

**UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
INSTITUTO DE MATEMÁTICA E ESTATÍSTICA**

PEDRO HENRIQUE PARREIRA

**Estudo dos pontos de equilíbrio em um modelo determinístico da dinâmica da
Leishmaniose**

**SÃO PAULO
2014**

PEDRO HENRIQUE PARREIRA

**Estudo dos pontos de equilíbrio em um modelo determinístico da dinâmica da
Leishmaniose**

SÃO PAULO

2014

PEDRO HENRIQUE PARREIRA

**Estudo dos pontos de equilíbrio em um modelo determinístico da dinâmica da
Leishmaniose**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Instituto de Matemática e Estatística da Universidade de São Paulo para obtenção do título de Bacharel em Matemática Aplicada e Computacional com Habilitação em Saúde Animal.

Orientador: Prof. Dr. Sergio Muniz Oliva Filho

SÃO PAULO

2014

RESUMO

A Leishmaniose é uma doença que depende de um vetor de transmissão para se propagar em uma população, sendo este vetor o mosquito do tipo *Lutzomia*. O contato entre humanos não permite a transmissão da doença de um humano infectado para outro humano não infectado. O controle de transmissão atualmente, de acordo com a legislação vigente, é feito através do sacrifício de animais infectados, principalmente cachorros.

Este trabalho tem como objetivo a simulação do modelo determinístico da dinâmica da Leishmaniose, aonde os pontos de equilíbrio serão calculados através de métodos numéricos e posteriormente classificados. Em cada simulação irá se variar o número de moscas na população para se observar o comportamento do sistema.

ABSTRACT

The Leishmaniosis is a disease that depends on a transmission vector to spread in a population, being this kind of mosquito vector *Lutzomia*. The contact between humans does not allow the transmission of the disease from an infected human to another human uninfected. The transmission control currently, according to the current legislation, is made through the sacrifice of infected animals, especially dogs.

This study aims to simulate the deterministic model of the dynamics of leishmaniasis, where the equilibrium points will be calculated using numerical methods and further classified. In each simulation will vary the number of flies in the population to observe the behavior of the system.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	6
CAPÍTULO 1 – MODELO DINÂMICO DE TRANSMISSÃO DA LEISHMANIOSE	9
1.1 Introdução Histórica	9
1.2 Alguns modelos matemáticos em epidemiologia	9
1.3 Modelo SIS	10
1.4 Modelo de transmissão da Leishmaniose	11
1.5 Estudo sobre a estabilidade do sistema	17
1.5.1 Ponto de equilíbrio	17
1.5.2 Matriz Jacobiana	18
1.5.3 Teorema da Linearização	21
CAPÍTULO 2 – RESOLUÇÃO NUMÉRICA	22
2.1 Introdução	22
2.2 Polinômio de Taylor	23
2.3 Método de Runge-Kutta	24
2.3.1 Método de Runge-Kutta de quarta ordem para sistemas de equações	28
2.3.2 Implementando o método de Runge-Kutta	29
CAPÍTULO 3 – RESULTADOS E SIMULAÇÕES	32
3.1 Considerações iniciais	32
3.2 Simulações por variação do tamanho da população de moscas	33
3.2.1 Simulação para $N_y = 2.000$	33
3.2.2 Simulação para $N_y = 3.500$	35
3.2.3 Simulação para $N_y = 5.000$	37
3.2.4 Simulação para $N_y = 6.500$	39
3.2.5 Simulação para $N_y = 8.000$	41
3.2.6 Simulação para $N_y = 9.500$	43
3.2.7 Simulação para $N_y = 11.000$	45
CONCLUSÃO	48
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	50

INTRODUÇÃO

A leishmaniose é considerada uma zoonose, ou seja, é uma doença presente em animais, que pode ser transmitida para o ser humano. Sua transmissão não ocorre do contato direto entre seres humanos mas sim através da picada do mosquito do tipo *Lutzomia*, porém, apenas as fêmeas da espécie são capazes de transmitir a doença, visto que os machos se nutrem com seiva vegetal, e a fêmea se nutrem de sangue, como descrito em [8].

Existem vários tipos de leishmaniose onde cada tipo causa sintomas diferentes. No caso da leishmaniose visceral, os sintomas são: febre irregular, anemia, indisposição, palidez da pele ou das mucosas, falta de apetite, perda de peso, inchaço no abdômen devido ao aumento do fígado e do baço. O período de incubação neste caso varia de, seis semanas a seis meses, sendo que os órgãos mais afetados são: baço, fígado e medula óssea, como citado em [10].

No caso da leishmaniose mucocutânea, através de uma lesão cutânea inicial, os parasitas podem se disseminar pela boca ou pelo nariz. Podem ocorrer lesões inflamatórias nas mucosas do nariz ou da boca, ou até mesmo a formação de úlceras que chegam, em alguns casos, a desfiguração do rosto do paciente. O período de incubação neste caso é de algumas semanas.

É uma doença que se não for tratada a tempo é quase sempre fatal, por isso é extremamente importante o diagnóstico precoce. Este é feito através de exames laboratoriais, sendo que o diagnóstico é comprovado através da presença dos parasitas nos tecidos do doente. Os exames, que podem auxiliar nesta comprovação são: exame direto de biópsia de baço, aspirado de medula, sangue, para a forma visceral da doença, e raspado da lesão, biópsia da lesão, para a forma mucocutânea.

Como o vetor da doença é um mosquito, o paciente deve ter um cuidado especial para que este não entre em contato com o vetor da doença, evitando assim

que esta possa se espalhar. As proteções mais eficazes desta doença são relativamente simples, sendo proteções mecânicas contra a picada de insetos.

Existe uma grande polêmica no Brasil em torno de um depositário da doença: o cachorro. A recomendação do Ministério da Saúde, e do Conselho Federal de Medicina Veterinária é a eutanásia do animal em caso de comprovação de infecção. A justificativa para tal é que qualquer tipo de tratamento no animal infectado representa um risco a população, visto que o animal infectado é um hospedeiro e irá contribuir para a propagação da doença na população. Além disso, não existe qualquer tipo de tratamento cientificamente comprovado que causa a cura do animal infectado.

A eutanásia de animais infectados pela leishmaniose está prevista na legislação brasileira, no decreto nº 51.838/1963, código penal e recomendações sanitárias. No artigo 9º, diz: Os cães encontrados doentes deverão ser sacrificados, evitando-se, porém, a crueldade. Este decreto é de 14 de março de 1963, conforme em [11].

Caso o médico veterinário descumpra o decreto, e determine o tratamento do cão infectado, este poderá responder junto ao Processo Ético Profissional (PEP) e à representação junto ao Ministério Público Federal e Estadual, conforme em [11].

Apesar disto, existem diversas pesquisas científicas na busca de uma cura definitiva da leishmaniose para os cães, o que evitaria a eutanásia deste. Alguns testes experimentais destas vacinas, resultaram em um declínio de até 61% de casos em humanos e de 25% para o caso de cachorros.

Apesar de sendo desconhecida pela maior parte da população, a leishmaniose causou mais mortes do que a dengue no período entre os anos 2000 e 2011 em nove estados brasileiros. Antigamente, a doença ficava restrita a região nordeste do país, sendo que agora encontra-se presente em todo o território nacional.

