$	$2,3598 \times 10^{-4}$	$8,7758 \times 10^{-5}$
Marromeu	0,0014	0,0022	0,0020	$9,4477 \times 10^{-4}$	0,0018	0,0017	0,0011	$9,5031 \times 10^{-4}$	$5,6285 \times 10^{-4}$	$2,5511 \times 10^{-4}$
Muanza	$5,4575 \times 10^{-4}$	-	0,0012	0,0011	-	-	$1,3731 \times 10^{-4}$	$1,8393 \times 10^{-4}$	$3,0361 \times 10^{-4}$	$9,3950 \times 10^{-4}$
Nhamatanda	$9,3678 \times 10^{-4}$	0,0012	0,0018	0,0013	$6,1137 \times 10^{-4}$	0,0011	0,0018	$5,8882 \times 10^{-4}$	$7,6526 \times 10^{-5}$	$4,1911 \times 10^{-4}$

A Tabela 4 mostra as taxas de mortalidade de cada distrito de Sofala calculadas a partir dos dados obtidos junto às autoridades da saúde de Sofala. Esta tabela permite observar o quanto seria importante avaliar a adoção das políticas públicas de contingenciamento e de combate ao vetor de modo criterioso e eficiente.

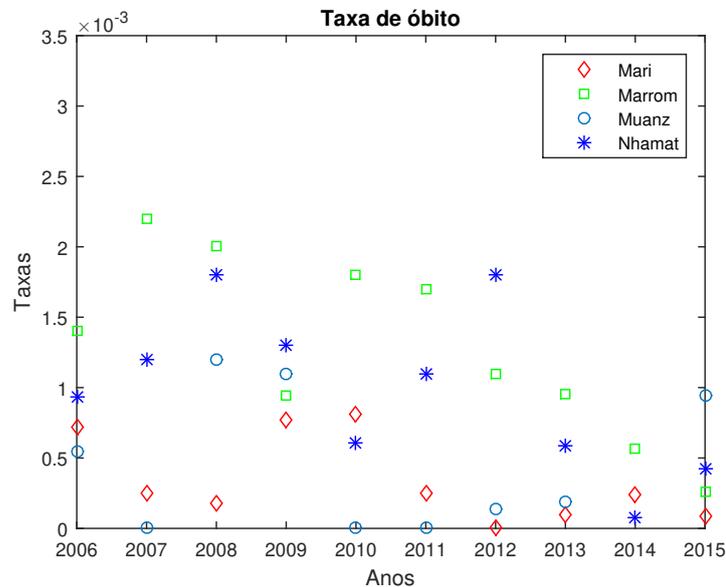


Figura 10 – Taxa de óbitos.

A Figura 10 mostra as taxas de mortalidade apenas dos distritos de Maríngue, Marromeu, Muanza e Nhamatanda; nesta figura podemos observar a oscilação das taxas de mortalidade no decorrer dos anos (2006-2015), sendo o distrito de Marromeu com maiores taxas nesses anos. Um estudo feito na província de Tete [46] indica possíveis casos desta instabilidade.

Tabela 5 – Taxa média de mortalidade pela malária.

Distrito	Taxa	Distrito	Taxa	Distrito	Taxa
Beira	$8,1 \times 10^{-4}$	Chibabava	$4,6 \times 10^{-4}$	Maríngue	$3,4 \times 10^{-4}$
Buzi	$5,5 \times 10^{-4}$	Dondo	$7,0 \times 10^{-4}$	Marromeu	0,0013
Caia	$4,8 \times 10^{-4}$	Gorongosa	$4,2 \times 10^{-4}$	Muanza	$4,4 \times 10^{-4}$
chemba	$2,1 \times 10^{-4}$	Machanga	$3,9 \times 10^{-4}$	Nhamatanda	$9,8 \times 10^{-4}$
Cheringoma	$4,2 \times 10^{-4}$				

Na Tabela 5 mostra a taxa média de mortalidade pela malária de cada distrito na província de Sofala.

Estimando, portanto, o valor de  $\mu_I$ , a taxa de mortalidade por malária com média ponderada dos valores da Tabela 5, obtemos  $\mu_I = 4,9613 \times 10^{-4}$ .

Tabela 6 – Indicadores demográficos na província de Sofala.

Ano	E. de vida HM (anos)	TBM	TBN	TC
2008	51,3	14,3	42,0	2,8
2009	51,7	14,0	41,8	2,8
2010	52,1	13,7	41,6	2,8
2011	52,4	13,5	41,4	2,8
2012	52,8	13,2	41,1	2,8
2013	53,1	12,9	40,5	2,8
2014	53,5	12,7	39,9	2,7

Fonte: Anuário do Instituto Nacional de Estatística-Moçambique.

A Tabela 6 mostra os indicadores demográfico da província de Sofala entre os anos 2008 e 2014, que são a esperança de vida ao nascer, a taxa bruta de mortalidade (TBM) por 1000 ( $\mu_S$ ), a taxa bruta de natalidade (TBN) ( $\lambda_H$ ) por 1000 e taxa de crescimento populacional.

## 5.2 Taxa Intrínseca do Crescimento do Mosquito

Os fatores naturais são as principais causas que influenciam na dinâmica da transmissão da malária. O maior risco que contribui para a procriação do mosquito podem ser as temperaturas elevadas, a precipitação e a umidade. Com efeito, os ovos do mosquito podem sobreviver ao clima quente e úmido, por sua vez as chuvas influenciam na criação ou no aumento dos locais de reprodução consequentemente aumentando a densidade de mosquito e a extensão do raio de transmissão da doença.

No Capítulo 4 vimos que a densidade do mosquito varia sazonalmente, como podemos encontrar em [24], a precipitação, a temperatura e o vento podem favorecer na dinâmica do mosquito assim como na transmissão do parasita. Nesta seção utilizamos os dados da precipitação em milímetros para estimar o parâmetro  $\lambda_M$  descrito no modelo escolhido para a malária dada pela equação (3.2) que é a taxa intrínseca do nascimento da população de mosquito, já que, em muitos casos, o mosquito necessita de água para a oviposição.

Tabela 7 – Precipitação em milímetros (mm) na província de Sofala.

	Jan	Feb	Mar	Abr	Mai	Jun	Jul	Ago	Set	Out	Nov	Dez
2006	338,4	164,7	661,9	118,2	10,4	10,1	3,7	11,3	0,6	3,8	88,9	224,8
2007	610,6	234,0	173,4	281,6	40,0	60,3	17,4	28,6	0,3	48,8	91,9	547,9
2008	417,3	152,6	339,5	46,1	16,2	12,1	25,3	18,3	1,7	4,9	1,4	427,1
2009	70,7	311,2	175,0	132,1	74,6	9,9	122,9	37,1	42,5	107,6	187,2	188,9
2010	173,5	223,4	138,5	146,2	136,5	56,4	72,9	24,2	15,4	10,9	132,0	134,6
2011	372,5	102,3	201,2	452,9	31,9	5,4	13,3	4,3	3,7	6,1	87,4	49,2
2012	195,3	22,7	260,4	137,1	30,6	9,2	11,5	5,3	11,8	42,9	195,2	242,6
2013	253,8	533,7	200,6	66	23,4	18,4	99,3	11,3	2,6	203,1	42,8	256
2014	575,3	249,7	159,3	246	246,9	71,5	30,1	4,2	39,2	39	66,8	244,6
2015	79,7	289,3	58	138,5	15,4	17,5	3	0,2	28,8	13,4	24,7	239,4

Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia Regional Centro, Sofala-Moçambique<sup>3</sup>.

Os dados da Tabela 7 fornecem a precipitação em milímetro na província de Sofala de 2006 à 2015.

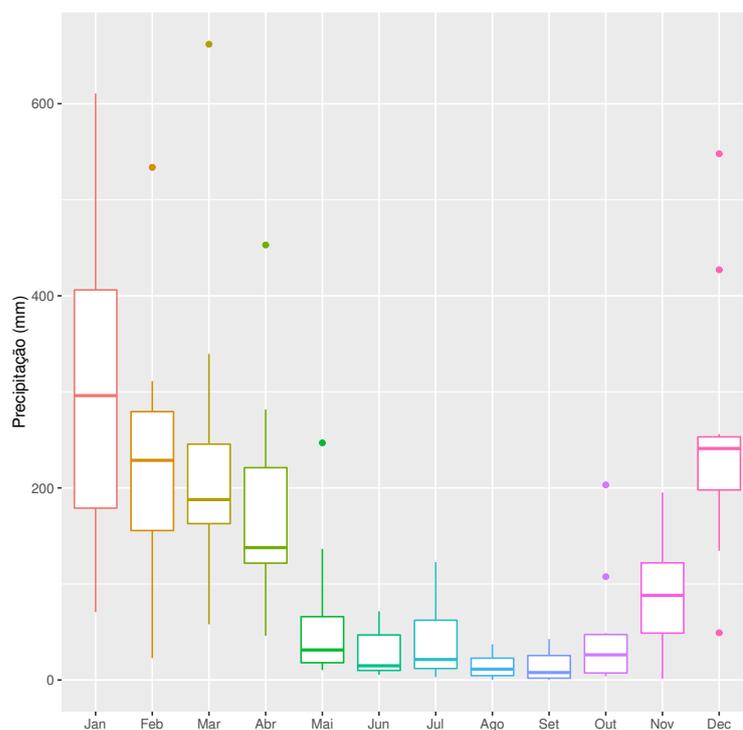


Figura 11 – Gráfico da precipitação.

A Figura 11 mostra a precipitação durante os 10 anos, esta figura foi feita no *Software-R*. A época entre os meses de maio e outubro é, no geral, o período de seca e o de chuvas podem se iniciar na média a partir de novembro se prologar até o mês de abril.

Segundo estudo em [35], na época seca a densidade do mosquito é menor que na época chuvosa, consequentemente na época chuvosa temos maior densidade da população

<sup>3</sup> Comunicação pessoal, Rosita Fernando em 28 de Janeiro de 2016, recebida por correio eletrônico

do vetor e, portanto, maior transmissão da doença. Neste estudo, os autores relacionaram a influência das temperaturas e chuvas à abundância do mosquito e a prevalência do parasita, *P. falsiparum*. No estudo citado, os autores consideraram dois ciclos chuvosos, de Novembro de 1994 a Abril de 1996. A seguir apresentamos os gráficos da temperatura e do período de chuvas e a prevalência do mosquito com a consequente prevalência do *P. falsiparum*.

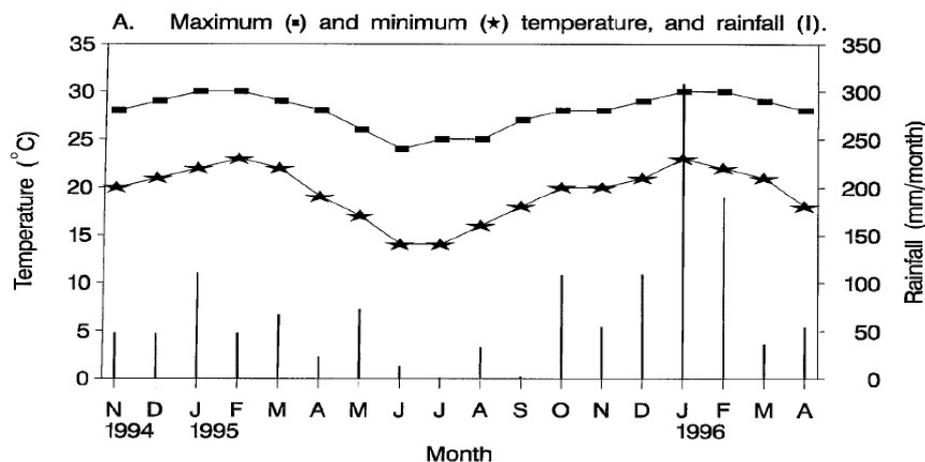


Figura 12 – Temperatura ( $C^{\circ}$ ) e precipitação (mm/mês), segundo [35].

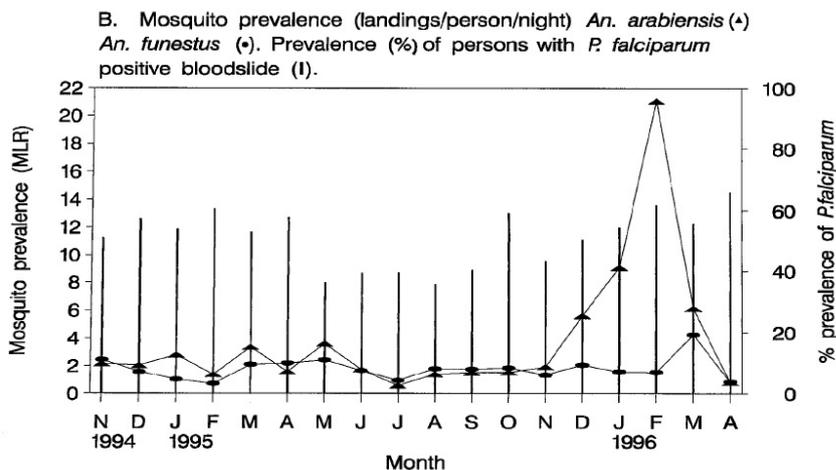


Figura 13 – Prevalência do mosquito e do *P. falsiparum* também segundo [35].

A Figura 12 sugere uma periodicidade, cujo período é de aproximadamente 6 meses, e podemos observar que há uma relação entre a temperatura e a precipitação e a porcentagem da prevalência do mosquito e de pessoas com o *P. Falsiparum* positivo no sangue como podemos observar na Figura 13.

Com esta intuição, estimamos a taxa intrínseca de crescimento da população de mosquito, o parâmetro  $\lambda_M$ . Inicialmente calculamos a média da precipitação (mm) de cada mês durante os 10 anos, vide Figura 14.

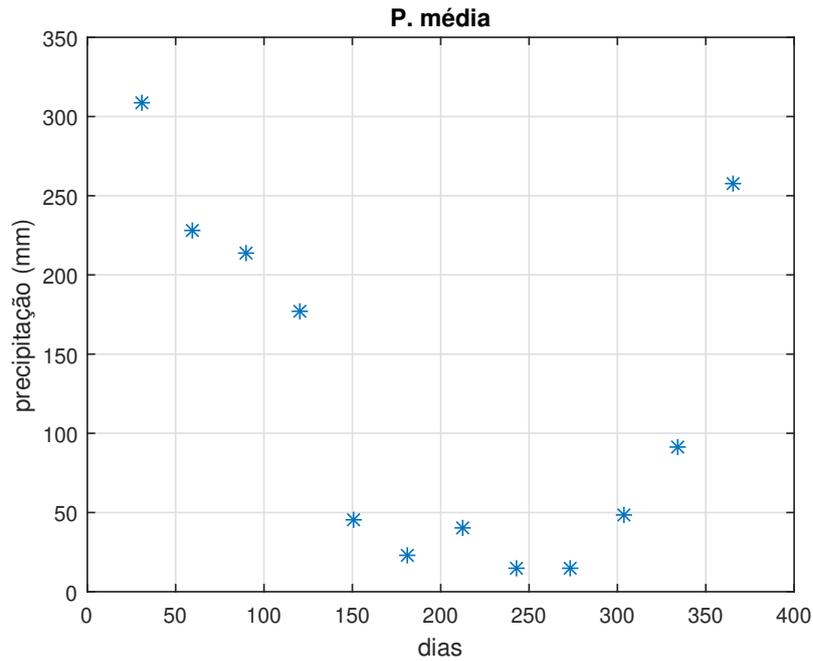


Figura 14 – Precipitação média mensal dos 10 anos.

Para aproximar tais médias com uma função analítica adequada, escolhemos a função cosseno, fazendo deste modo, o ajuste da curva pelo Método de Quadrados Mínimos [47], ajustando aos dados uma curva dada por:

$$P = \lambda_P + \omega_P \cos\left(t \frac{\pi}{180}\right). \quad (5.2)$$

Para encontrar  $\lambda_P$  e  $\omega_P$ , resolvemos o sistema de  $A^T A x = A^T b$ , em que  $A$  é a matriz,  $x$  e  $y$  são os vetores dados por:

$$A = \begin{bmatrix} N & \sum_{i=1}^{12} \cos\left(\frac{\pi t_i}{180}\right) \\ \sum_{i=1}^{12} \cos\left(\frac{\pi t_i}{180}\right) & \sum_{i=1}^{12} \left(\cos\left(\frac{\pi t_i}{180}\right)\right)^2 \end{bmatrix}$$

$$x = \begin{bmatrix} \lambda_0 \\ \omega \end{bmatrix}$$

$$y = \begin{bmatrix} \sum_{i=1}^{12} \lambda_i \\ \sum_{i=1}^{12} \cos\left(\frac{\pi t_i}{180}\right) \lambda_i \end{bmatrix}.$$

com  $y = A^T b$  e  $A = A^T A$  e resultado é dado por:

$$\lambda_P = 120.3661 \text{ e } \omega_P = 88.0108.$$

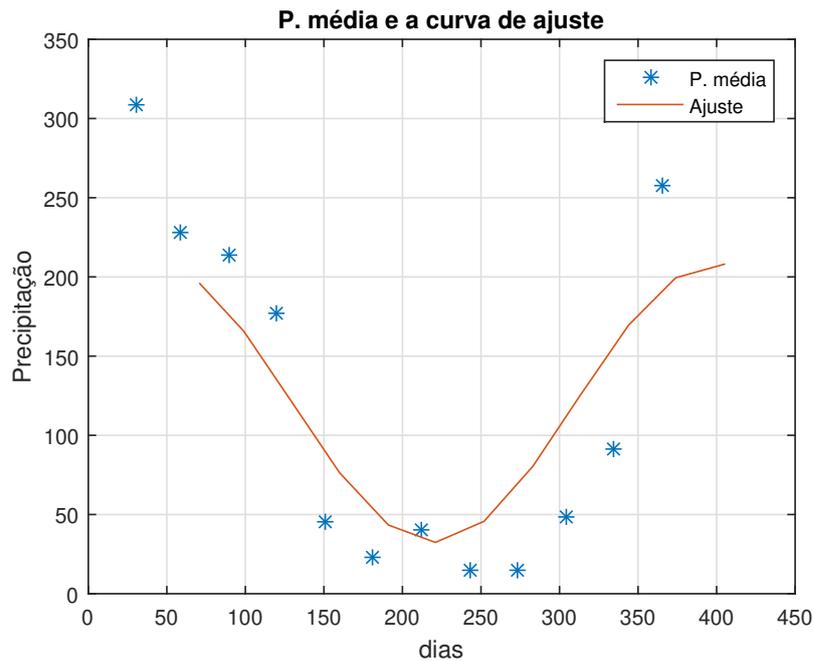


Figura 15 – Precipitação média em mm e a curva de ajuste para a província de Sofala, no período de 2006 a 2015.

A Figura 15 mostra a precipitação anual média da província de Sofala e a respectiva curva de ajuste.

A partir do ajuste feito para a precipitação, utilizamos uma taxa de crescimento população que acompanha de perto a oscilação da precipitação. Para isto este trabalho normaliza a precipitação de chuva:  $\bar{P}(t) = \frac{P(t)}{617,4}$ . Supomos que a taxa intrínseca será linearmente dependente dos valores da precipitação normalizados.

Consideramos, então  $\lambda = \rho P(t)$  e após alguns testes de tentativa e erro, optamos pela estimativa  $\rho = 0.0016$  (no entanto, o algoritmo computacional permite qualquer outro valor positivo para esta proporcionalidade). A racionalidade desta escolha baseou-se, também - e estimativamente - apenas em C. Mendis *et al*, [35].

Assim, obtemos para  $\lambda_M(t)$  a expressão estimada e ajustada com o uso do Método de Quadrados Mínimos.

$$\lambda_M = \lambda_M(t) = \lambda_0 + \omega \cos\left(\frac{\pi}{180}t\right),$$

com  $\lambda_0 = 0.1950$  e o  $\omega = 0.1426$ . Esta curva visa reproduzir a variação cíclica da taxa intrínseca da natalidade ao longo das sucessivas estações do ano.

Ora isto indica que em época de seca, o  $\lambda$  se aproxima de 0.089 e, nas chuvas, de 0,5. Mesmo com erros identificáveis na Figura 15, temos uma curva que aproxima, de modo minimamente adequado a variação do  $\lambda_M(t)$ .

Até aqui, a variação temporal foi no intervalo  $[0, 400]$ ; referindo-se a dias e a variação da precipitação medida em mm. Na Figura 16, o eixo das ordenadas expressa a dependência de taxa de natalidade variando linearmente com a precipitação (em 1ª aproximação). Esta transformação foi feita associando a máxima precipitação a maior taxa de natalidade, obtendo o parâmetro  $\rho = 0,0016$ .

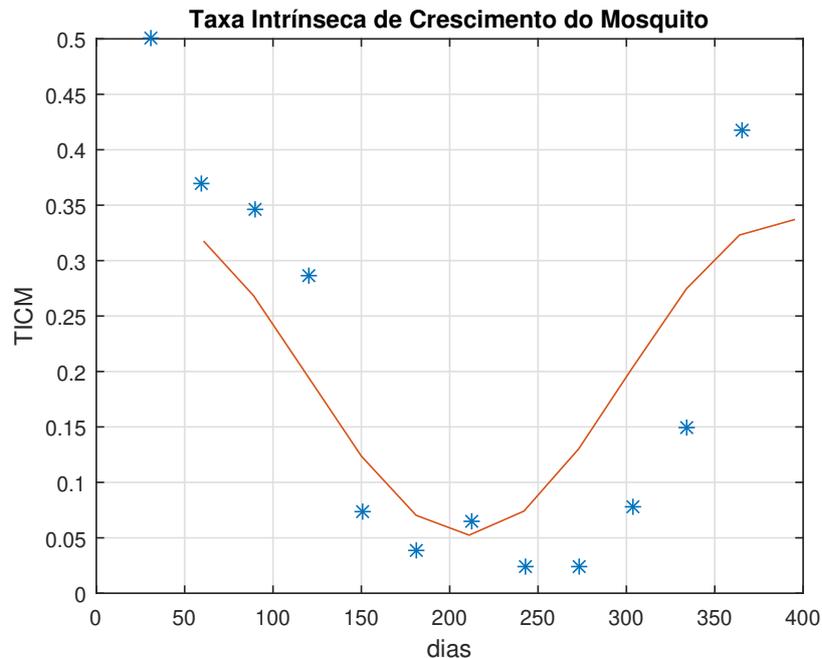


Figura 16 – Gráfico aproximado da taxa intrínseca do mosquito.

Na Figura 16, temos o parâmetro  $\lambda_M$ , que é a taxa intrínseca da nascimento do mosquito que varia, sazonalmente, isto é, de acordo com a precipitação ao longo do ano.

### 5.3 Parâmetros de Contato

Os parâmetros  $\beta_H$  e  $\beta_M$  são as taxas de encontro de humano suscetível com o mosquito portador e de mosquito não portador com humano infectado respectivamente descritos no modelo (3.2) do capítulo 4, são importantes do ponto de vista da propagação da doença. Tais parâmetros variam de maneira evidente se a estação é chuvosa ou seca devido a abundância do mosquito ou não. Nesta seção vamos estimar estes parâmetros utilizando os estudos de C. Medis *et al* [35].

De acordo com o modelo (3.2), o parâmetro  $\beta_H$  é a taxa em que um mosquito portador pica um indivíduo suscetível e  $\beta_M$  é a taxa em que um mosquito não portador pica um indivíduo infectado. Considerando os dados da tabela em [35], obtemos para o mosquito infectado humano e suscetível  $\beta_H = 3,34 \times 10^{-2}$  (em período chuvoso),  $\beta_H = 5,12 \times 10^{-2}$  (se o verão for muito chuvoso) e  $\beta_H = 2,6 \times 10^{-2}$  em período de seca, respectivamente.

Analogamente temos para o mosquito (mosquito não portador e humano infectado), ou seja, o  $\beta_M$  foi obtido considerando o  $\beta_H$  e o fato de que um mosquito pode picar até 15 vezes [33] e como um mosquito infectado pica mais vezes que um mosquito não infectado [26], obtivemos  $\beta_M = 4,6 \times 10^{-3}$ ,  $\beta_M = 6,8 \times 10^{-3}$  e  $\beta_M = 3,5 \times 10^{-3}$  e respectivamente para iguais períodos de  $\beta_H$  e assumindo que um mosquito não infectado pode picar até cerca de 50% das 15 picada em humanos.

No próximo Capítulo, vamos apresentar os resultados de diferentes cenários que aproximam a dinâmica desta doença na população em épocas distintas do ano (período de chuva e de seca) que se dá em aproximadamente em 180 dias.

## 6 Simulações e Resultados

Este Capítulo é dedicado a apresentação dos resultados das simulações numéricas computacionais. Como podemos ver em [55], as simulações tem por finalidade ilustrar as soluções aproximadas, no nosso caso, obtidas através dos Métodos de Elementos Finitos via Galerkin e de Diferenças Finitas através de Crank-Nicolson. Alguns dos parâmetros utilizados foram estimados no capítulo anterior. A implementação do algoritmo foi realizado em ambiente do *Software* Matlab. Os diferentes cenários que apresentamos são resultados desses experimentos que retratam a dispersão da malária em uma região, com ação antrópica e em uma malha irregular como descrevemos no modelo que adotamos para o nosso estudo.

### 6.1 Simulações

Nas simulações que passamos a apresentar, consideramos dois focos da malária, na qual, colocamos na população uma densidade inicial de indivíduos humanos infectados e mosquitos portadores cuja escolha dos focos foi aleatória. Nestes cenários consideramos as estações do ano que prevalecem na região do estudo que são seca e chuvosa, no entanto simulamos também um cenário que corresponde um período de muita chuva. Na implementação cada cenário apresentado é de 180 dias que corresponde aproximadamente a uma estação chuvosa ou seca e o tempo de duração das simulações foi em média 24 horas mas acreditamos que com uso de um *Cluster*, podemos minimizar o tempo das simulações.

Os diferentes cenários apresentados são resultados de simulações numérico computacionais subdivididos em:

- Vigilância sanitária deficiente com três cenário correspondente a três períodos que são de muita chuva, de chuva e de seca variando os parâmetros de contato em cada período.
- Vigilância sanitária eficiente, isto é a aplicação de inseticidas nos cenários que é o mecanismo de controle e combate a malária adotado em Sofala e em todo o país, nos três períodos, como medidas recomendadas pela OMS.

#### 6.1.1 Cenário com Vigilância Deficiente

Inicialmente consideramos um caso extremo, simulamos nesta seção a deficiência no combate a malária com o intuito de analisar o impacto do espalhamento geográfico da transmissão da malária na região de Sofala. Na simulação consideramos uma vigilância

deficiente nos dois períodos de muita chuva e de chuva respectivamente e no período de seca não incluímos nenhum tipo de controle na população, ou seja, neste período consideramos apenas a mortalidade natural do mosquito.

Tabela 8 – Parâmetros estimados com mortalidade antrópica Deficiente.

Parâmetro	Período muito chuvoso	Período chuvoso	Período de seca	Unidade
$\alpha_S = \alpha_I = \alpha_R$	0,0015	0,0015	0,0015	$km^2 dia^{-1}$
$\alpha_M = \alpha_P$	$0.1 \times 10^{-2}$	$0.1 \times 10^{-2}$	$0.1 \times 10^{-2}$	$dia^{-1}$
$\mathbb{V}_S = \mathbb{V}_I = \mathbb{V}_R$	0	0	0	$dia^{-1}$
$\mathbb{W}_M = \mathbb{W}_P$	0,0003	0,0003	0,0003	$dia^{-1}$
$\lambda_H$	$1,13 \times 10^{-4}$	$1,13 \times 10^{-4}$	$1,13 \times 10^{-4}$	$dia^{-1}$
$\mu_S$	$3,8 \times 10^{-5}$	$3,8 \times 10^{-5}$	$3,8 \times 10^{-5}$	$dia^{-1}$
$\mu_I$	$4,96 \times 10^{-4}$	$4,96 \times 10^{-4}$	$4,96 \times 10^{-4}$	$dia^{-1}$
$\mu_R$	0	0	0	$dia^{-1}$
$\mu_N$	0,033	0,033	0,033	$dia^{-1}$
$\mu_A$	0,167	0,167	0	$dia^{-1}$
$\gamma_H$	0,45	0,45	0,45	$dia^{-1}$
$\delta_H$	0,067	0,067	0,067	$dia^{-1}$
$\beta_H$	$5,12 \times 10^{-2}$	$3,4 \times 10^{-2}$	$2,6 \times 10^{-2}$	$dia^{-1}$
$\beta_M$	$6,8 \times 10^{-3}$	$4,6 \times 10^{-2}$	$3,5 \times 10^{-3}$	$dia^{-1}$

Na Tabela 8 apresentamos os valores dos parâmetros que foram utilizados nas simulações dos diferentes cenários com exceção do parâmetro  $\lambda_M$  que varia sazonalmente cuja expressão é:  $\lambda_M = \lambda_0 + \omega \cos(\frac{\pi}{180}t)$ . Nesta tabela contém a taxa de antrópica deficiente para os períodos de chuva e de muita chuva e período de seca fizemos a simulação apenas com a mortalidade natural de mosquito, e nos períodos de muita chuva e de chuva com taxa de mortalidade antrópica reduzida.

Como não tivemos informações sobre os ventos predominantes na região do estudo, colocamos vento de modo que satisfaz o número de pecllet,  $\mathbb{W}_M = \mathbb{M}_P \neq 0$  considerando assim processos migratórios para a população de mosquitos não portadores e portadores, para a população humana consideramos  $\mathbb{V}_S = \mathbb{V}_I = \mathbb{V}_R = 0$  e as taxas de difusão para a população de humanos bem como para os mosquitos podemos encontrar em [22];  $K = 1000000$  e  $L = 1000000000$  que representam as capacidades de suporte para os humanos e mosquitos,  $\mu_A$  que é a mortalidade antrópica de mosquito e  $\delta_H$  que representa a taxa de retorno de humanos à classe de suscetíveis foram obtidos experimentalmente,  $\lambda_H$  e  $\mu_S$  são as taxas de natalidade e mortalidade obtidas a partir dos indicadores demográficos do país, como um indivíduo leva em média 15 dias para se recuperar da doença  $\gamma_H = 1/15$ ,  $\mu_M = 1/30$  supondo que o mosquito pode viver 30 dias e por fim temos as taxas de contacto  $\beta_H$  e  $\beta_M$  que foram estimados utilizado os dados em [35].

As condições iniciais são dadas pelas seguintes densidades:  $S^0 = 15,28$ ,  $I^0 = 8,96$ ,  $R^0 = 8,95$ ,  $M^0 = 229,16$  e  $P^0 = 9,52$  em que as condições iniciais para as

densidades populacionais são colocados em cada nó e exceto para as densidades populacionais de humanos infectados e mosquitos portadores são colocados nos nós 1000 e 2000. As densidades iniciais das subpopulações foram obtidas utilizando a razão dada por: (Densidade = habitante/área). Os parâmetros de difusão para as populações de humanos e mosquitos podemos encontrar disponíveis em [22].