Entre os anos 2000 e 2011, a dengue causou a morte de 2.847 mortes, enquanto a leishmaniose causou a morte de 2.609 mortes [8].

Neste trabalho, vamos estudar o modelo dinâmico de transmissão da Leishmaniose, realizando simulações afim de se obter diferentes resultados e compará-los.

Para cada simulação, irá se variar o número de moscas, assim poderemos observar para cada simulação o comportamento da evolução da doença ao longo do tempo. Também iremos realizar análises de estabilidade para os pontos de equilíbrio, para observar a estabilidade do sistema para estes pontos, através da matriz Jacobiana.

No primeiro capítulo, iremos apresentar os modelos de dinâmica de transmissão da Leishmaniose, bem como as suas características, e também uma introdução histórica sobre o desenvolvimento destes sistemas.

No segundo capítulo, iremos apresentar os métodos que iremos utilizar para se realizar a integração numérica que iremos utilizar nas simulações, bem tal como a sua implementação no sistema estudado.

No terceiro capítulo, iremos apresentar os resultados das simulações que foram realizadas variando o número de moscas na população, bem como a matriz Jacobiana para o ponto de equilíbrio e seus autovalores.

CAPÍTULO 1 – MODELO DINÂMICO DE TRANSMISSÃO DA LEISHMANIOSE

1.1 Introdução Histórica

O primeiro matemático a desenvolver um modelo matemático em epidemiologia foi Daniel Bernoulli em 1766. O modelo proposto por Daniel Bernoulli mostrou que a inoculação universal contra a varíola, poderia aumentar a expectativa de vida de 26 anos e 7 meses a 29 anos e 9 meses.

Anos depois, a primeira formulação completa de um modelo matemático genérico em epidemiologia foi proposto em 1927, por Kermack e McKendrick. A análise de seu modelo levou a um teorema bastante importante, aonde se diz que uma epidemia pode ocorrer em uma população de indivíduos totalmente suscetíveis, caso haja a introdução de um determinado número de indivíduos infectados.

E em 1931, Greenwood introduziu a ideia de que durante um dado contato entre um indivíduo susceptível, e em indivíduo infectado, existe uma probabilidade de o indivíduo susceptível se infectar.

A utilização de modelos matemáticos para se estimar a evolução da doença, é de extrema importância na prevenção de epidemias.

1.2 Alguns modelos matemáticos em epidemiologia

Existem alguns modelos matemáticos em epidemiologia, porém os mais importantes são os modelos: SI, SIS e SIR. Em ambos os modelos, os indivíduos da população são classificados de acordo com o estado da doença:

1. Indivíduo suscetíveis: são indivíduos da população que não possuem a doença, mas que estão expostos a ela, podem se tornarem infectados caso haja um contato com um indivíduo infectado. O número de indivíduos é representado por $S(t)$, no instante t .

2. Indivíduos infectados: são indivíduos da população que possuem a doença, e pode infectar um indivíduo suscetível. O número de indivíduos é representado por $I(t)$, no instante t .

1.3 Modelo SIS

Neste modelo, um indivíduo suscetível pode se tornar infectado e infeccioso através do contato com um indivíduo infectado. Apesar disto, o novo indivíduo infectado não se tornará imune a doença, podendo este se curar e retornar a classe de indivíduo suscetível, e se infectar novamente.

As equações diferenciais que descrevem o modelo SIS, com dinâmica vital e população não constante são [4]:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI + \gamma I + \mu N - \delta S$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I - \delta S$$

Com $t > 0$, e satisfazendo as condições iniciais $S(0) > 0$ e $I(0) > 0$. Aonde:

β : taxa de contato

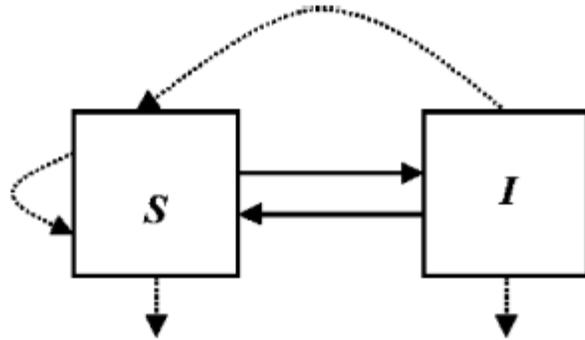
μ : taxa de natalidade

δ : taxa de mortalidade

γ : taxa de recuperação

O diagrama abaixo (Figura 1) ilustra a dinâmica no modelo SIS:

Figura 1. dinâmica no modelo SIS



As linhas pontilhadas representam mortes e nascimentos na população, já as linhas sólidas representam as infecções e as recuperações [4].

O R_0 indica o número de novos casos da doença que irá aparecer, a partir da introdução de um indivíduo infectado. O R_0 é definido como sendo: $R_0 = \beta/(\gamma + \delta)$. O Caso $R_0 > 1$, indica que a doença está se instalada na população

A condição para que a doença esteja se propagando em uma determinada população, para o modelo SIS com dinâmica vital e população estável, é definida pelo Número de reprodução básico (R_0).

1.4 Modelo de transmissão da Leishmaniose

O modelo SIS será empregado para descrever a dinâmica de propagação da Leishmaniose em uma população.

Os indivíduos serão classificados neste modelo como:

1. $S_r(t)$, onde $r = 1, \dots, n$, representa o número de indivíduos susceptíveis no tempo t , para a espécie r . Sendo n o número total de tipos de animais no sistema, incluindo seres humanos. São considerados susceptíveis, pois podem se tornar infectados com a picada de alguma mosca fêmea infectada.
2. $I_r(t)$, onde $r = 1, \dots, n$, representa o número de indivíduos infectados no tempo t , para a espécie r . São considerados infectados, pois podem infectar um mosca fêmea susceptível. Uma mosca susceptível, ao picar um animal infectado, pode se contaminar e ajudar na propagação da doença.
3. $S_f(t)$, onde $r = 1, \dots, n$, representa o número de moscas fêmeas susceptíveis, no tempo t . São consideradas moscas fêmeas susceptíveis, as que podem se contaminar ao picar um animal contaminado, se tornando ela infectado e podendo infectar outros animais susceptíveis de qualquer espécie.
4. $I_f(t)$, onde $r = 1, \dots, n$, representa o número de moscas fêmeas infectadas, no tempo t . São consideradas moscas fêmeas infectadas, as que podem infectar animais susceptíveis, ou seja, aqueles que ainda não possuem a doença.

A população total, para uma espécie r , no tempo t , é dada por $Nr(t) = Sr(t) + Ir(t)$, e a população total de moscas fêmeas, no tempo t , é dado por $Nf(t) = Sf(t) + If(t)$.

A taxa de nascimento será identidade para as populações infectadas e susceptíveis, e existe transmissão vertical, ou seja, qualquer novo indivíduo é susceptível.

As equações que descrevem o modelo, em [1] são:

$$\frac{dS_j}{dt} = -\alpha_j \rho_j \frac{S_j}{N_j} I_f + \gamma_j I_j + \beta_j N_j - \sigma_j S_j, \quad j = 1, \dots, n$$

$$\frac{dI_j}{dt} = \alpha_j \rho_j \frac{S_j}{N_j} I_f - \gamma_j I_j - \sigma_j I_j, \quad j = 1, \dots, n$$

$$\frac{dS_f}{dt} = -\sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} \frac{I_i}{N_i} S_f + \gamma_f I_f + \beta_f N_f - \sigma_f S_f$$

$$\frac{dI_f}{dt} = \sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} \frac{I_i}{N_i} S_f - \gamma_f I_f - \sigma_f I_f,$$

Aonde:

α_j : taxa média de picadas de uma mosca fêmea, para a espécie j.

ρ_j : probabilidade de uma picada de uma mosca fêmea infectar um indivíduo susceptível, para a espécie j.

$\rho_{f,i}$: Probabilidade de uma mosca fêmea susceptível, ser infectada ao picar um indivíduo infectado, para a população i.

γ_j e γ_f : taxa de indivíduos infectados que se recuperaram e se tornaram susceptíveis, para a espécie j e moscas fêmeas respectivamente.

β_j e β_f : taxa de natalidade para a espécie j e moscas fêmeas respectivamente.

σ_j e σ_f : taxa de mortalidade para a espécie j e moscas fêmeas respectivamente.

A taxa de novos indivíduos infectados, para a espécie j, é dada por $\alpha_j \rho_j (S_j/N_j) I_f$, ou seja, é dada diretamente proporcional a proporção de animais susceptíveis, a probabilidade de infecção a cada picada, a taxa de picada, e a população de moscas gêmeas infectadas. E a taxa de novos casos de moscas fêmeas

infectadas é dada por $\sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} (I_i/N_i) S_f$, ou seja, é diretamente proporcional a taxa de picada, a probabilidade de infecção de uma mosca se infectar ao picar um animal infectado para a espécie i, a proporção de animais infectados para a espécie i, e a população de moscas fêmeas susceptíveis.

O número de reprodução básico é um parâmetro limiar muito útil para determinar a intensidade da propagação da doença. Em seguida, iremos obter o R_0 para o modelo descrito:

Fazendo as seguintes substituições:

$$S_j(t) = N_j(t) - I_j \text{ e } S_f(t) = N_f(t) - I_f$$

Obtemos as seguintes equações:

$$\begin{aligned} \frac{dI_f}{dt} &= \sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} \frac{I_i}{N_i} (N_f - I_f) - \gamma_f I_f - \sigma_f I_f, \\ \frac{dI_j}{dt} &= \alpha_j \rho_j \frac{N_j - I_j}{N_j} I_f - \gamma_j I_j - \sigma_j I_j, \quad j = 1, \dots, n. \end{aligned}$$

Colocando I_f e I_j em evidência na primeira e na segunda equação, respectivamente, obtivemos:

$$\begin{aligned} \frac{dI_f}{dt} &= \sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} \frac{I_i}{N_i} (N_f - I_f) - (\gamma_f + \sigma_f) I_f, \\ \frac{dI_j}{dt} &= \alpha_j \rho_j \frac{N_j - I_j}{N_j} I_f - (\gamma_j + \sigma_j) I_j, \quad j = 1, \dots, n. \end{aligned}$$

Dividindo por N_f e N_j a primeira e a segunda equação, respectivamente, obtemos:

$$\frac{1}{N_f} \frac{dI_f}{dt} = \sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} \frac{I_i}{N_i} \left(\frac{N_f - N_i}{N_f} \right) - (\gamma_f + \sigma_f) \frac{I_f}{N_f},$$

$$\frac{1}{N_j} \frac{dI_j}{dt} = \frac{\alpha_j \rho_j}{N_j} \left(\frac{N_j - I_j}{N_j} \right) I_f - (\gamma_j + \sigma_j) \frac{I_j}{N_j}, \quad j = 1, \dots, n$$

Como $\frac{N_f - I_f}{N_f} = 1 - \frac{I_f}{N_f}$ e $\frac{N_j - I_j}{N_j} = 1 - \frac{I_j}{N_j}$, temos :

$$\frac{1}{N_f} \frac{dI_f}{dt} = \sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} \frac{I_i}{N_i} \left(1 - \frac{I_f}{N_f} \right) - (\gamma_f + \sigma_f) \frac{I_f}{N_f},$$

$$\frac{1}{N_j} \frac{dI_j}{dt} = \frac{\alpha_j \rho_j}{N_j} \left(1 - \frac{I_j}{N_j} \right) I_f - (\gamma_j + \sigma_j) \frac{I_j}{N_j}, \quad j = 1, \dots, n$$

Fazendo $y = \frac{I_f}{N_f}$ e $x_j = \frac{I_j}{N_j}$, obtemos $\frac{dy}{dt} = \frac{1}{N_f} \frac{dI_f}{dt}$ e $\frac{dx_j}{dy} = \frac{1}{N_j} \frac{dI_j}{dt}$, logo

$$\frac{dy}{dt} = \sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} x_i (1 - y) - (\gamma_f + \sigma_f) y,$$

$$\frac{dx_j}{dt} = \frac{\alpha_j \rho_j}{N_j} (1 - x_j) I_f - (\gamma_j + \sigma_j) x_j, \quad \text{para } j = 1, \dots, n$$

Por $y = \frac{I_f}{N_f}$, temos $I_f = N_f y$ e :

$$\frac{dy}{dt} = \sum_{i=1}^n \alpha_i \rho_{f,i} x_i (1 - y) - (\gamma_f + \sigma_f) y,$$

$$\frac{dx_j}{dt} = \frac{\alpha_j \rho_j N_f}{N_j} (1 - x_j) y - (\gamma_j + \sigma_j) x_j, \quad \text{para } j = 1, \dots, n$$

Colocando $(\gamma_f + \sigma_f)$ e $(\gamma_j + \sigma_j)$ em evidência na primeira e segunda equação, respectivamente, obtemos:

$$\frac{dy}{dt} = (\gamma_f + \sigma_f) \left((1 - y) \sum_{i=1}^n \left(\frac{\alpha_i \rho_{f,i}}{\gamma_f + \sigma_f} \right) x_i - y \right)$$

$$\frac{dx_j}{dy} = (\gamma_j + \sigma_j) \left(\left(\frac{\alpha_j \rho_j N_f}{(\gamma_j + \sigma_j) N_j} \right) (1 - x_j) y - x_j \right), \quad j = 1, \dots, n$$

Fazendo $\lambda_i = \frac{\alpha_i \rho_{f,i}}{(\gamma_f + \sigma_f)}$ e $k_j = \frac{\alpha_j \rho_j N_f}{(\gamma_j + \sigma_j) N_j}$, temos:

$$\frac{dy}{dt} = (\gamma_f + \sigma_f) \left((1 - y) \sum_{i=1}^n \lambda_i x_i - y \right)$$

$$\frac{dx_j}{dy} = (\gamma_j + \sigma_j) (k_j (1 - x_j) y - x_j), \quad j = 1, \dots, n$$

O $R_{o,j}$, pode ser definido como: $R_{o,j} = \lambda_j k_j$, para a espécie j , já o R_o do sistema, é definido como a soma dos $R_{o,j}$, de todas as espécies, como:

$$R_o = \sum_{j=1}^n \lambda_j k_j$$

O $R_{o,j}$, represente o número total de infecções causadas na população, através de um indivíduo infectado. No caso do modelo descrito, a introdução de um animal infectado, da espécie j , irá causar a infecção de λ_j moscas fêmeas. E cada uma destas novas moscas fêmeas infectadas, iram causar a contaminação de k_j animais na população.