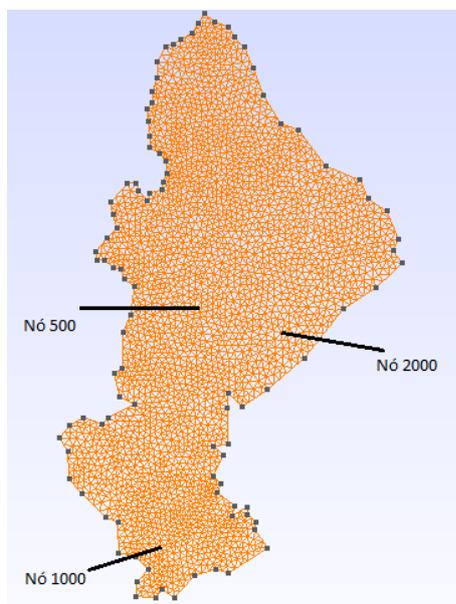
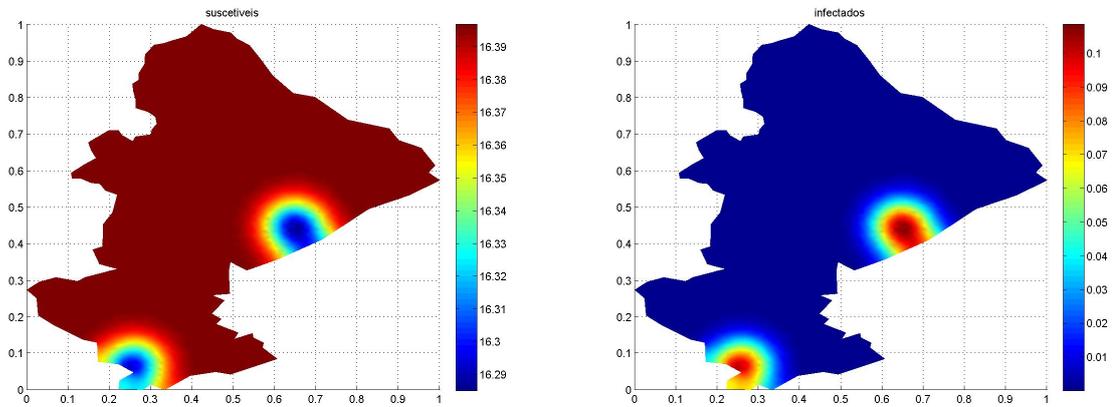


Figura 17 – Malha com identificação dos nós observados.

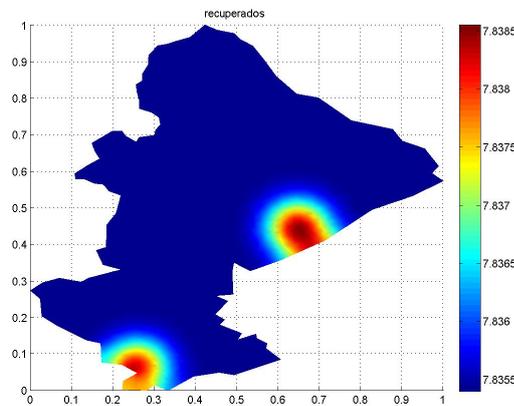
Na Figura 17 identificamos os nós que foram observados nas simulações e que posteriormente foram analisados. Salientamos que inicialmente nos nós 1000, 2000 colocamos o foco da doença, mosquitos portadores bem como infectados enquanto que no nó 500 assim como em qualquer outro nó não havia nenhum foco.

Cenário I: período de verão muito chuvoso

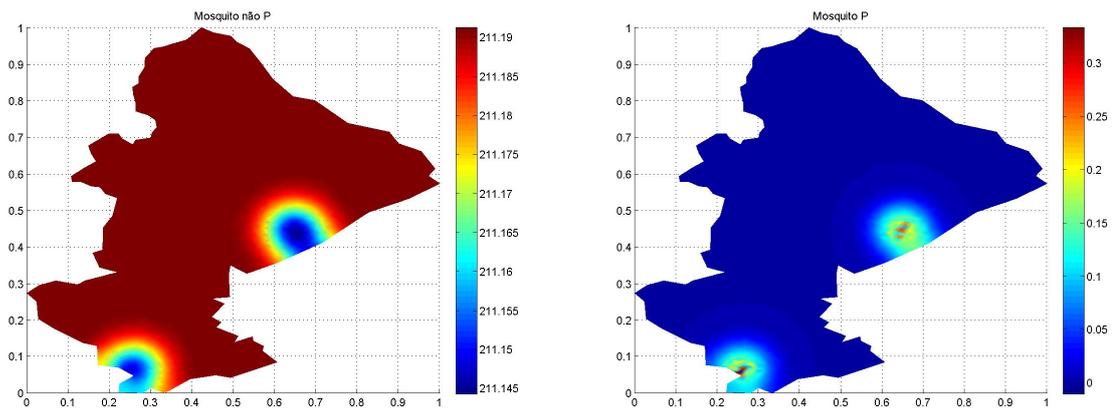


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados



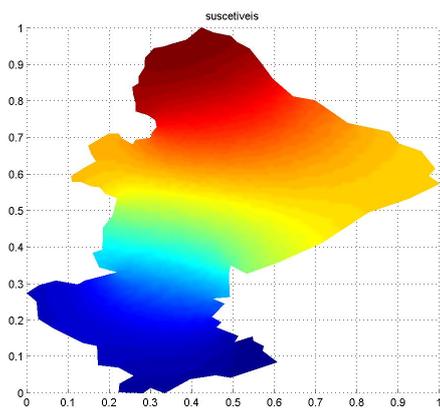
(c) Humanos recuperados



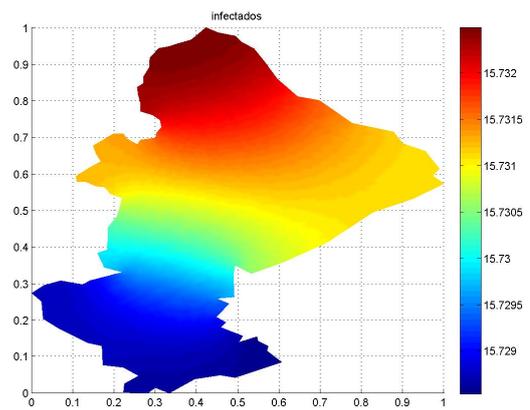
(d) Mosquitos não portadores

(e) Mosquitos portadores

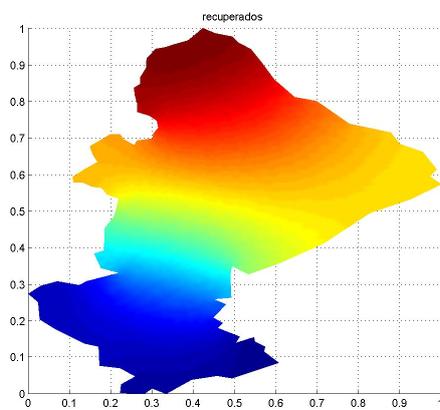
Figura 18 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de muita chuva após 1 dia.



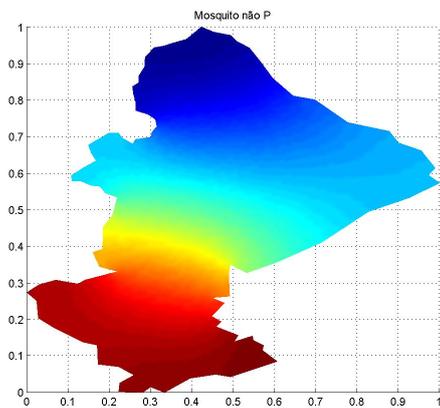
(a) Humanos suscetíveis.



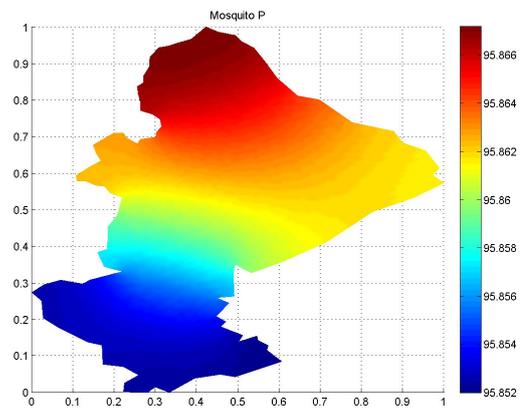
(b) Humanos infectados



(c) Humanos recuperados

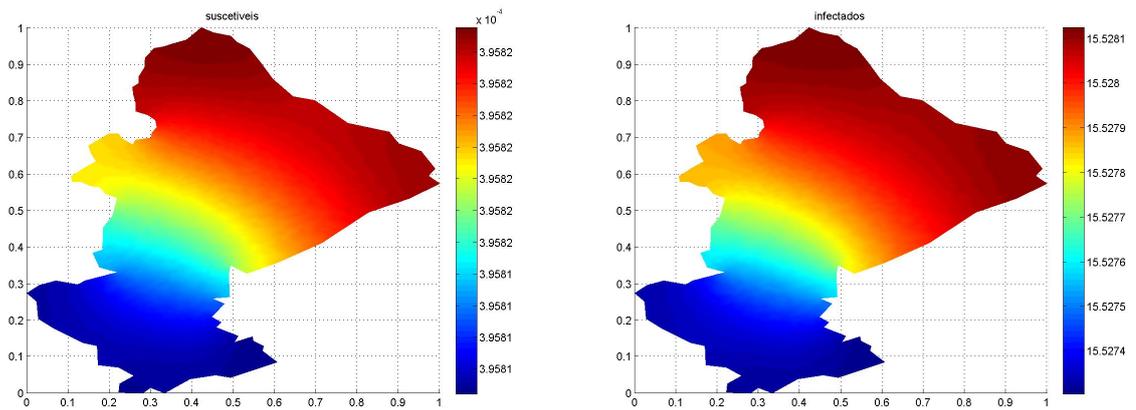


(d) Mosquitos não portadores



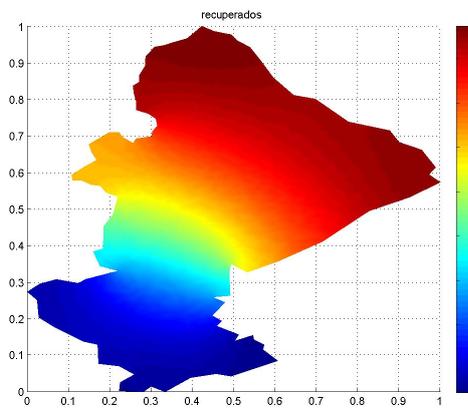
(e) Mosquitos portadores

Figura 19 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de muita chuva após 90 dias.

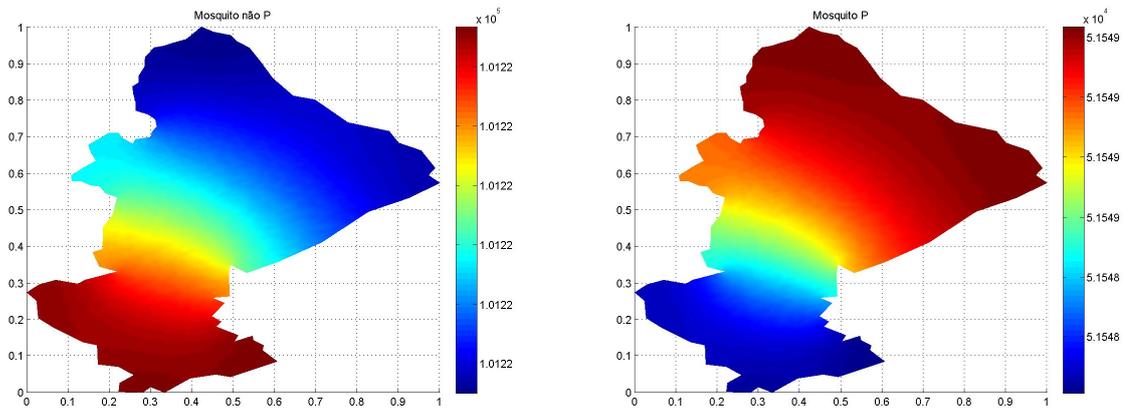


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados



(c) Humanos recuperados



(d) Mosquitos não portadores

(e) Mosquitos portadores

Figura 20 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período muito chuvoso após 180 dias.

Os cenários apresentados na Figura 20 mostram o resultado de uma simulação que corresponde a uma estação de verão muito chuvoso após um período 180 dias. Neste

cenário podemos perceber o efeito do uso reduzido de inseticida (taxa de mortalidade antrópica). Como podemos ver na Figura 20, a densidade de mosquitos não portadores e portadores cresce, e como resultado disso temos que a densidade de indivíduos infectados atinge uma densidade acima de 50% da densidade inicial.

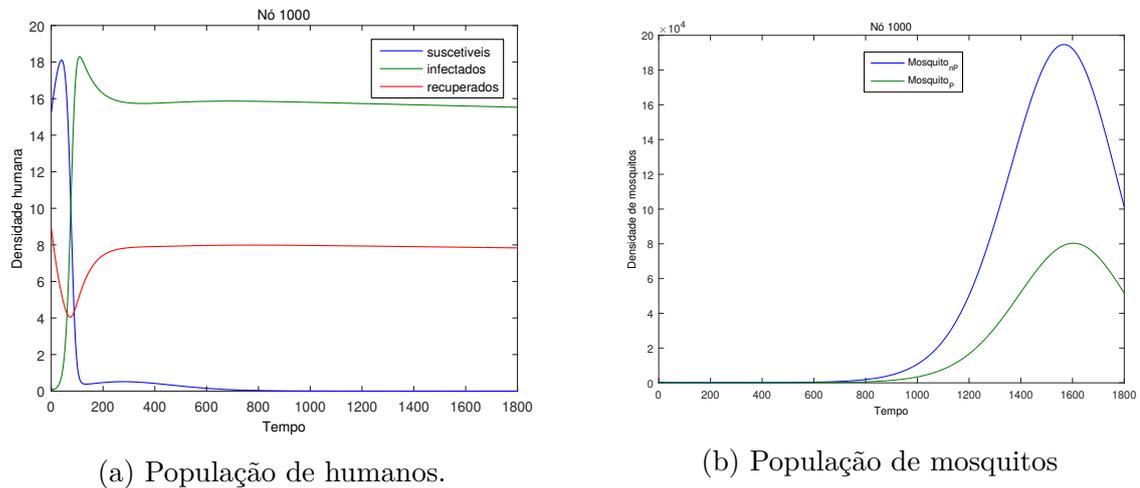
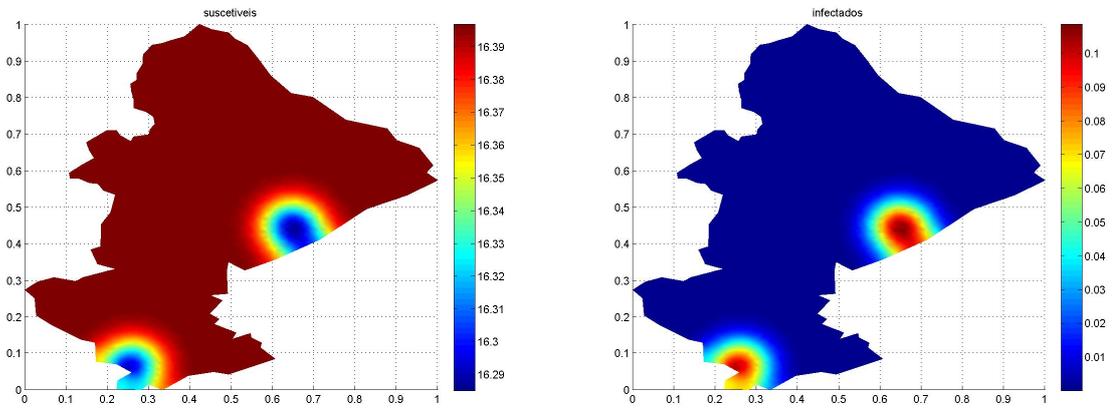


Figura 21 – Evolução temporal da dinâmica de malária no período de verão de muita chuva no nó 1000 após 1800 iterações que corresponde a 180 dias.

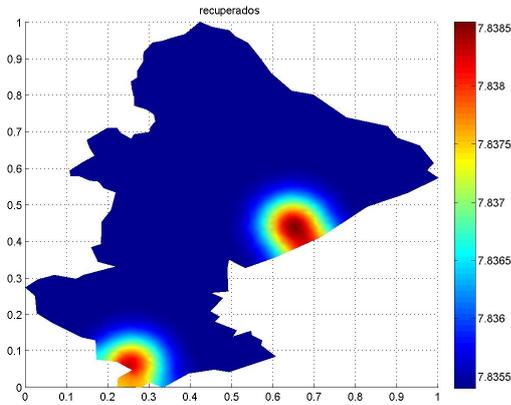
A Figura 21 mostra a evolução temporal da malária vista do nó 1000, neste nó temos o foco da doença e de mosquitos portadores, com deficiência na taxa de mortalidade de mosquito, vemos que em (a) os infectados crescem e atinge um pico logo após 100 iterações e em seguida se mantém constante enquanto que os suscetíveis diminuem, por outro lado os mosquitos crescem a partir de 1000 iterações.

Cenário II: período de verão chuvoso

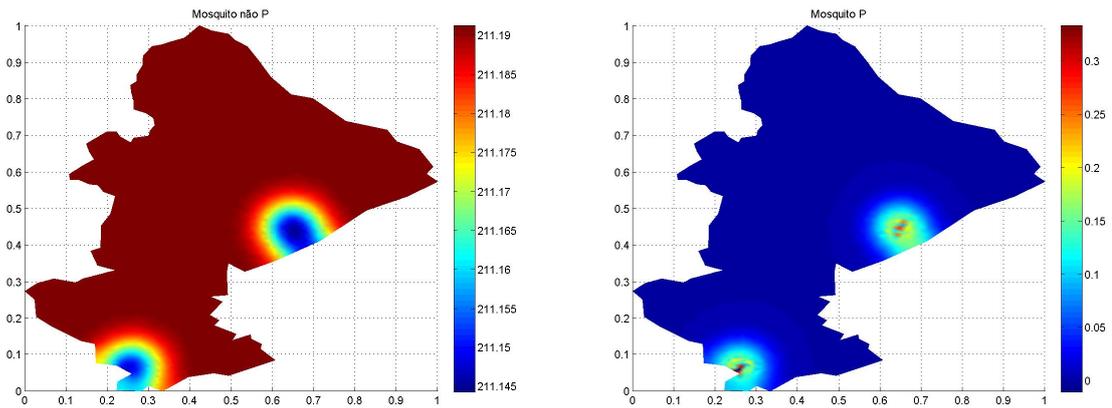


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados



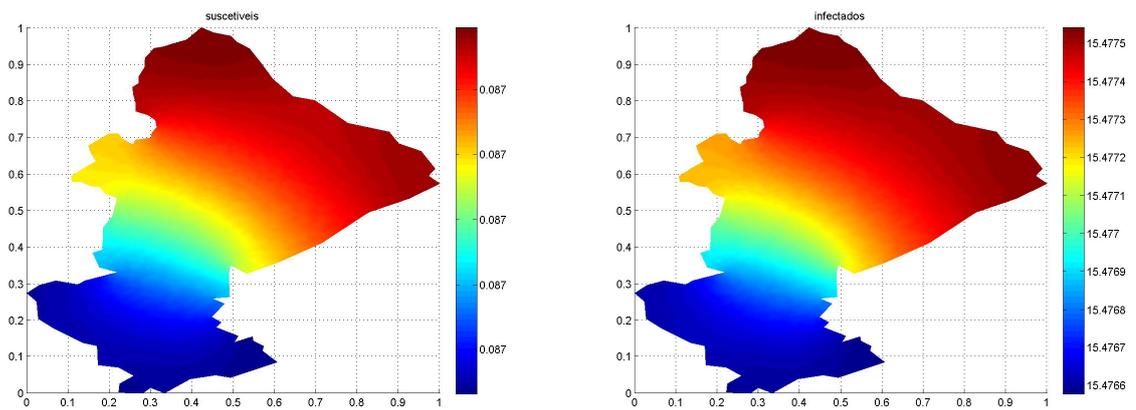
(c) Humanos recuperados



(d) Mosquitos não portadores

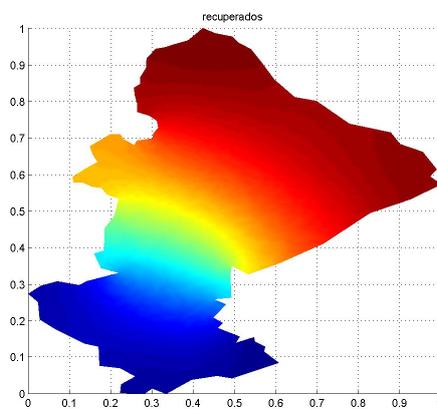
(e) Mosquitos portadores

Figura 22 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de chuva após 1 dias.

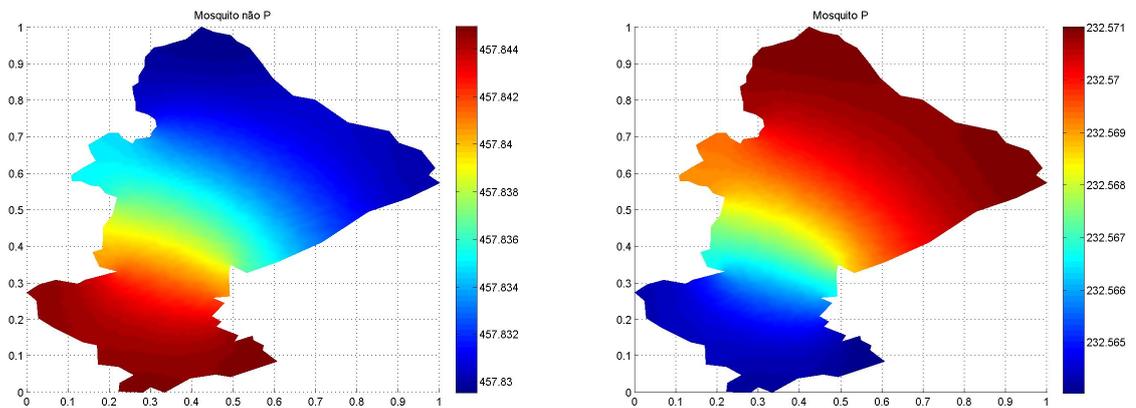


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados



(c) Humanos recuperados



(d) Mosquitos não portadores

(e) Mosquitos portadores

Figura 23 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de chuva após 180 dias.

Na Figura 23 vemos que a quantidade de pessoas infectadas cresceu muito, o mesmo acontece para os mosquitos não portadores e portadores após 180 dias, isto porque

a ação antrópica não é eficiente, este cenário, pode indicar uma possível epidemia, visto que mais de 50% da população inicial de humanos suscetível passaram a classe dos infectados na qual alguns se recuperam e outros morrem pela doença outros voltam novamente a classe de suscetíveis.

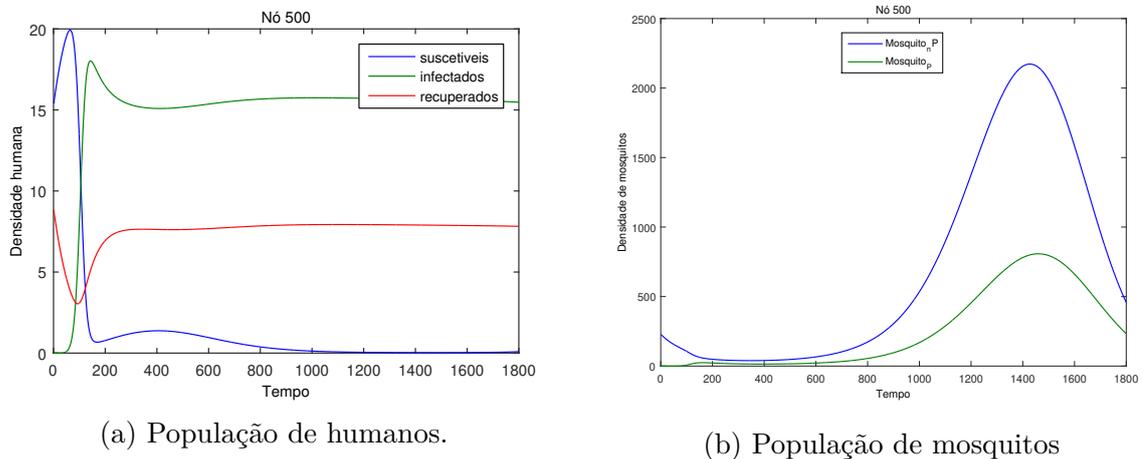
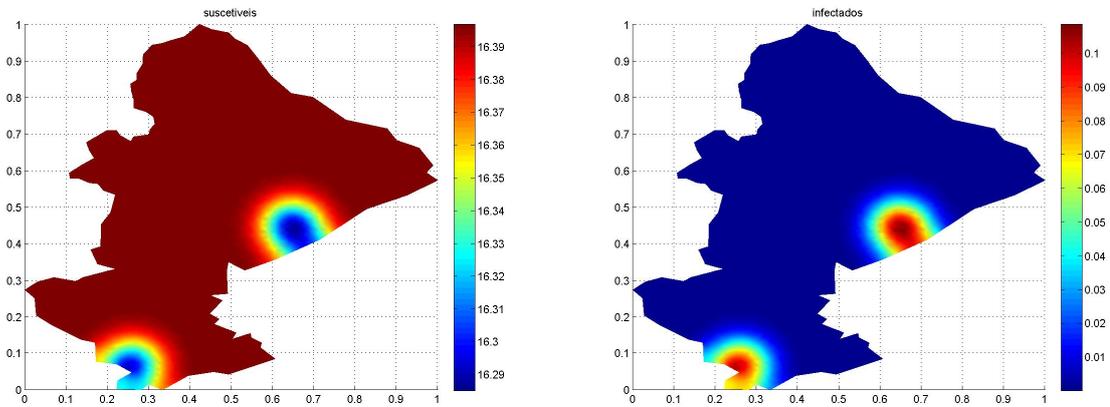


Figura 24 – Solução temporal da dinâmica de malária no período de verão chuva no nó 500 após 1800 iterações que corresponde a dias.

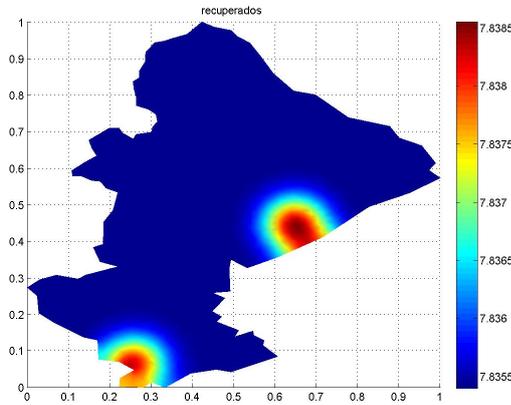
A Figura 24 mostra a evolução temporal da dinâmica da malária ao longo do tempo no nó 500 fora do foco. Contudo observamos que **(a)** a densidade populacional de suscetíveis cai rapidamente logo após as primeiras 100 iterações enquanto que a de infectados cresce e tende se manter constante, com mais de 50% da população infectada e a de recuperados permanece constante só depois das 100 iterações e em **(b)** vemos que tanto a densidade de mosquitos não portadores e portadores, crescem ao longo tempo atingido o pico próximo a 1400 iterações que corresponde a 140 dias.

Cenário III: período de seca

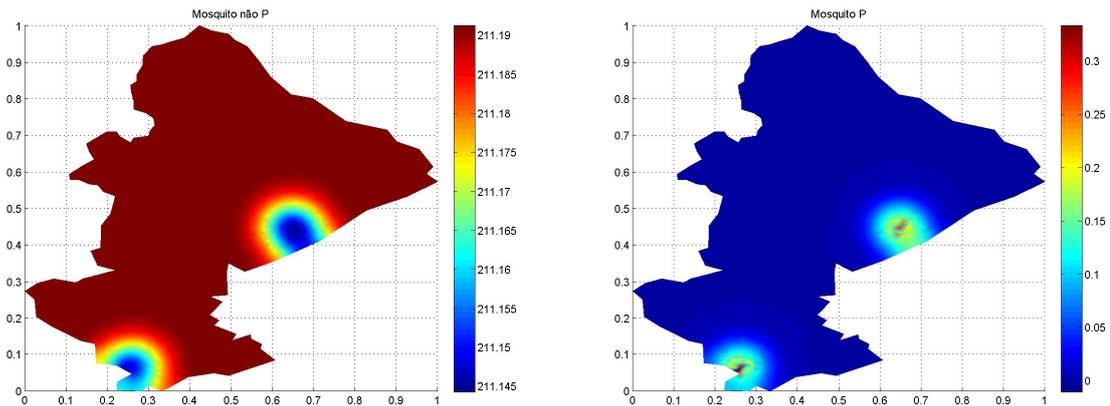


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados



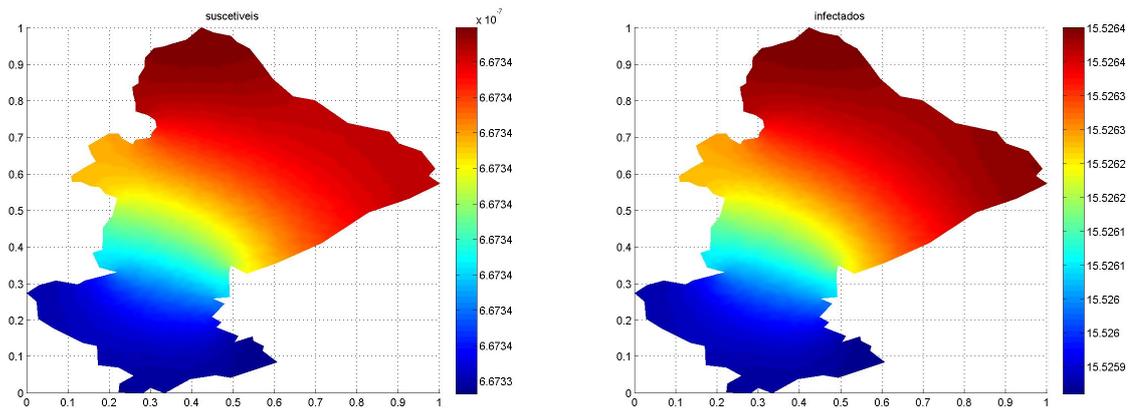
(c) Humanos recuperados



(d) Mosquitos não portadores

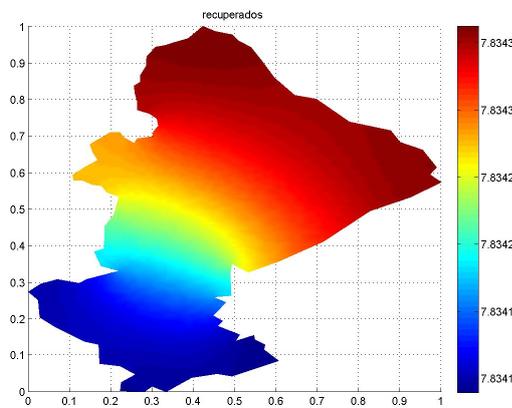
(e) Mosquitos portadores

Figura 25 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de seca após 1 dias.

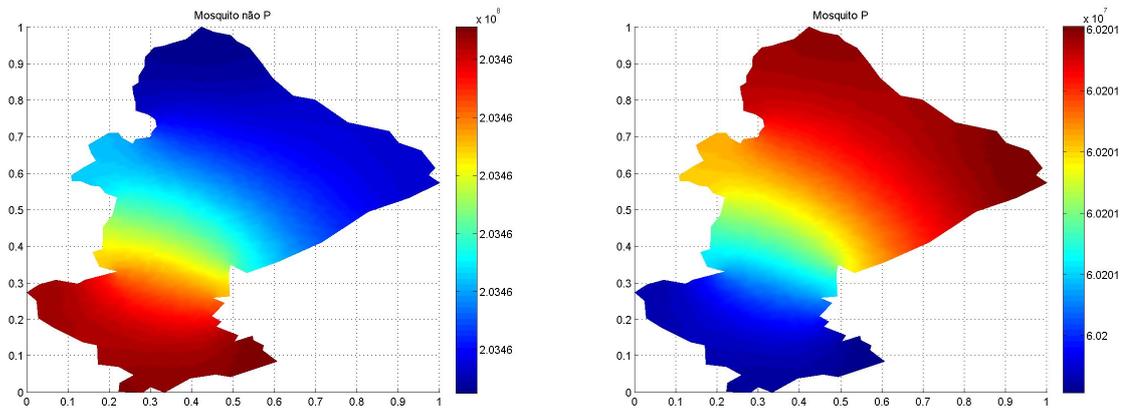


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados



(c) Humanos recuperados



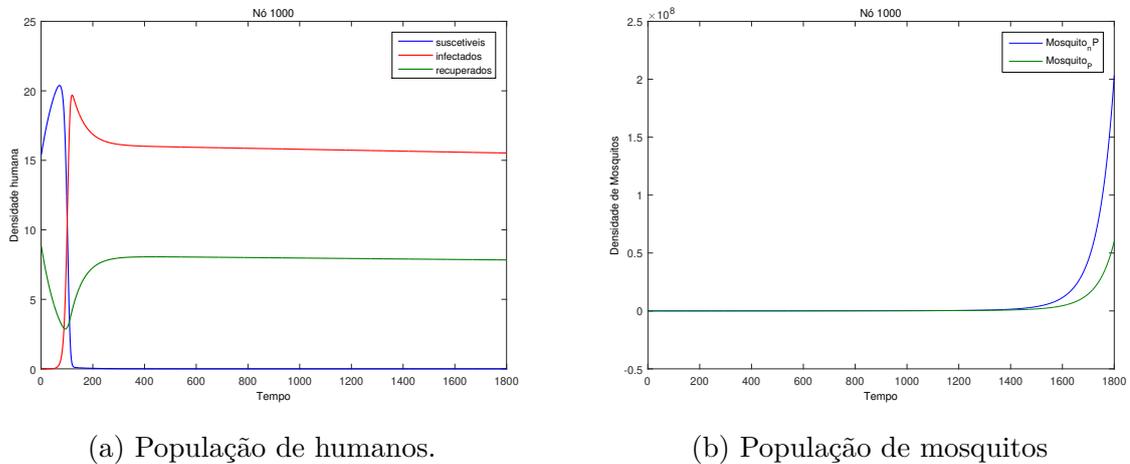
(d) Mosquitos não portadores

(e) Mosquitos portadores

Figura 26 – Simulação da dinâmica do espalhamento da transmissão da malária considerando mortalidade antrópica deficiente no período de seca após 1800 iterações que correspondem a 180 dias.