Portanto, o $R_{o,j}$ é diretamente calculado, como o produto das moscas infectadas pela introdução de um animal infectado, da espécie j , com o número de animais que serão contaminados por cada mosca infectada por este novo animal infectado.

1.5 Estudo sobre a estabilidade do sistema

Iremos estudar a estabilidade do sistema, nos pontos de equilíbrio. Iremos apresentar a definição de pontos de equilíbrio e matriz Jacobiana.

Nas simulações, é localizado o ponto de equilíbrio do sistema, e em seguida é calculada a matriz Jacobiana para aquele ponto. Se observa que, quando o R_0 é maior do que um, todos os autovalores da Matriz Jacobiana para este ponto, tem a sua parte real estritamente positiva, indicando que o ponto é assintoticamente estável.

1.5.1 Ponto de equilíbrio

Dada a equação diferencial:

$$\frac{dx}{dt} = f(x)$$

Dizemos que $x^* \in R^n$, é ponto de equilíbrio se $f(x^*) = 0$, para todo t .

Iremos localizar os pontos de equilíbrio do sistema que estamos estudando. Dada a equação de $y'(t)$:

$$\frac{dy}{dt} = c_0 \left((1 - y) \sum_{i=1}^n \lambda_i x_i - y \right)$$

Fazendo $dy/dt = 0$, obtemos:

$$\sum_{i=1}^n \lambda_i x_i = \frac{y}{1 - y}$$

Da mesma forma, para as equações relacionadas as populações de animais e humanos:

$$\frac{dx_i}{dt} = c_i((1 - x_i)k_i y - x_i), \text{ para } i = 1 \text{ ou } 2$$

Fazendo $dx_i/dt = 0$, obtemos:

$$x_i = \frac{k_i y}{1 + k_i y}$$

1.5.2 Matriz Jacobiana

Dado uma função f , e um ponto $\mathbf{x}^* \in R^n$, é definido uma matriz $n \times n$ como:

$$a_{ij} = \frac{\partial f^j}{\partial x_i}(\mathbf{x}^*)$$

Portanto, definimos a matriz Jacobiana como, no ponto \mathbf{x}^* : $\mathbf{A} = \mathbf{Df}(\mathbf{x}^*)$.

Definimos como a Linearização do sistema original, no ponto \mathbf{x}^* , como:

$$\begin{aligned} x_1' &= a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \dots + a_{1n}x_n \\ x_2' &= a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \dots + a_{2n}x_n \\ &\dots \\ x_m' &= a_{m1}x_1 + a_{m2}x_2 + \dots + a_{mn}x_n \end{aligned}$$

Aplicando ao sistema de equação que está sendo estudada em questão, temos:

Para $y'(t)$:

$$\begin{aligned} \frac{dy}{dt} &= c_0((1 - y) \sum_{i=1}^n \lambda_i x_i - y), \text{ onde } c_0 = \rho_f + \gamma_f \\ f_y(t) &= y'(t) = c_0((1 - y)(\lambda_1 x_1 + \lambda_2 x_2) - y) \end{aligned}$$

Para $x_1'(t)$:

$$\frac{dx_1}{dt} = c_1(k_1(1 - x_1)y - x_1), \text{ onde } c_1 = \rho_1 + \gamma_1$$

$$f_{x_1}(t) = x_1'(t) = c_1(k_1(1 - x_1)y - x_1)$$

Para $x_2'(t)$:

$$\frac{dx_2}{dt} = c_2(k_2(1 - x_2)y - x_2), \text{ onde } c_2 = \rho_2 + \gamma_2$$

$$f_{x_2}(t) = x_2'(t) = c_2(k_2(1 - x_2)y - x_2)$$

Calculando os elementos da matriz Jaxobiana do sistema em questão, obtemos:

Para $y'(t)$:

$$a_{11} = \frac{\partial f_y(t)}{\partial y} = -c_0(\lambda_1 x_1 + \lambda_2 x_2 + 1)$$

$$a_{12} = \frac{\partial f_y(t)}{\partial x_1} = c_0 \lambda_1 (1 - y)$$

$$a_{13} = \frac{\partial f_y(t)}{\partial x_2} = c_0 \lambda_2 (1 - y)$$

Para $x'_1(t)$:

$$a_{21} = \frac{\partial f_{x1}(t)}{\partial y} = c_1 k_1 (1 - x_1)$$

$$a_{22} = \frac{\partial f_{x1}(t)}{\partial x_1} = -c_1 (1 - k_1 y)$$

$$a_{23} = \frac{\partial f_{x1}(t)}{\partial x_2} = 0$$

Para $x'_2(t)$:

$$a_{31} = \frac{\partial f_{x2}(t)}{\partial y} = c_2 k_2 (1 - x_2)$$

$$a_{32} = \frac{\partial f_{x2}(t)}{\partial x_1} = 0$$

$$a_{33} = \frac{\partial f_{x2}(t)}{\partial x_2} = -c_2 (1 - k_2 y)$$

Portanto, definimos a matriz Jacobiana para o sistema em questão, no ponto x^* , como:

$$J(x^*) = \begin{bmatrix} -c_0(\lambda_1 x_1 + \lambda_2 x_2 + 1) & c_0 \lambda_1 (1 - y) & c_0 \lambda_2 (1 - y) \\ c_1 k_1 (1 - x_1) & -c_1 (1 + y k_1) & 0 \\ c_2 k_2 (1 - x_2) & 0 & -c_2 (1 + y k_2) \end{bmatrix}$$

Logo, podemos definir para o sistema em questão, a linearização do sistema original para o ponto x^* :

$$y'(t) = -c_0(\lambda_1 x_1 + \lambda_2 x_2 + 1)y + c_0 \lambda_1 (1 - y)x_1 + c_0 \lambda_2 (1 - y)x_2$$

$$x_1'(t) = c_1 k_1 (1 - y)y - c_1 (1 + k_1 y)x_1$$

$$x_2'(t) = c_2 k_2 (1 - y)y - c_2 (1 + k_2 y)x_2$$

Assim, podemos escrever como:

$$\begin{bmatrix} y'(t) \\ x_1'(t) \\ x_2'(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -c_0(\lambda_1 x_1 + \lambda_2 x_2 + 1) & c_0 \lambda_1 (1 - y) & c_0 \lambda_2 (1 - y) \\ c_1 k_1 (1 - y) & -c_1 (1 + k_1 y) & 0 \\ c_2 k_2 (1 - y) & 0 & -c_2 (1 + k_2 y) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} y(t) \\ x_1(t) \\ x_2(t) \end{bmatrix}$$

1.5.3 Teorema da Linearização

Um ponto x^* é considerado hiperbólico, caso não exista autovalor da matriz $J(x^*)$, com parte real zero.