Nos cenário mostrados na Figura 26 simulamos o período de seca sem nenhuma mortalidade antrópica, consideramos apenas a mortalidade natural do mosquito, como

vemos apresar de se tratar da época seca, existe na população um padrão da doença, visto que a população de infectados cresce, assim como a dos mosquitos ao longo desse período.



(a) População de humanos.

(b) População de mosquitos

Figura 27 – Solução temporal da dinâmica de malária no período de verão de muita chuva no nó 1000 após 1800 iterações que corresponde a dias.

Observando a evolução temporal na Figura 27 vemos: **(a)** a densidade de infectados que cresce no início a pesar de ser no período de seca, no entanto os mosquitos **(b)** crescem apenas no final do período.

### 6.1.2 Cenário com Vigilância Sanitária

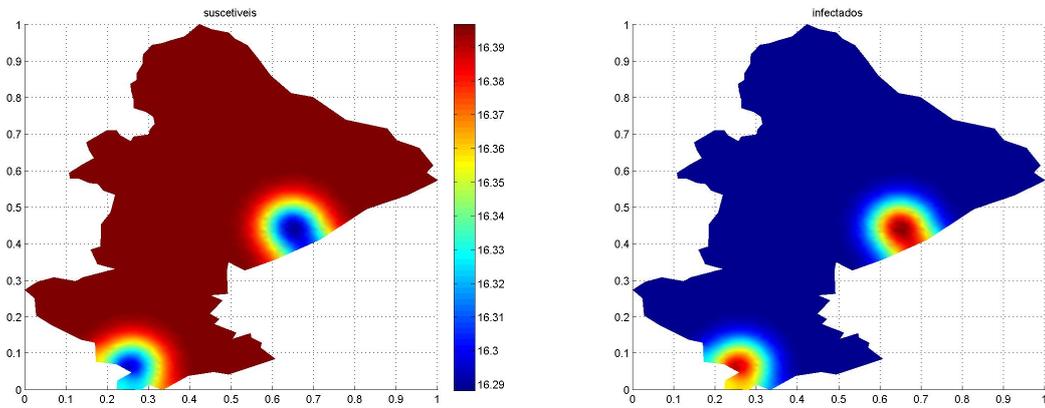
Para analisar o efeito da mortalidade atrópica na dinâmica da transmissão da malária consideramos neste cenário a mortalidade antrópica maior que a anterior em três épocas diferentes: verão muito chuvoso, verão chuvoso e seca. Tal mortalidade antrópica representa a política pública de combate à malária, uma recomendação da OMS.

Tabela 9 – Parâmetros estimados com mortalidade antrópica.

Parâmetro	Período muito chuvoso	Período chuvoso	Período de seca	Unidade
$\alpha_S = \alpha_I = \alpha_R$	0,0015	0,0015	0,0015	$km^2 dia^{-1}$
$\alpha_M = \alpha_P$	$0.1 \times 10^{-2}$	$0.1 \times 10^{-2}$	$0.1 \times 10^{-2}$	$dia^{-1}$
$\mathbb{V}_S = \mathbb{V}_I = \mathbb{V}_R$	0	0	0	$dia^{-1}$
$\mathbb{W}_M = \mathbb{W}_P$	0,0003	0,0003	0,0003	$dia^{-1}$
$\lambda_H$	$1,13 \times 10^{-4}$	$1,13 \times 10^{-4}$	$1,13 \times 10^{-4}$	$dia^{-1}$
$\mu_S$	$3,8 \times 10^{-5}$	$3,8 \times 10^{-5}$	$3,8 \times 10^{-5}$	$dia^{-1}$
$\mu_I$	$4,96 \times 10^{-4}$	$4,96 \times 10^{-4}$	$4,96 \times 10^{-4}$	$dia^{-1}$
$\mu_R$	0	0	0	$dia^{-1}$
$\mu_N$	0,033	0,033	0,033	$dia^{-1}$
$\mu_A$	0,297	0,297	0,267	$dia^{-1}$
$\gamma_H$	0,45	0,45	0,45	$dia^{-1}$
$\delta_H$	0,067	0,067	0,067	$dia^{-1}$
$\beta_H$	$5,12 \times 10^{-2}$	$3,4 \times 10^{-2}$	$2,6 \times 10^{-2}$	$dia^{-1}$
$\beta_M$	$6,8 \times 10^{-3}$	$4,6 \times 10^{-2}$	$3,5 \times 10^{-3}$	$dia^{-1}$

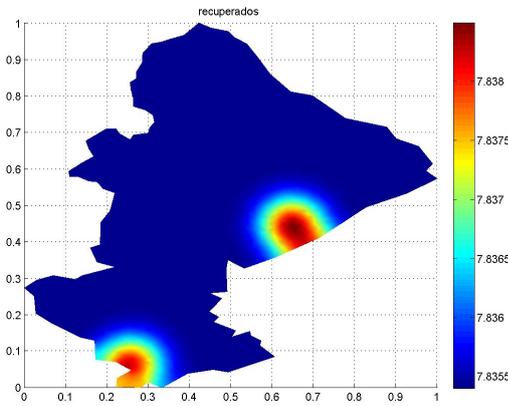
A Tabela 9 mostra os parâmetros que foram utilizados nos cenários em que simulamos a introdução da taxa de mortalidade antrópica que representa a uma das ações desenvolvidas no âmbito do combate a malária, isto é, aplicação de inseticida.

Cenário I: Período de verão muito chuvoso

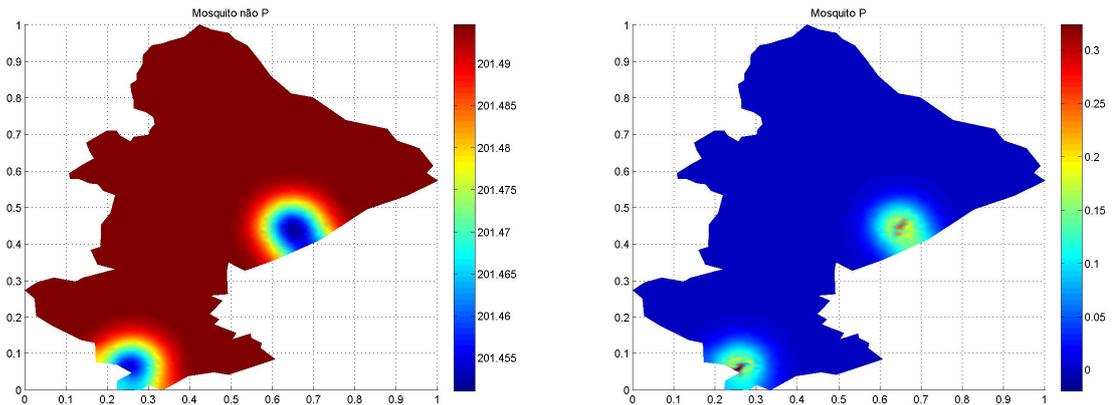


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados.



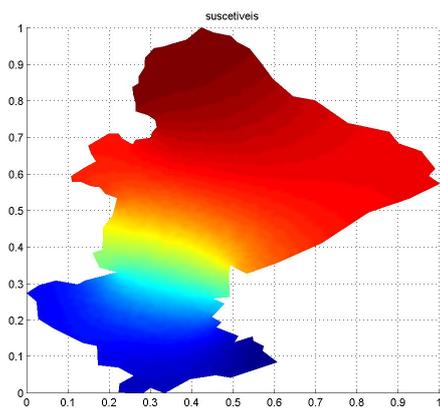
(c) Humanos recuperados.



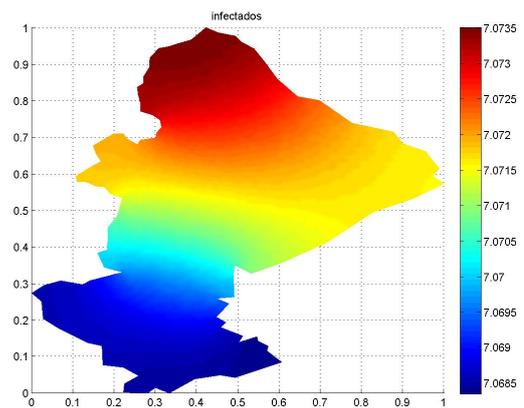
(d) Mosquitos não portadores.

(e) Mosquitos portadores.

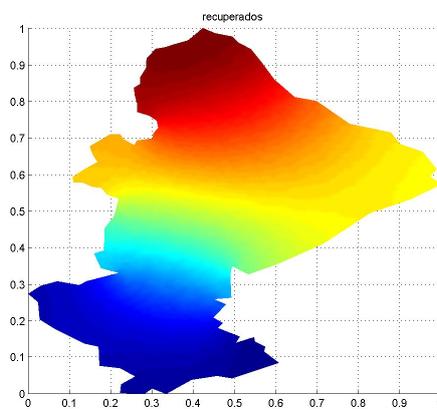
Figura 28 – Simulação numérica da dinâmica de transmissão da malária no período de verão com muita chuva, após 1 dia.



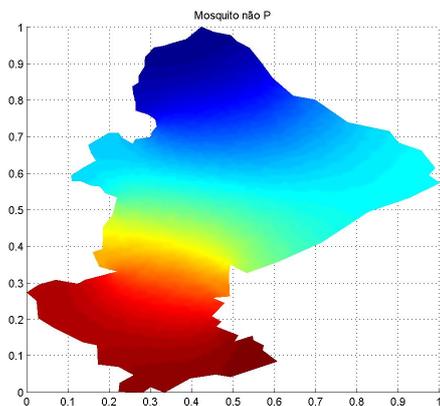
(a) Humanos suscetíveis.



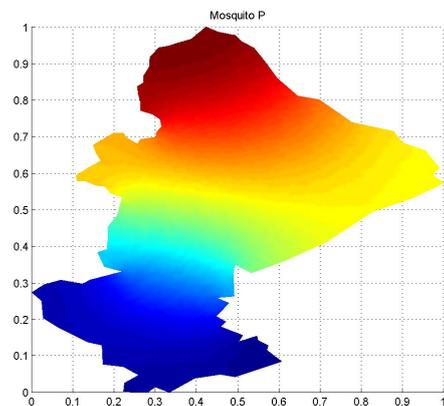
(b) Humanos infectados.



(c) Humanos recuperados.

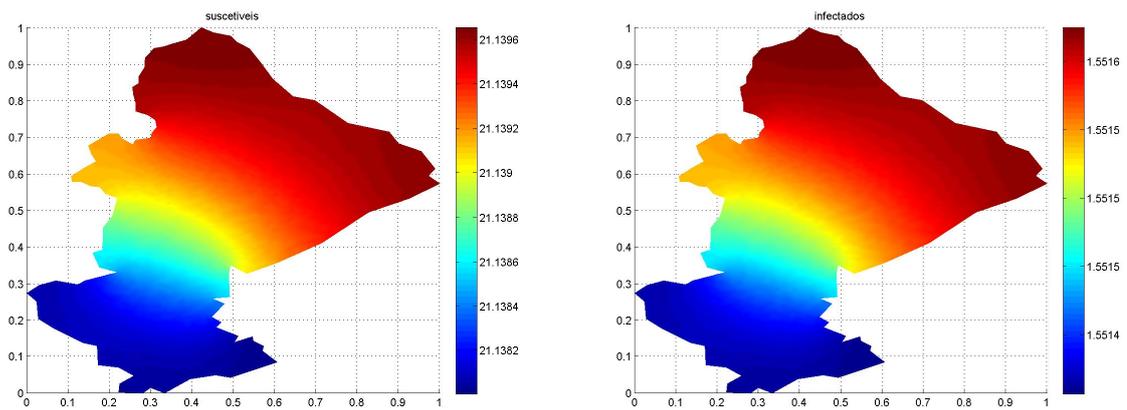


(d) Mosquitos não portadores.



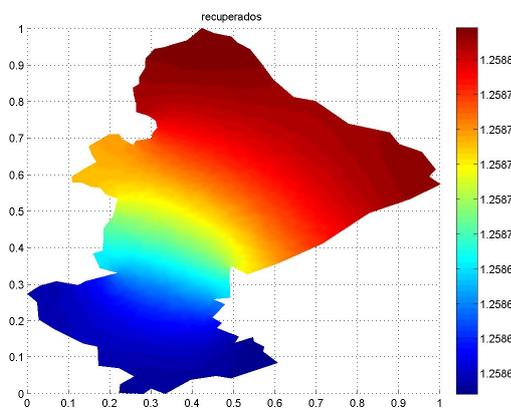
(e) Mosquitos portadores.

Figura 29 – Simulação numérica da dinâmica de transmissão da malária no período de verão com muita chuva, após 90 dias.

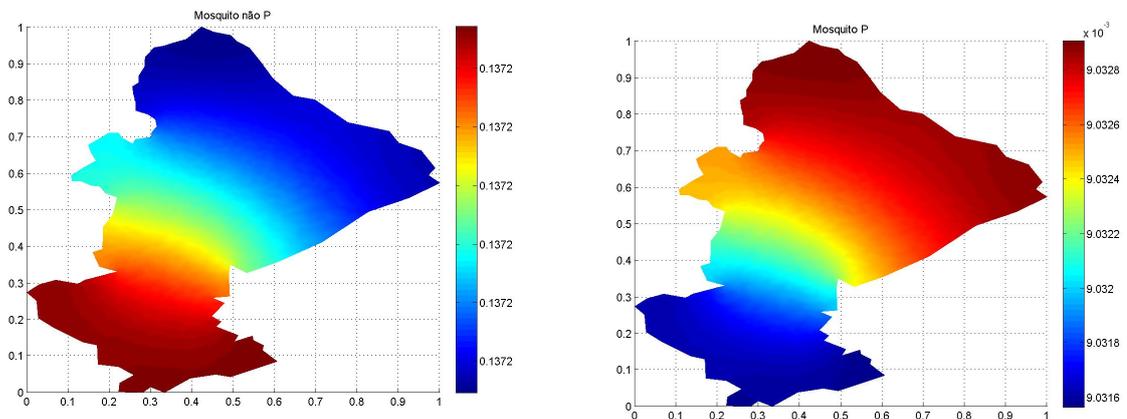


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados.



(c) Humanos recuperados.