Suponha que o sistema dinâmico é hiperbólico em um ponto fixo x^* , então x^* é assintoticamente estável se sua linearização é assintoticamente estável. Além disso, se x^* é assintoticamente estável, então todos os autovalores da matriz Jacobiana possuem valor estritamente negativo na sua parte real, conforme em [6].

Através das simulações, iremos mostrar que quando o ponto de equilíbrio para a simulação em questão, for assintoticamente estável, o R_0 para a simulação tem valor maior ou igual a um, indicando que o sistema entrou em estabilidade e portanto a leishmaniose se instalou na população.

CAPÍTULO 2 – RESOLUÇÃO NUMÉRICA

2.1 Introdução

Existem muitos métodos para resolver analiticamente um sistema de equações diferenciais, porém isto nem sempre é possível. Nestes casos se utiliza métodos de resolução numérica.

Porém, vale adiantar que o método escolhido para a resolução número do sistema de equações diferenciais proposto, será o Runge-Kutta, pois este método apresenta algumas vantagens, como por exemplo, a de não ter a necessidade de derivadas de ordem superior a dois, para o sistema de equação, do qual se pretende fazer esta resolução numérica.

O método de Runge-Kutta foi desenvolvido por dois cientistas: Carl David Runge e M. Wilhelm Kutta. Este método de resolução numérica é um dos mais populares, e também um dos mais precisos para se obter soluções aproximadas para problemas de valor inicial.

No nosso sistema de equações diferenciais, temos quatro variáveis, que são:

$Y(t)$: Proporção de moscas infectadas, no instante t .

$X_1(t)$: Proporção de humanos infectados, no instante t .

$X_2(t)$: Proporção de animais infectados, no instante t .

t : Indica o instante, em dias.

O método de Runge-Kutta, é construído em torno do polinômio de Taylor, por isto, antes de definirmos o método, iremos definir o polinômio de Taylor, e posteriormente, iremos contruir o método de Runge-Kutta em torno do polinômio.

Para a resolução do sistema de equações proposto, iremos utilizar o método de Runge-Kutta para sistemas.

2.2 Polinômio de Taylor

Dado um polinômio qualquer.

$$p(x) = a_0 + a_1(x - a) + a_2(x - a)^2 + a_3(x - a)^3 + \dots + a_n(x - a)^n$$

Dizemos que este está centrado em $x = a$. Logo, derivando $p(x)$:

$$p'(x) = a_1 + 2a_2(x - a) + 3a_3(x - a)^2 + \dots + na_n(x - a)^{n-1}$$

$$p'(a) = a_1 \quad \Rightarrow \quad a_1 = \frac{p'(a)}{1!}$$

Fazendo a segunda derivada, temos:

$$p''(x) = 2a_2 + 6a_3(x - a) + \dots + n(n - 1)a_n(x - a)^{n-2}$$

$$p''(a) = a_2 \quad \Rightarrow \quad a_2 = \frac{p''(a)}{2!}$$

Portanto, por indução se obtém:

$$p^{(k)}(a) = k!a_k \quad \Rightarrow \quad a_k = \frac{p^{(k)}(a)}{k!}$$

Definição. Dada $f: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ uma função que tenha derivadas até ordem n no ponto $x = a$, associamos a f o polinômio $P_{n,a}(x)$ de grau $\leq n$ dado por [5]:

$$P_{n,a}(x) = a_0 + a_1(x - a) + a_2(x - a)^2 + \dots + a_n(x - a)^n, \quad \text{onde os}$$

coeficientes:

$$a_k = \frac{f^{(k)}(a)}{k!}, \quad k = 0, 1, 2, \dots, n.$$

Logo:

$$P_{n,a}(x) = f(a) + f^{(1)}(a)(x - a) + \frac{f^{(2)}(a)}{2!}(x - a)^2 + \dots + \frac{f^{(n)}(a)}{n!}(x - a)^n$$

2.3 Método de Runge-Kutta

A construção deste método gira em torno do polinômio de Taylor. O polinômio de Taylor é uma expansão do teorema do valor médio. O polinômio de Taylor de grau n é dado por, numa vizinhança de $x = a$ [2]:

$$p_n(x) = f(a) + f'(a)(x - a) + \frac{f''(a)}{2!}(x - a)^2 + \dots + \frac{f^{(n)}(a)}{n!}(x - a)^n.$$

Iremos, deduzir o método de Runge-Kutta, que usa diretamente o polinômio de Taylor.

Vamos considerar que $x(t)$ seja um função qualquer, tal que faça parte de algum problema de valor inicial:

$$\begin{cases} x'(t) = f(x, t) \\ x(t_0) = x_0 \end{cases} \quad (1)$$

Iremos escrever o polinômio de Taylor para $x(t)$, em torno do ponto $t + h$, obtemos:

$$x(t + h) = x(t) + hx'(t) + \frac{h^2 x''(t)}{2!} + \frac{h^3 x'''(t)}{3!} + \dots \quad (2)$$

Usando a equação (1), e a regra da cadeia, obtemos as seguintes equações:

$$x'(t) = f(t, x) = f$$

$$x''(t) = \frac{\partial f}{\partial x} + \frac{\partial f}{\partial t} \frac{dx(t)}{dt} = f_t + f_x x'(t) = f_t + f_x f$$

$$x'''(t) = \frac{\partial [f_t + f_x f]}{\partial t} + \frac{\partial [f_t + f_x f]}{\partial x} = f_{tt} + f_{xt} f + f_x f_t + f_{tx} f + f_{xx} f f + f_x f_x f$$

Fazendo as substituições, das equações obtidas acima, na equação (2), vamos obter o seguinte polinômio de Taylor:

$$x(t + h) = x(t) + hf + \frac{h^2 (f_t + f_x f)}{2} + O(h^3) \quad (3).$$

Escrevendo o polinômio de Taylor, para a função $f(x,t)$, em torno do ponto $(t+h, x+hf)$

$$\begin{aligned} f(t+h, x+hf) &= f(x, t) + hf'(x, t) \\ f(t+h, x+hf) &= f(x, t) + h(f_t + f_x f) \quad (4) \end{aligned}$$

Reescrevendo a equação (3), obtemos:

$$\begin{aligned} x(t+h) &= x(t) + hf + \frac{h^2(f_t + f f_x)}{2} + O(h^3) \\ x(t+h) &= x(t) + \frac{hf}{2} + \frac{hf}{2} + \frac{h^2(f_t + f f_x)}{2} + O(h^3) \\ x(t+h) &= x(t) + \frac{hf}{2} + \frac{h(f + hf_t + hf f_x)}{2} + O(h^3) \quad (5) \end{aligned}$$

Substituindo (4), em (5), obtemos:

$$x(t+h) = x + \frac{hf(x, t)}{2} + \frac{hf(t+h, x+hf)}{2} + O(h^3)$$

Eliminando o $O(h^3)$, podemos escrever:

$$x(t+h) = x + \frac{F_1 + F_2}{2} \text{ onde } F_1 = hf(x, t) \text{ e } F_2 = hf(t+h, x+F_1)$$

Quanto menor for o valor de h , chamado de passo, menor será o erro cometido na aproximação.

Esta é a fórmula para o método de Runge-Kutta de segunda ordem. Aonde podemos aproximar uma função, sabendo o valor de um ponto em específico, que neste caso é o valor inicial do problema.