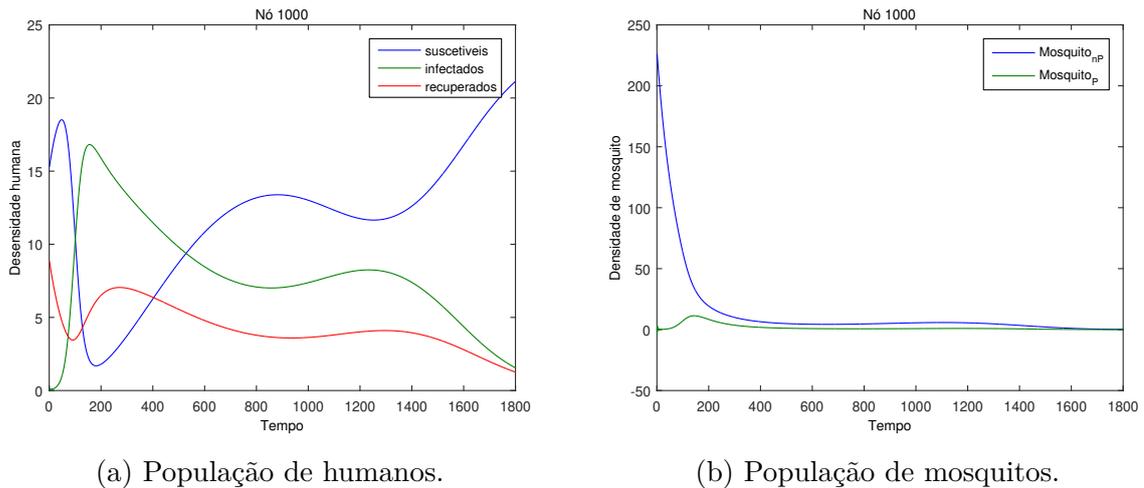
(d) Mosquitos portadores

(e) Mosquitos não portadores.

Figura 30 – Evolução da dinâmica de malária no período de verão com muita chuva, após 180 a dias.

Nas Figuras 28, 29 e 30 mostram a evolução da malária na população da província de Sofala após 10, 900 e 1800 iterações que correspondem a 1, 90 e 180 dias .

Nestes cenários incluímos a taxa de mortalidade antrópica mais eficiente e como resultado dessa ação podemos ver representado na Figura 30 que as populações de humanos infectados e de mosquitos não portadores e portadores decrescem consideravelmente. Esta mortalidade antrópica representa ação de políticas públicas de combate à malária, após esse período chuvoso, vemos a diminuição da densidade de mosquitos e conseqüentemente a diminuição da densidade de infectados, no entanto ainda existe uma pequena quantidade de infectados.



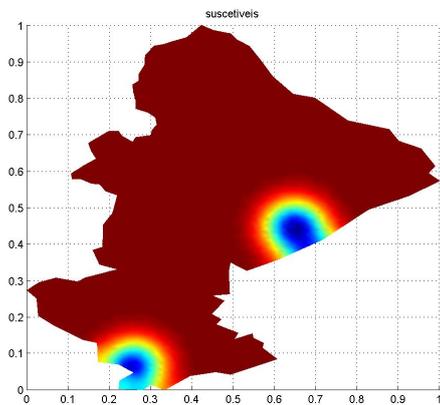
(a) População de humanos.

(b) População de mosquitos.

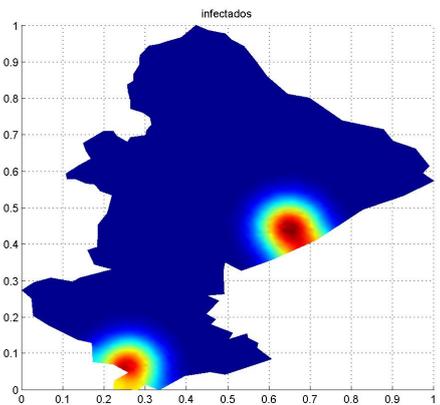
Figura 31 – Evolução temporal da dinâmica de malária no período de verão de muita chuva no nó 1000 após 1800 iterações que corresponde a dias.

A Figura 34 mostra a evolução temporal da dinâmica de transmissão da malária no nó 1000. Nesta figura podemos observar com clareza o efeito que causa o veneno, ou seja, a taxa de mortalidade antrópica para população de mosquito que tende a se aproximar de zero, por outro lado, na população de humanos, os infectados e recuperados tendem a diminuir e conseqüentemente a densidade de suscetíveis cresce.

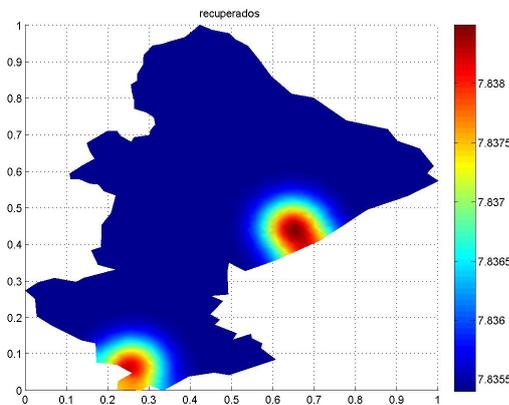
Cenário II: Período de verão chuvoso



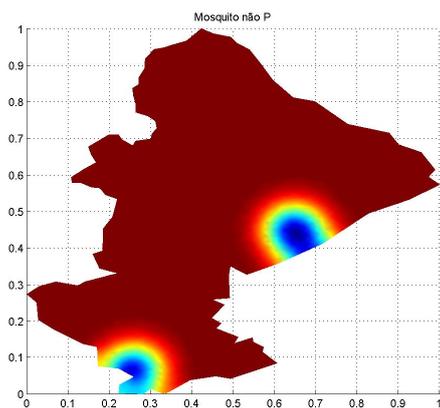
(a) Humanos suscetíveis.



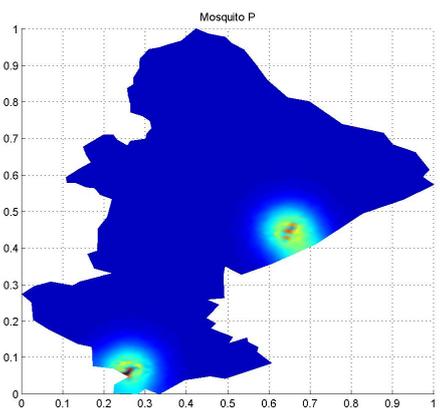
(b) Humanos infectados.



(c) Humanos recuperados.

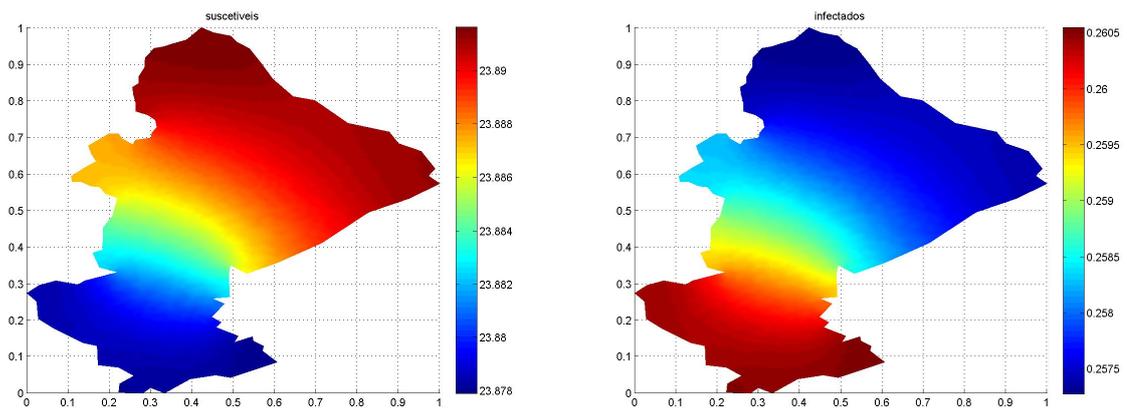


(d) Mosquitos não portadores.



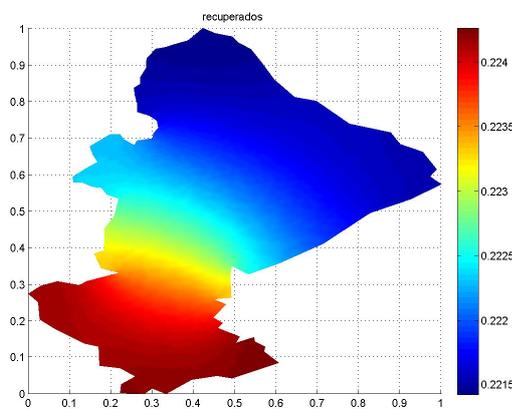
(e) Mosquitos portadores.

Figura 32 – Simulação numérica da dinâmica de transmissão da malária no período de verão com chuva, após 1 dia.

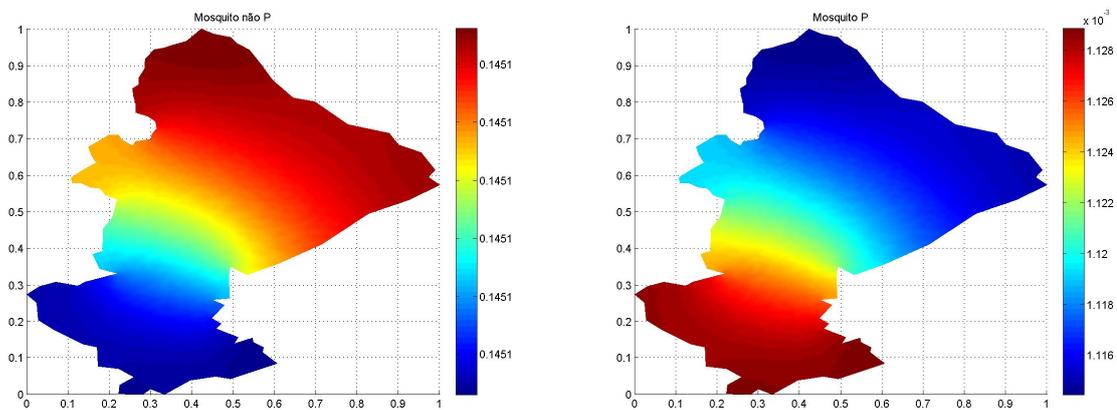


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados.



(c) Humanos recuperados.



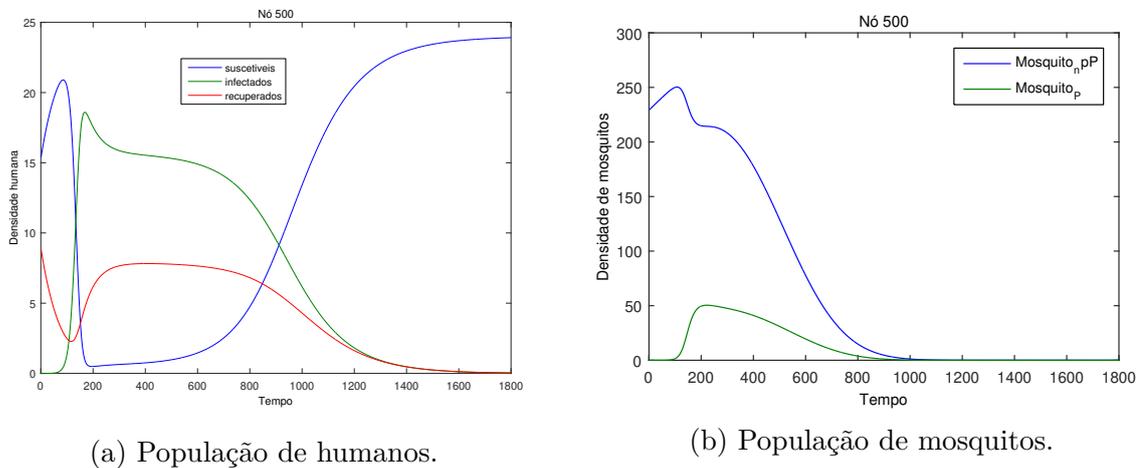
(d) Mosquitos não portadores.

(e) Mosquitos portadores.

Figura 33 – Evolução da malária no período de chuva em Sofala após 180 dias.

Na Figura 33 temos cenários do período de chuva, onde simulamos o controle do mosquito através da taxa da mortalidade antrópica para a população de mosquito e com efeito vemos pela figura que a incidência da doença é baixa quando comparamos este

período com o mesmo período com vigilância sanitária deficiente na seção anterior deste capítulo, já que neste caso a densidade da população de infectados é menor assim como a população de mosquitos.



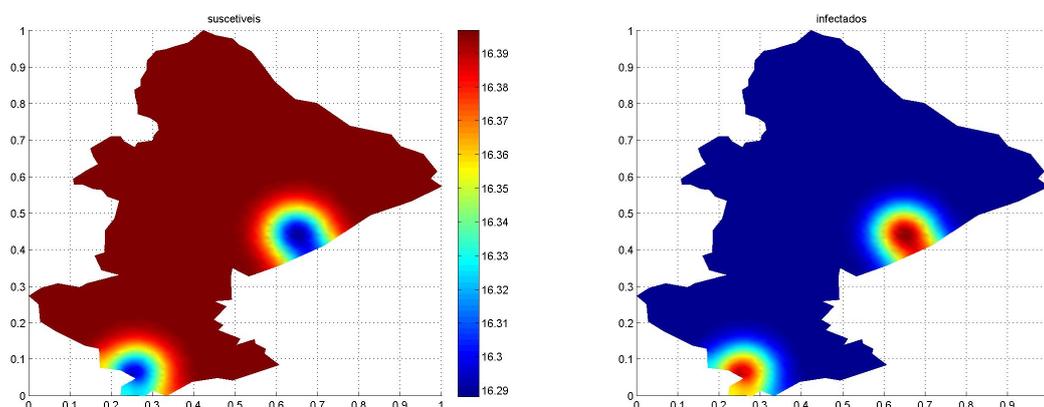
(a) População de humanos.

(b) População de mosquitos.

Figura 34 – Solução temporal da dinâmica de malária no período de verão de chuva no nó 500 após 1800 iterações que corresponde a dias.

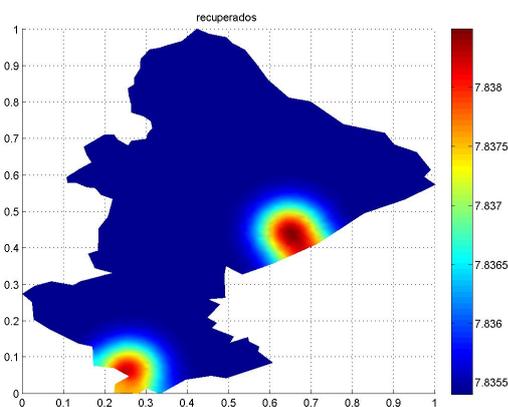
Na Figura 34 em (a) vemos que a densidade da população de suscetíveis apresenta uma queda logo no início, aproximadamente após 20 dias o equivalente a 200 iterações mas próximo aos 80 dias cresce e após 120 tende a ter um comportamento assintótico, e por sua vez os infectados tendem a se aproximar de zero. Por outro lado em (b) a densidade de mosquitos cai depois de 20 dias, quando é aplicado o inseticida para combater o mosquito, isto é, introduzindo a mortalidade antrópica que significa aumentar a taxa do  $\mu_A$ .

Cenário III: Período de seca

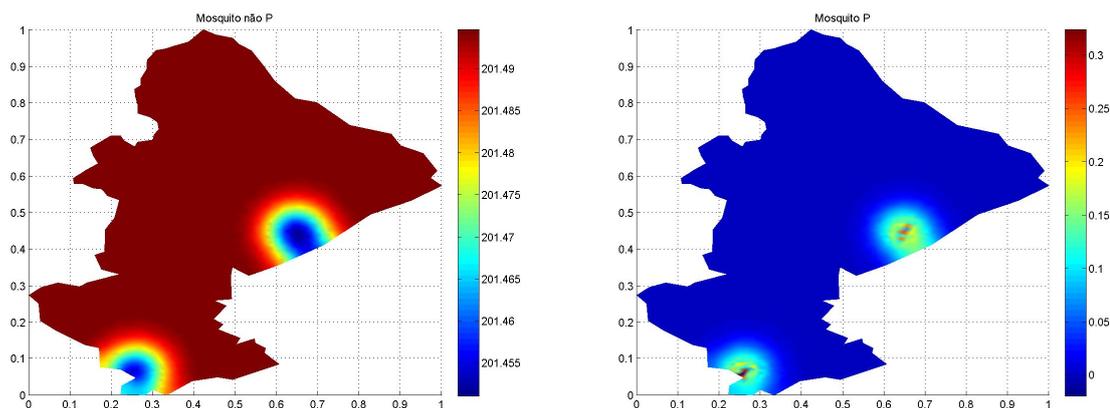


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados.