Para o problema proposto, em vez de utilizar o método de resolução número Runge-Kutta de segunda ordem, iremos utilizar o de quarta ordem. O de quarta ordem utiliza em vez de dois termos, do polinômio de Taylor, quatro termos. Logo a precisão deste é superior ao de segunda ordem.

O método de Runge-Kutta de quarta ordem é definido como:

$$x(t+h) = x(t) + \frac{1}{2}[K_1 + 2K_2 + 2K_3 + K_4]$$

Onde:

$$K_1 = hf(x, t)$$

$$K_2 = hf\left(t + \frac{h}{2}, x + \frac{K_1}{2}\right)$$

$$K_3 = hf\left(t + \frac{h}{2}, x + \frac{K_2}{2}\right)$$

$$K_4 = hf(t+h, x + K_3)$$

Exemplo:

Supondo o problema abaixo:

$$y'(t) = t + 1$$

$$y(0) = 0$$

Resolvendo analiticamente, temos:

$$y'(t) = \frac{dy(t)}{dt} = t + 1$$

$$dy(t) = (t+1)dt \quad \Rightarrow \quad \int dy(t) = \int (t+1)dt$$

$$\text{portanto} \quad \int dy(t) = y(t) = \frac{t^2}{2} + t + c$$

$$\text{Como } y(0) = 0 \quad \Rightarrow \quad y(0) = c = 0 \Rightarrow c = 0$$

Portanto, podemos definir $y(t)$, como:

$$y(t) = \frac{t^2}{2} + t$$

Portanto, para $t=1$, temos, $y(1) = 3/2$.

Supondo, que gostaríamos de estimar o valor de $y(1)$, usando o método de Runge-Kutta, teríamos, usando o passo igual a um ($h=1$), teríamos:

$$y'(t) = f(y, t) = t + 1$$

$$K_1 = f(y(0), 0) = 0 + 1 = 1$$

$$K_2 = f\left(y(0) + \frac{K_1}{2}, 0 + \frac{h}{2}\right) = f\left(\frac{1}{2}, \frac{1}{2}\right) = \frac{1}{2} + 1 = \frac{3}{2}$$

$$K_3 = f\left(y(0) + \frac{K_2}{2}, 0 + \frac{h}{2}\right) = f\left(\frac{3}{4}, \frac{1}{2}\right) = \frac{1}{2} + 1 = \frac{3}{2}$$

$$K_4 = f\left(y(0) + K_3, 0 + h\right) = f\left(\frac{3}{2}, 1\right) = 1 + 1 = 2$$

Aplicando o restante do método:

$$y(t+h) = y(0+1) = y(1) = y(0) + \frac{1}{6}[K_1 + 2K_2 + 2K_3 + K_4]$$

$$\therefore y(1) = y(0) + \frac{1}{6}[1 + 3 + 3 + 2] = 0 + \frac{1}{6}[9] = \frac{3}{2}$$

Apesar da simplicidade do problema em questão, o exemplo mostra a implementação do método de Runge-Kutta, e o resultado que ele obteve vai de encontro com a resolução analítica.

Podemos definir o algoritmo como:

Entrada: Equação diferencial: $x(t)$

Valor Inicial: $x(t_0) = x_0$, aonde $t=t_0$, e h .

Saída: Valor da função, $x(j)$, aonde $j>0$.

Passo 1: $i = 0$, $f(x, t) = x'(t)$

Passo 2: Se $i = j$, ir para **Passo 7**

Passo 3: $K_1 = h f(x(t_i), t_i)$

$$K_2 = h f\left(x(t_i) + \frac{h}{2}, t_i + \frac{K_1}{2}\right)$$

$$K_3 = h f\left(x(t_i) + \frac{h}{2}, t_i + \frac{K_2}{2}\right)$$

$$K_4 = h f(x(t_i) + h, t_i + K_3)$$

Passo 4: $i = i + 1$

Passo 5: $x(t_i) = x(t_{i-1}) + [K_1 + 2K_2 + 2K_3 + K_4]/6$

Passo 6: Ir para o **Passo 2**

Passo 7: SAIDA ($x(t_i)$)

PARE

2.3.1 Método de Runge-Kutta de quarta ordem para sistemas de equações

Para a resolução numérica, do sistema de equações diferenciais, que descrevem o comportamento da leishmaniose em uma determinada situação, iremos utilizar o método de Runge-Kutta de quarta ordem, para sistemas.

O exemplo dado anteriormente, na implementação do método de Runge-Kutta, ficou restrito apenas a uma equação diferencial, e não a um sistema de equações. Portanto, iremos descrever, a implementação do método de Runge-Kutta, de quarta ordem para sistemas de equações.

Supondo que temos, n equações diferenciais no sistema, isto é:

$$x_1(t), x_2(t), x_3(t), \dots, x_n(t)$$

Da mesma forma, este é um problema de valor inicial que podemos definir como:

$$\begin{cases} x_1'(t) = f_1(x_1, t), & \text{aonde } x_1(t_0) = x_{10} \\ x_2'(t) = f_2(x_1, t), & \text{aonde } x_2(t_0) = x_{20} \\ x_3'(t) = f_3(x_1, t), & \text{aonde } x_3(t_0) = x_{30} \\ \dots \\ x_n'(t) = f_n(x_1, t), & \text{aonde } x_n(t_0) = x_{n0} \end{cases}$$

Logo, para equação i , aonde $1 < i \leq n$, temos:

$$x_i(t+h) = x_i(t) + \frac{1}{6}[K_1^i + 2K_2^i + 2K_3^i + K_4^i]$$

Aonde:

$$K_1^i = hf(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n)$$

$$K_2^i = hf\left(x_1 + \frac{K_1^1}{2}, x_2 + \frac{K_1^2}{2}, x_3 + \frac{K_1^3}{2}, \dots, x_n + \frac{K_1^n}{2}\right)$$

$$K_3^i = hf\left(x_1 + \frac{K_2^1}{2}, x_2 + \frac{K_2^2}{2}, x_3 + \frac{K_2^3}{2}, \dots, x_n + \frac{K_2^n}{2}\right)$$

$$K_4^i = hf(x_1 + K_3^1, x_2 + K_3^2, x_3 + K_3^3, \dots, x_n + K_3^n)$$

2.3.2 Implementando o método de Runge-Kutta

As equações diferenciais que representam o sistema são:

$$\frac{dy}{dt} = (\gamma_f + \sigma_f)((1-y)[\lambda_1 x_1 + \lambda_2 x_2] - y)$$

$$\frac{dx_1}{dt} = (\gamma_1 + \sigma_1)(k_1(1-x_1)y - x_1)$$

$$\frac{dx_2}{dt} = (\gamma_2 + \sigma_2)(k_2(1-x_2)y - x_2)$$

Do qual, as equações representam respectivamente, a proporção da população infectada de moscas, humanos e animais.