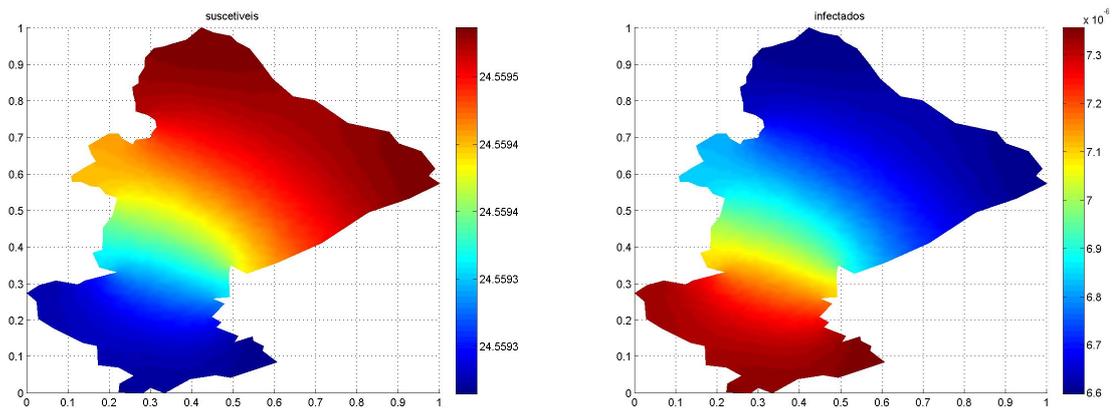
(c) Humanos recuperados.



(d) Mosquitos não portadores.

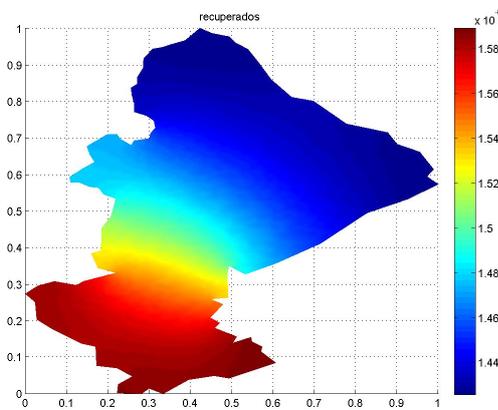
(e) Mosquitos portadores.

Figura 35 – Simulação numérica da dinâmica de transmissão da malária no período de verão com muita chuva, após 1 dia.

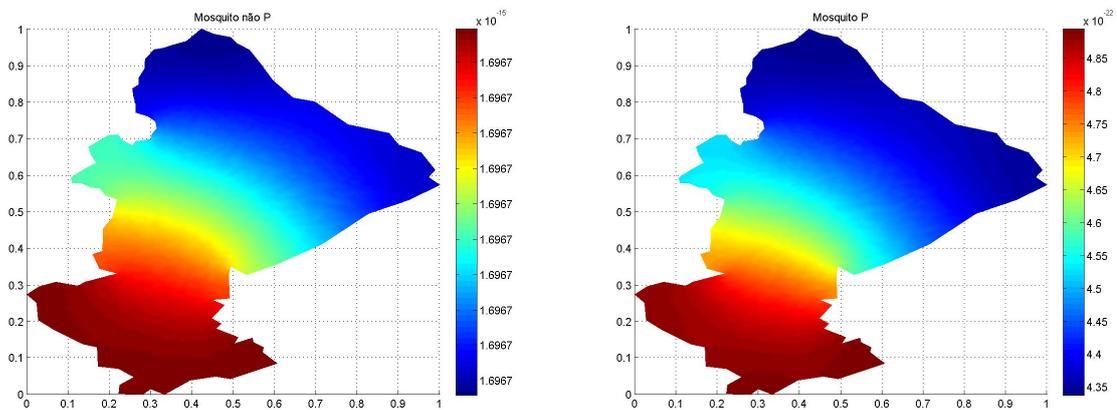


(a) Humanos suscetíveis.

(b) Humanos infectados.



(c) Humanos recuperados.



(d) Mosquitos não portadores.

(e) Mosquitos portadores.

Figura 36 – Evolução da dinâmica de transmissão da malária em período de seca em Sofala após a 180 dias.

Colocando a taxa de mortalidade antrópica na população de mosquitos no período de seca obtemos um resultado satisfatório, como podemos observar na Figura

36 vemos que a densidade de infectados tende a diminuir assim como a densidade de mosquitos diminui.

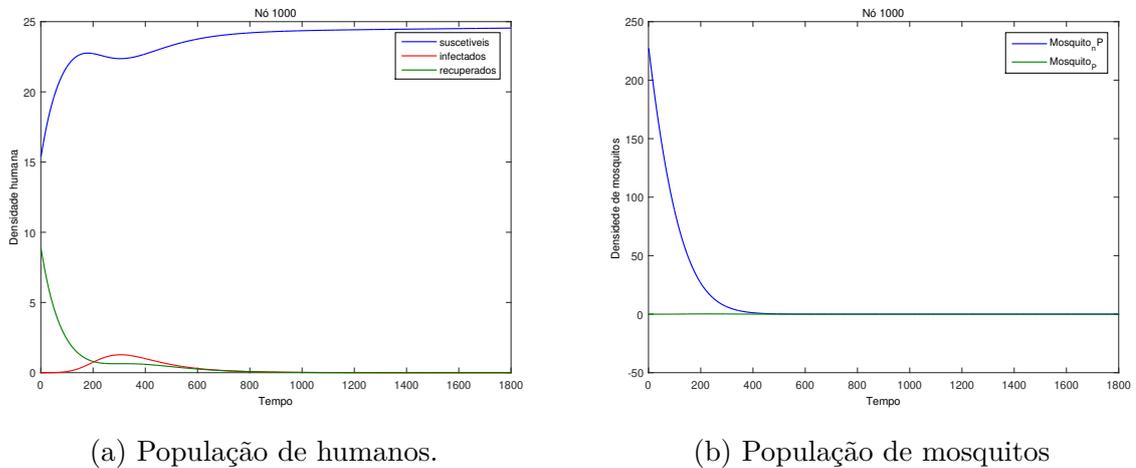


Figura 37 – Solução temporal da dinâmica de malária no período de verão de chuva no nó 500 após 1800 iterações que corresponde a 180 dias.

Mantendo a vigilância sanitária na época seca do ano na província de Sofala em que a malária é endêmica, é fundamentalmente importante, visto que reduz os índices de transmissão da malária como podemos ver na Figura 37, a densidade de mosquitos portadores e não portadores é quase nula e que contribui para a redução das populações de indivíduos infectados.

Tabela 10 – Resultados obtidos.

	População	Cenário I	Cenário II	Cenário III
Mortalidade antrópica deficiente	S	$3,9582 \times 10^{-4}$	0,087	$6,6734 \times 10^{-7}$
	I	15,5281	15,4775	15,5224
	R	7,8352	7,8205	7,8343
	M	$1,0122 \times 10^5$	457,844	$2,0346 \times 10^8$
	P	5,1549	232,571	$6.0201 \times 10^7$
Mortalidade antrópica eficiente	S	21,1396	23,89	24,5595
	I	1,5516	0,2605	$7,3 \times 10^{-6}$
	R	$1,2588 \times 10^4$	0,224	$1,58 \times 10^{-6}$
	M	0,1372	0,1451	$1,6967 \times 10^{-15}$
	P	$9,0328 \times 10^{-3}$	$1,126 \times 10^{-3}$	$4,85 \times 10^{-22}$

A Tabela 10 indica a importância de uma mortalidade induzida pela ação governamental pode ser determinante na redução da malária em Sofala.

Os resultados que obtivemos e as simulações dos diferentes cenários permitiram-nos concluir que a vigilância sanitária constante, adotado no modelos como taxa de mortalidade antrópica do mosquito para o combate à malária, é eficaz. Nos resultados podemos observar que há uma grande redução da densidade de mosquitos e conseqüentemente diminuição de número de casos pela doença.

Outros pontos no espaço também foram objeto deste tipo de simulação mas com resultados análogos aos que constam neste texto. As simulações realizadas com cenários acima de 180 dias tenderam a um comportamento assintótico.

Por fim, no próximo capítulo apresentamos as conclusões deste trabalho e algumas sugestões para possíveis trabalhos futuros.

## 7 Conclusões e Sugestões

Ao realizar este trabalho nossos objetivos principais foram: analisar o impacto do espalhamento geográfico da malária e criar um instrumento que apoie o estudo prévio de análise de políticas públicas de implementação das medidas públicas de combate à malária, recomendadas pela OMS, propondo um modelo com difusão-advecção onde interajam duas populações: humanos e mosquitos. Como ensaio, fizemos um estudo de caso com dados obtidos junto as autoridades de saúde da província de Sofala, no centro de Moçambique.

### 7.1 Conclusões

- Para alcançarmos nosso objetivo principal conforme indicado no Capítulo 1, inicialmente elaboramos um modelo matemático que descreve a dinâmica de transmissão da malária em que interagem duas populações, humanos e mosquitos cuja taxa intrínseca de nascimento do mosquito varia sazonalmente.
- Com os dados da precipitação do local escolhido para este estudo foi possível estimar o parâmetro de nascimento de mosquito relacionado-o com o período de chuvas que afeta em maior ou menor densidade do mosquito dependendo se o período for chuvoso ou não e com dados de número de casos e de óbito foi possível estimar uma taxa média ponderada para a mortalidade pela doença.
- Para controlar a transmissão da doença na população é necessário manter uma vigilância sanitária constante e eficiente, através da mortalidade antrópica que consiste na pulverização residual interna como medida de controle recomendada pela OMS, visto que o efeito desta mortalidade, de acordo com os experimentos computacionais realizados é eficiente no combate ao mosquito e conseqüentemente da doença.

### 7.2 Trabalhos Futuros

Acreditamos que para trabalhos futuros podemos dar continuidade nos seguintes itens:

- Realizar experimentos de diferentes cenários em uma malha georreferenciada e em outras regiões.
- Modelar o controle de insetos em períodos diferente: tempo úmido e tempo seco

- Fazer o estudo da estabilidade global dos pontos de equilíbrio através dos critérios utilizados por Lyapunov para a modelagem espacialmente homogênea.
- Estudar a existência de ondas viajantes para analisar possíveis ocorrências de epidemias, como vimos nas simulações que variam no tempo que indicam tal possibilidade.
- Utilizar a teoria dos conjuntos fuzzy para estimar alguns parâmetros que julgamos ser subjetivos, como é o caso da taxa intrínseca do crescimento de mosquito.
- Como se trata de uma doença como a malária é importante determinar parâmetros da taxa de contato entre mosquitos portadores e humanos suscetíveis e vice-versa pelos dados obtidos da região.
- Considerar, na modelagem uma mortalidade devida, por exemplo, armadilhas de feromônios; também se poderia considerar a presença de predadores naturais dos mosquitos, alterando o modelo apresentado no Capítulo 3 criando uma 6<sup>a</sup> equação para tais predadores (aranhas e pássaros, por exemplo, ou anfíbios) que pudesse numa abordagem de tipo Lotka-Volterra, incluir os efeitos da mortalidade induzida.

## Referências

- [1] Malaria Parasites.
- [2] ABELLANA, R., ASCASO, C., APONTE, J., SAUTE, F., NHALUNGO, D., NHACOLO, A., AND ALONSO, P. Spatio-seasonal modeling of the incidence rate of malaria in Mozambique. *Malaria Journal* 7, 1 (2008), 1.
- [3] ALLEN, L. J., BRAUER, F., VAN DEN DRIESSCHE, P., AND WU, J. *Mathematical epidemiology*. Springer, 2008.
- [4] ARBOLEDA SÁNCHEZ, J., AGUILAR URBANO, V., GARCÍA RODRÍGUEZ, F., AND MATA VÁZQUEZ, M. Malaria grave por Plasmodium falciparum. *Medicina Intensiva* 34, 8 (2010), 574–574.
- [5] ARNAUD LE MENACH, F., FLAHAULT, A., AND SMITH, D. L. The unexpected importance of mosquito oviposition behaviour for malaria: non-productive larval habitats can be sources for malaria transmission. *Malaria Journal* 4 (2005), 23.
- [6] ARROZ, J. A. H. Aumento dos casos de malária em Moçambique, 2014: epidemia ou novo padrão de endemicidade? *Rev Saúde Pública* 50 (2016), 5.
- [7] BAILEY, N. T., ET AL. *The mathematical theory of epidemics*. London, 1957.
- [8] BASSANEZI, R., AND JUNIOR, W. F. *Equações Diferenciais com Aplicações*. Harbra, São Paulo, 1988.
- [9] CANTRELL, R., AND COSNER, C. Diffusion models for population dynamics incorporating individual behavior at boundaries: applications to refuge design. *Theoretical Population Biology* 55, 2 (1999), 189–207.
- [10] CANTRELL, R. S., AND COSNER, C. *Spatial ecology via reaction-diffusion equations*. John Wiley & Sons, 2004.
- [11] CANTRELL, R. S., COSNER, C., AND LOU, Y. Approximating the ideal free distribution via reaction–diffusion–advection equations. *Journal of Differential Equations* 245, 12 (2008), 3687–3703.
- [12] CHAMCHOD, F., AND BRITTON, N. F. Analysis of a vector-bias model on malaria transmission. *Bulletin of mathematical biology* 73, 3 (2011), 639–657.
- [13] CHILUNDO, B., SUNDBY, J., AND AANESTAD, M. Analysing the quality of routine malaria data in Mozambique. *Malaria Journal* 3, 1 (2004), 3.

- [14] CIARLET, P. G. *The finite element method for elliptic problems*, vol. 40. Siam, 2002.
- [15] CONSORTIUM, M. Malaria Kills. <http://www.malariaconsortium.org/pages/malaria.htm>. último acesso em 04-02-2016.
- [16] CUNHA, C. *Métodos numéricos para as engenharias e ciências aplicadas*. Editora da UNICAMP, 1993.
- [17] DE NOTÍCIAS, J. Moçambique contabiliza mais mortes por malária.
- [18] DE SOUZA, J. M. R. Estudo da Dispersão de Risco de epizootias em animais: o caso da Influenza Aviária. Mestrado, UNICAMP, 2010.
- [19] DOUGLAS, J. J., DUPONT, T., AND EWING, R. E. Incomplete iteration for time-stepping a Galerkin method for a quasilinear parabolic problem. *SIAM Journal on Numerical Analysis* 16, 3 (1979), 503–522.
- [20] EDELSTEIN-KESHET, L. *Mathematical models in biology*, vol. 46. Siam, 1988.
- [21] FISHER, R. A. The wave of advance of advantageous genes. *Annals of eugenics* 7, 4 (1937), 355–369.
- [22] GOMES, L. Um estudo sobre o espalhamento da dengue usando equações diferenciais parciais e lógica fuzzy. *University of Campinas* (2009).
- [23] HETHCOTE, H. W. The mathematics of infectious diseases. *SIAM review* 42, 4 (2000), 599–653.
- [24] KAKITANI, I., UENO, H. M., AND FORATTINI, O. P. Paridade e influência do vento sobre a frequência de *Anopheles marajoara*, São Paulo. *Rev Saúde Pública* 37, 3 (2003), 280–4.
- [25] KLOKE, R. G. *Insecticide resistance and vector status of *Anopheles funestus* and *An. gambiae* populations at a sugar estate in Mozambique*. Mestrado, University of the Witwatersrand, 2010.
- [26] KOELLA, J. C., SÖRENSEN, F. L., AND ANDERSON, R. The malaria parasite, *Plasmodium falciparum*, increases the frequency of multiple feeding of its mosquito vector, *Anopheles gambiae*. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 265, 1398 (1998), 763–768.
- [27] KOGA, M. T., MEYER, J. F. D. C. A., AND TABARES, P. C. C. Dinâmica Populacional Interativa da Mosca-dos-chifres (*Haematobia irritans*) na Presença de um Predador: Simulações Computacionais. *Biomatemática* 21 (2011), 71–86 (2011).

- [28] LIONS, J. L. *Equations différentielles opérationnelles: et problèmes aux limites*, vol. 111. Springer-Verlag, 2013.
- [29] LOU, Y., AND ZHAO, X.-Q. A reaction–diffusion malaria model with incubation period in the vector population. *Journal of mathematical biology* 62, 4 (2011), 543–568.
- [30] MABASO, M. L., SHARP, B., AND LENGELER, C. Historical review of malarial control in southern African with emphasis on the use of indoor residual house-spraying. *Tropical Medicine & International Health* 9, 8 (2004), 846–856.
- [31] MACUFA, M. M. M., AND BASSANEZI<sup>23</sup>, R. C. Modelo epidemiológico alternativo para a malária. *Biomatemática* 21 (2011), 13–22.
- [32] MAIDANA, N. A., ET AL. *Algumas aplicações das ondas viajantes a fenomenos biológicos*. Doutorado, UNICAMP, Campinas, SP, 2004.
- [33] MCGREGOR, I. Consideration of some aspects of human malaria. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* 59, 2 (1965), 145–152.
- [34] MÉDICOS SEM FRONTEIRAS. Ressurgimento da epidemia de Ebola na África Ocidental, 2014.
- [35] MENDIS, C., JACOBSEN, J., GAMAGE-MENDIS, A., BULE, E., DGEDGE, M., THOMPSON, R., CUAMBA, N., BARRETO, J., BEGRUP, K., SINDEN, R., ET AL. Anopheles arabiensis and An. funestus are equally important vectors of malaria in Matola coastal suburb of Maputo, southern Mozambique. *Medical and veterinary entomology* 14, 2 (2000), 171–180.
- [36] MISSIO, M. *Modelos de EDP integrados a logica fuzzy e metodos probabilisticos no tratamento de incertezas: uma aplicação à febre aftosa em bovinos*. Doutorado, UNICAMP, 2008.
- [37] MOÇAMBIQUE, R. D. *Normas de manejo dos casos de malária em Moçambique*. Ministério da Saúde, 2005.
- [38] MOÇAMBIQUE, R. D. *Documento estratégico para o controlo da malária em Moçambique*. Departamento de Epidemiologia e Endemias, 2006.
- [39] MOÇAMBIQUE, R. D. *Inquérito nacional sobre indicadores da malária em Moçambique*. Ministério da Saúde, 2007.
- [40] MOÇAMBIQUE, R. D. Plano estratégico da Malária 2012-2016, 2012.
- [41] MURRAY, J. D. *Mathematical biology*, vol. 19. Springer-Verlag, 1989.
- [42] NOTÍCIAS, J. Novas abordagens no combate à malária, 2015.

- [43] OKUBO, A., AND LEVIN, S. A. *Diffusion and ecological problems: modern perspectives*, vol. 14. Springer-Verla, 2001.
- [44] OMS, O. M. D. S. Relatório sobre o paludismo no mundo, 2015.
- [45] PREGNOLATTO, S. *O mal das cadeiras em capivaras: estudo, modelagem e simulação de um caso*. PhD thesis, Ph. D. Thesis, Univ. Estadual de Campinas-UNICAMP, Campinas, Brazil, 2002.
- [46] PROMED-MAIL. Malaria - Mozambique: (Tete) increased cases , 2016.
- [47] RUGGIERO, M. A. G., AND LOPES, V. L. D. R. *Cálculo numérico: aspectos teóricos e computacionais*. Makron Books do Brasil, 1997.
- [48] SEGEL, L. A., AND EDELSTEIN-KESHET, L. *A Primer in Mathematical Models in Biology*, vol. 129. SIAM, 2013.
- [49] SILVEIRA, G. P., AND DE BARROS, L. C. Métodos numéricos integrados à lógica Fuzzy e método estocástico para solução de EDP's: uma aplicação à dengue. *State University of Campinas* (2011).
- [50] SKELLAM, J. G. Random dispersal in theoretical populations. *Biometrika* 38, 1/2 (1951), 196–218.
- [51] VERDADE. Malária mata 746 pessoas em Sofala, 2008.
- [52] VERDADE. Malária aumenta enquanto a população usa redes mosquiteiras para a pesca no Búzi, 2014.
- [53] WADHWA, V., DUTT, A. K., AND AKHTAR, R. The History and Progression of Malaria: A Global and Regional View. In *Malaria in South Asia*. Springer, 2009, pp. 1–27.
- [54] WIKIPEDIA. Dichlorodiphenyltrichloroethane.
- [55] WYSE, A. P. P., BEVILACQUA, L., AND RAFIKOV, M. Modelo Matemático Sazonal para Malária. *Trends in Applied and Computational Mathematics* 7, 2 (2006), 391–400.
- [56] YANG, H. M. *Epidemiologia Matemática: estudos dos efeitos da vacinação em doenças de transmissão direta*. Unicamp, 2001.

# Apêndices

# APÊNDICE A – Implementação Computacional

```

% Malaria com espalhamento geografico

% Area de estudo Mocambique
% sistema de equacoes-o modelo
% parcS/parct-alfs*lapS+Vs*gradS+m_sS=labh*(S+I+R)*(1-(S+I+R)/K)-beth*SP+gamh*R
% parcI/parct-alfi*lapI+Vi*gradI+m_iI=beth*SP-delth*I
% parcR/parct-alfr*lapI+Vr*gradR=delth*I-gamh*R
% parcM/parct-alfm*lapM+Wm*gradM+m_mM=labv*(M+P)*(1-(M+P)/L)-betv*MI
% parcP/parct-alfp*lapP+Wp*gradP+m_mP=betv*MI

% Condicoes de contorno
% parcS/parc_eta=parcI/Parc_eta=parcR/parc_eta=0
% parcM/parc_eta=parcP/parc_eta=0
%
% condicoes iniciais
% S0=s_0; I0=in_0; R0=r_0; M0=m_0; P0=p_0
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
clf
clc
clear all
format long;

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% Parametros do problema %%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

% % Populacao de humanos suscetiveis
alf_s= 0.0015; %0.1e-2; %0.004; % 0.1e-2;
lab_h=1.13*10^(-4); %0.12; %0.03;
bet_h= 4.47*10^(-3); %2.45*10^(-3); %2.45*10^(-3);
gam_h=0.56; %0.045; %0.47; %0.4;
V_s=0*[0.001 0.001];
mi_s=3.8*10^(-5);

% populacao de humanos infectados
alf_i=0.0015; %0.1e-3; %0.003; %0.1e-3;
mi_i= 1.4e-6; %4.9613e-04;% 9.007e-04; %0.009; %9.007e-04; %0.03;
del_h=0.067; %0.067; %0.02;
V_i=0*[0.0001 0.0001];

% populacao de humanos recuperados
alf_r=0.0015; %0.1e-2; % 0.004; %0.1e-2;
V_r=0*[0.001 0.001];
%mi_r=9.5000e-06;

% populacao de mosquitos nao portadores
alf_m=0.1e-2; %0.005;
lab_e= 0.2; %0.3009; %0.025; %0.45; %0.25, %0.01;
bet_m= 4.6*10^(-10); %2.7*10^(-3);%4.47*10^(-3);
V_m=[0.003 0.003];
mi_m=0.33; %0.018+0.036; %0.018; %0.02;

```





```

% Preraração para juntar matrizes lineares e n linear
%TT e a transposta da Jacobiana
for it=1:numero_de_iteracoes
    lab_m = lab_e + 0.14*cos(pi*it*dt/180+pi/2);
    for est=1:5
        Sn=zeros(nn,nn);
        SR=zeros(nn,nn);
        SI=zeros(nn,nn);
        IS=zeros(nn,nn);
        clear itr il ig jl jg kl kg
        for itr=1:ntr
            TT=[coord(malha(itr,2),:)-coord(malha(itr,1),:);
                coord(malha(itr,3),:)-coord(malha(itr,1),:)];
            T=inv(TT);
            detJ=det(TT);
            for il=1:3
                ig=malha(itr,il);
                for jl=1:3
                    jg=malha(itr,jl);
                    for kl=1:3
                        kg=malha(itr,kl);
                        % Suscetíveis
                        Sn(ig,jg)=Sn(ig,jg)
                        +(abs(detJ))*srn(il,jl,kl)*((bet_h*dt/4)*
                        *(cOp(kg)+p(kg))
                        +(lab_h*dt/(4*K))*(cOs(kg)+s(kg)+2*(cOi(kg)+in(kg)+
                        +cOr(kg)+r(kg))));
                        SR(ig,jg)=SR(ig,jg)
                        -(abs(detJ))*srn(il,jl,kl)*(lab_h*dt/(4*K))*
                        *(cOr(kg)+r(kg));
                        SI(ig,jg)=SI(ig,jg)-(abs(detJ))*srn(il,jl,kl)*
                        *(lab_h*dt/(4*K))*(cOi(kg)+in(kg)
                        +2*(cOr(kg)+r(kg)));
                        % Infectados
                        IS(ig,jg)=IS(ig,jg)+(abs(detJ))*srn(il,jl,kl)*
                        *(bet_h*dt/4)*(cOp(kg)+p(kg));
                    end
                end
            end
        end
        % resolve o sistema para suscetíveis
        A=(1+(mi_s-lab_h)*dt/2)*M1+(alf_s*dt/2)*M2+
        +(V_s(1)*dt/2)*M3+(V_s(2)*dt/2)*M4+Sn;
        b=((1-(mi_s-lab_h)*dt/2)*M1-(alf_s*dt/2)*M2-(V_s(1)*dt/2)*M3
        -(V_s(2)*dt/2)*M4-Sn)*cOs+M1*((lab_h*dt/2)*(cOi+in)
        +((lab_h+gam_h)*dt/2)*(cOr+r))+SR*(cOr+r)+SI*(cOi+in);
        s=A\b;
        absc(it)=it*dt;
        vers(it)=s(1237);
        clear A b
        % resolve o sistema para infectados
        A=(1+(del_h+mi_i)*dt/2)*M1+(alf_i*dt/2)*M2+(V_i(1)*dt/2)*M3+
        +(V_i(2)*dt/2)*M4;
        b=((1-(del_h+mi_i)*dt/2)*M1-(alf_i*dt/2)*M2-(V_i(1)*dt/2)*M3-
        -(V_i(2)*dt/2)*M4)*cOi+IS*(cOs+s);
        in=A\b;
        absc(it)=it*dt;
        verin(it)=in(1237);
        clear A b
        % resolve o sistema para recuperados

```

```

A=(1+gam_h*(dt/2))*M1+(alf_r*dt/2)*M2+
+(V_r(1)*dt/2)*M3+(V_r(2)*dt/2)*M4;
b=((1-gam_h*(dt/2))*M1-(alf_r*dt/2)*M2-
-(V_r(1)*dt/2)*M3-(V_r(2)*dt/2)*M4)*c0r
+(del_h*dt/2)*M1*(c0i+in);
r=A\b;
absc(it)=it*dt;
verr(it)=r(1237);
clear A b

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
Mn=zeros(nn,nn);
MP=zeros(nn,nn);
PM=zeros(nn,nn);
%TT eh a transposta da Jacobiana
clear itr il ig jl jg kl kg
for itr=1:ntr
    TT=[coord(malha(itr,2),:)-coord(malha(itr,1),:);
        coord(malha(itr,3),:)-coord(malha(itr,1),:)];
    T=inv(TT);
    detJ=det(TT);
    for il=1:3
        ig=malha(itr,il);
        for jl=1:3
            jg=malha(itr,jl);
            for kl=1:3
                kg=malha(itr,kl);
                % Mosquitos nao portadores
                Mn(ig,jg)=Mn(ig,jg)+
                +(abs(detJ))*srn(il,jl,kl)*((bet_m*dt/4)*
                *(c0i(kg)+in(kg))+
                +(lab_m*dt/(4*L))*
                *(c0m(kg)+m(kg)+2*(c0p(kg)+p(kg))));
                MP(ig,jg)=MP(ig,jg)-(abs(detJ))*srn(il,jl,kl)*
                *(lab_m*dt/(4*L))*(c0p(kg)+p(kg));
                % Mosquitos portadores
                PM(ig,jg)=PM(ig,jg)+(abs(detJ))*srn(il,jl,kl)*
                *(bet_m*dt/4)*(c0i(kg)+in(kg));
            end
        end
    end
end
end
% resolve o sistema para mosquitos
A=(1+(mi_m-lab_m)*dt/2)*M1+(alf_m*dt/2)*M2+
+(V_m(1)*dt/2)*M3+(V_m(2)*dt/2)*M4+Mn;
b=((1-(mi_m-lab_m)*dt/2)*M1-(alf_m*dt/2)*M2-
-(V_m(1)*dt/2)*M3-(V_m(2)*dt/2)*M4-Mn)*c0m
+(lab_m*dt/2)*M1*(c0p+p)+MP*(c0p+p);
m=A\b;
absc(it)=it*dt;
verm(it)=m(1237);
clear A b
% resolve o sistema para portadores
A=(1+mi_m*dt/2)*M1+(alf_p*dt/2)*M2+(V_p(1)*dt/2)*M3+
+(V_p(2)*dt/2)*M4;
b=((1-mi_m*dt/2)*M1-(alf_p*dt/2)*M2-
-(V_p(1)*dt/2)*M3-(V_p(2)*dt/2)*M4)*c0p+PM*(c0m+m);
p=A\b;
absc(it)=it*dt;

```

```
    verp(it)=p(1237);
    clear A b
end
c0s=s; c0i=in; c0r=r;
c0m=m; c0p=p;
% plota o grafico

if mod(it,10)==0
    trisurf(malha,coord(:,1),coord(:,2),s, 'EdgeColor','none'),
    grid on,title('susctiveis')
    view([0 90])
    colorbar
    shading interp
    saveas(gcf,['susctiveis' num2str(10000+it)],'jpg');
    %colorbar
    view([80 30])
    colorbar
    saveas(gcf,['susctiveis3D' num2str(10000+it)],'jpg');
% colorbar

    trisurf(malha,coord(:,1),coord(:,2),in, 'EdgeColor','none'),
    grid on,title('infectados')
    view([0 90])
    colorbar
    shading interp
    saveas(gcf,['infectados' num2str(10000+it)],'jpg');
    %colorbar
    view([80 30])
    colorbar
    saveas(gcf,['infectados3D' num2str(10000+it)],'jpg');
    %colorbar

    trisurf(malha,coord(:,1),coord(:,2),r, 'EdgeColor','none'),
    grid on,title('recuperados')
    view([0 90])
    colorbar
    shading interp
    saveas(gcf,['recuperados' num2str(10000+it)],'jpg');
% colorbar
    view([80 30])
    colorbar
    saveas(gcf,['recuperados3D' num2str(10000+it)],'jpg');
% colorbar

    trisurf(malha,coord(:,1),coord(:,2),m, 'EdgeColor','none'),
    grid on,title('Mosquito nao P')
    view([0 90])
    colorbar
    shading interp
    saveas(gcf,['Mosquito_nP' num2str(10000+it)],'jpg');
    %colorbar
    view([80 30])
    colorbar
    saveas(gcf,['Mosquito_nP3D' num2str(10000+it)],'jpg');
    %colorbar

    trisurf(malha,coord(:,1),coord(:,2),p, 'EdgeColor','none'),
    grid on,title('Mosquito P')
    view([0 90])
    colorbar
```

```
        shading interp
        saveas(gcf,['Mosquito_P' num2str(10000+it)],'jpg');
    % colorbar
        view([80 30])
        colorbar
        saveas(gcf,['Mosquito_P3D' num2str(10000+it)],'jpg');
    % colorbar
    end
    it
end
pause
subplot(2,2,1), plot(absc,vers);
subplot(2,2,1), plot(absc,verin);
subplot(2,2,1), plot(absc,verr);
subplot(2,2,1), plot(absc,verm);
subplot(2,2,1), plot(absc,verp);
```