Podemos escrever, o sistema de equações da seguinte forma:

$$y'(t) = f(y, x_1, x_2)$$

$$x_1'(t) = g_1(y, x_1)$$

$$x_2'(t) = g_2(y, x_2)$$

Logo, pelo método de Runge-Kutta de ordem quatro para sistemas, temos:

$$y(t+h) = y(t) + \frac{1}{6}[K_1 + 2K_2 + 2K_3 + K_4]$$

$$x_1(t+h) = x_1(t) + \frac{1}{6}[L_1 + 2L_2 + 2L_3 + L_4]$$

$$x_2(t+h) = x_2(t) + \frac{1}{6}[J_1 + 2J_2 + 2J_3 + J_4]$$

Aonde:

$$\left\{ \begin{array}{l} K_1 = f(y, x_1, x_2) \\ L_1 = g_1(y, x_1) \\ J_1 = g_2(y, x_2) \end{array} \right.$$

$$\left\{ \begin{array}{l} K_2 = f\left(y + \frac{K_1}{2}, x_1 + \frac{L_1}{2}, x_2 + \frac{J_1}{2}\right) \\ L_2 = g_1\left(y + \frac{K_1}{2}, x_1 + \frac{L_1}{2}\right) \\ J_2 = g_2\left(y + \frac{K_1}{2}, x_2 + \frac{J_1}{2}\right) \end{array} \right.$$

$$\left\{ \begin{array}{l} K_3 = f\left(y + \frac{K_2}{2}, x_1 + \frac{L_2}{2}, x_2 + \frac{J_2}{2}\right) \\ L_3 = g_1\left(y + \frac{K_2}{2}, x_1 + \frac{L_2}{2}\right) \\ J_3 = g_2\left(y + \frac{K_2}{2}, x_2 + \frac{J_2}{2}\right) \end{array} \right.$$

$$\left\{ \begin{array}{l} K_4 = f(y + K_3, x_1 + L_3, x_2 + J_3) \\ L_4 = g_1(y + K_3, x_1 + L_3) \\ J_4 = g_2(y + K_3, x_2 + J_3) \end{array} \right.$$

A simulação irá iniciar considerando as condições iniciais, e a cada interação, irá calcular um novo para cada das variáveis.

Cada simulação, irá ser feito para um período de 10.000 dias.

CAPÍTULO 3 – RESULTADOS E SIMULAÇÕES

3.1 Considerações iniciais

As simulações tem o objetivo de variar o valor do R_0 , para a análise da resposta do sistema. Iremos variar o número de moscas em cada simulação, mas é equívoco variar o número cachorros para se observar a variação do R_0 e a resposta do sistema. Através dos pontos de equilíbrios do sistema, para cada simulação, iremos calcular a matriz Jacobiana e seus respectivos autovalores.

Será observado que, para as simulações que apresentarem R_0 maior que um, todos os autovalores da matriz jacobiana, para o ponto de equilíbrio em específico da simulação, terá sua parte real negativa.

Os objetivos da simulação para o modelo estudado, de dinâmica comportamental da leishmaniose, são:

- Observar que, conforme fomos aumentando o número de moscas no sistema, o número R_0 irá aumentar também.
- Observar também que, quando R_0 , for maior que um, o sistema irá se estabilizar, e assim a leishmaniose terá se instalado na população.

As condições iniciais para o sistema são:

$$\begin{aligned} y(t) &= 0 \\ x_1(t) &= 0 \\ x_2(t) &= 0,50 \\ \text{para } t &= 0 \end{aligned}$$

A variação de t , se dará por dia. Os valores dos parâmetros foram retirados de [1] e serão utilizados na simulação. Os parâmetros e seus respectivos valores são:

α_1	(Taxa de picada, para humanos)	1/14 por dia
γ_1	(Taxa de recuperação, para humanos)	0.00329 por dia
σ_1	(Taxa de mortalidade, para humanos)	0 por dia

ρ_1	(Probabilidade de infecção, para humanos)	30%
α_2	(Taxa de picada, para animais)	1/14 por dia
γ_2	(Taxa de recuperação, para animais)	0.0137 por dia
σ_2	(Taxa de mortalidade, para animais)	0.00274 por dia
ρ_2	(Probabilidade de infecção, para animais)	25%
γ_f	(Taxa de recuperação, para moscas)	1/14 por dia
σ_f	(Taxa de mortalidade, para moscas)	1/14 por dia
$\rho_{f,1}$	(Probabilidade de uma mosca se infectar, ao picar um humano infectado)	25%
$\rho_{f,2}$	(Probabilidade de uma mosca se infectar, ao picar um animal infectado)	25%

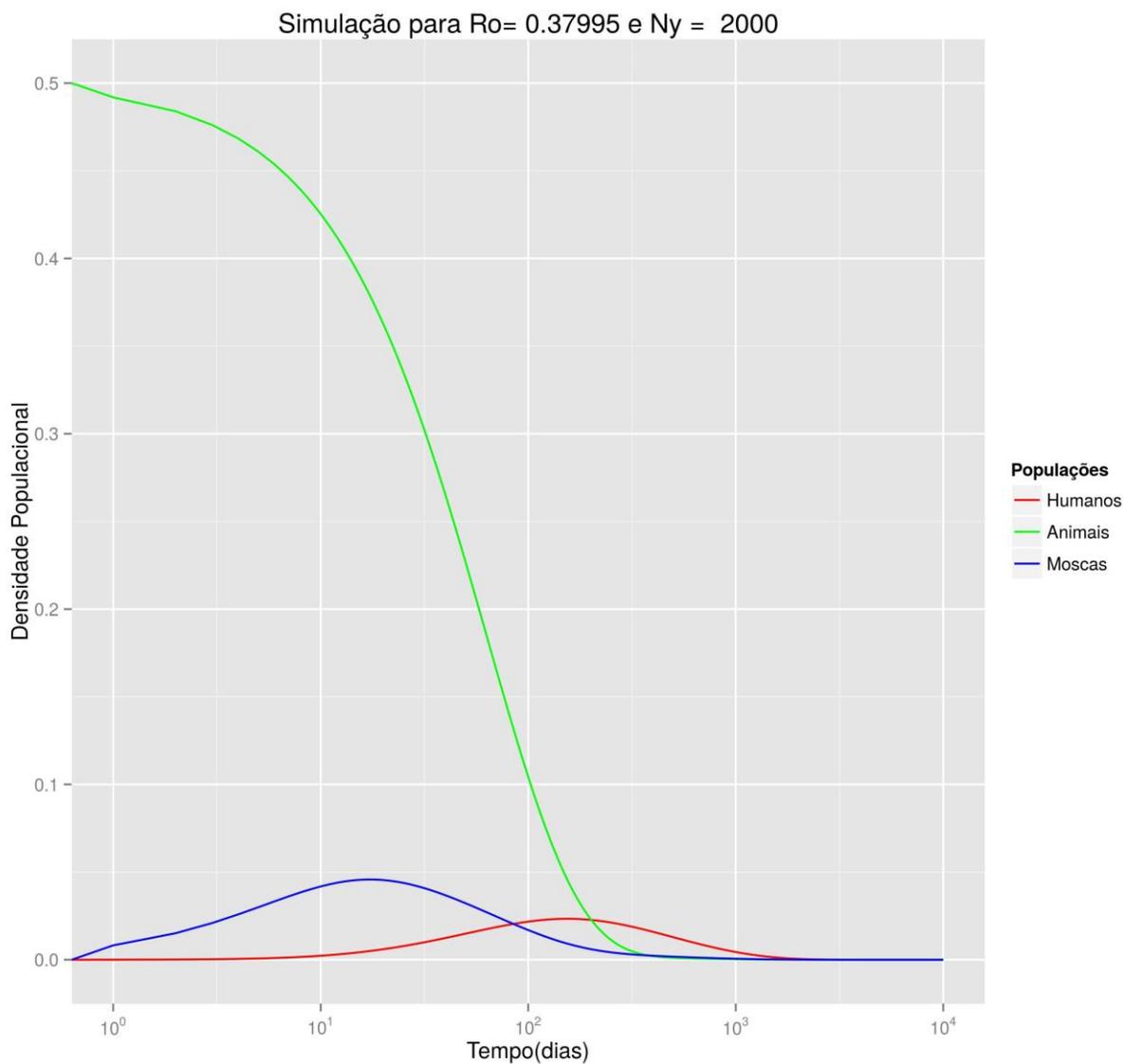
O tamanho da população de humanos, e animais será de 5.000, e não será variada nas simulações. Porém, para a realização das simulações, o tamanho da população de moscas irá variar para cada uma das simulações, começando em 2.000 até chegar a 11.000.

O tamanho do passo para o método número que iremos utilizar, Runge-Kutta, foi definido com um, pois a variação do tempo será em dias.

3.2 Simulações por variação do tamanho da população de moscas

3.2.1 Simulação para $N_y = 2.000$

Gráfico 1. Simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 2.000



O gráfico acima (Gráfico 1), representa a simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 2.000.

Se observa, o aumento da população de moscas, e humanos infectados, mas logo em seguida este número cai tendendo a zero. Conforme era esperado, visto que R_0 calculado para estas condições é de aproximadamente 0.38, ou seja, menor do que um.

Assim, a matriz Jacobiana no ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(X^*) = \begin{bmatrix} -0.125292105 & 0.02108665 & 0.02108665 \\ 0.016294473 & -0.00174112 & 0.00000000 \\ 0.007733293 & 0.00000000 & -0.01510821 \end{bmatrix}$$

E seus, respectivos autovalores, são:

$$\lambda_1 = -0.129410063$$

$$\lambda_2 = -0.013939425$$

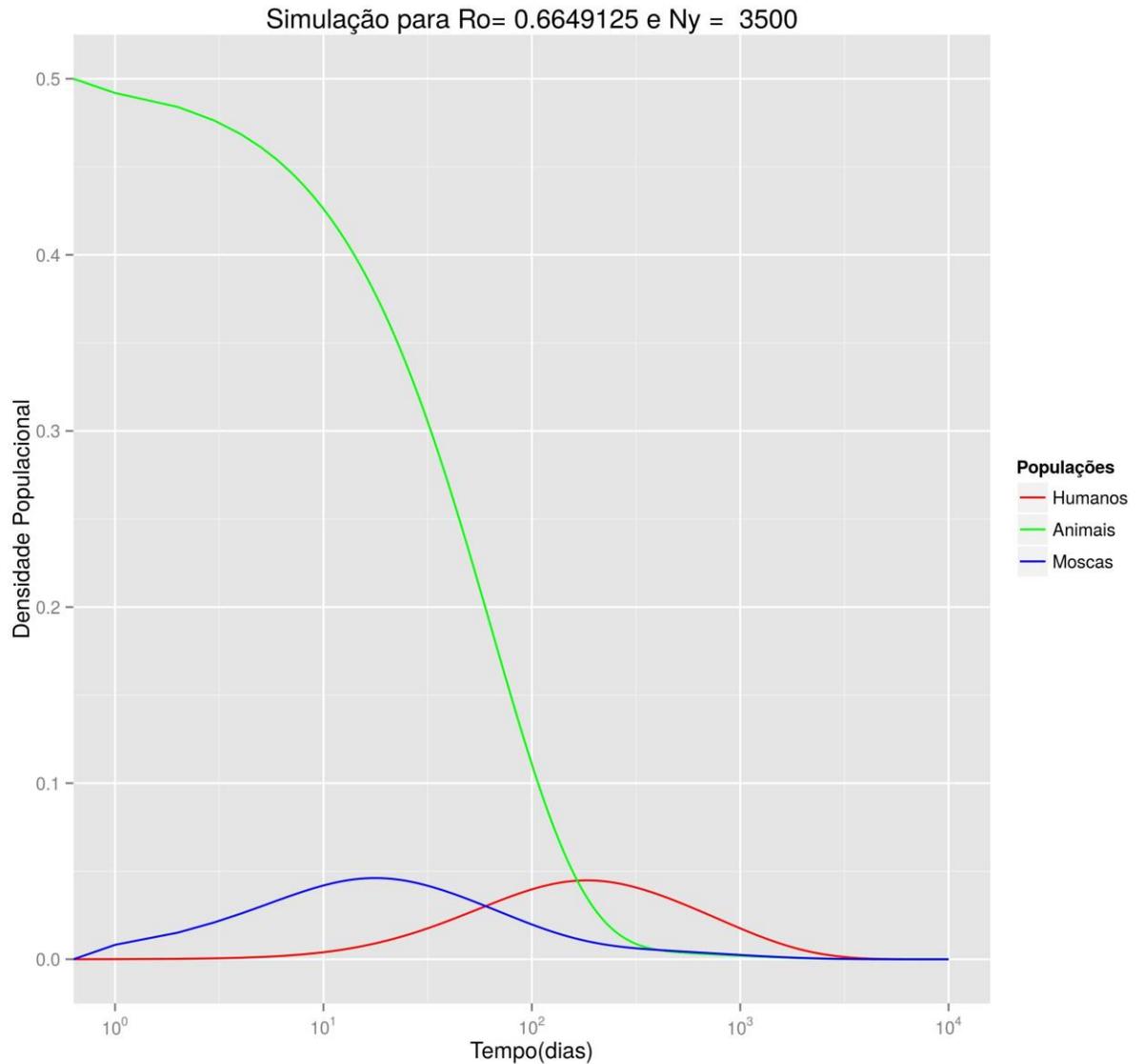
$$\lambda_3 = 0.001208052$$

Podemos observar que, nem todos os autovalores da matriz jacobiana, para o ponto de equilíbrio do sistema é estritamente positivo.

Indicando, que o ponto de equilíbrio em questão, é um ponto de equilíbrio instável. Conforme era esperado, visto que R_0 , neste caso, é menor do que um, indicando que a leishmaniose não se instalou na população, neste caso.

3.2.2 Simulação para $N_y = 3.500$

Gráfico 2. Simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 3.500



O gráfico acima (Gráfico 2), representa a simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 3.500.

Se observa, na simulação cima, que em relação a simulação anterior, houve um maior no número de infectados, e um período mais prolongado, das populações de humanos, e moscas infectados.

Porém, conforme esperado, ao longo do tempo, as populações infectadas, tenderam a zero, visto que o valor de R_0 , é menos que um.

Assim, a matriz Jacobiana no ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(X^*) = \begin{bmatrix} -0.13588739 & 0.01884952 & 0.01884952 \\ 0.02020248 & -0.00245755 & 0.00000000 \\ 0.01302158 & 0.00000000 & -0.01570189 \end{bmatrix}$$

E seus, respectivos autovalores, são:

$$\lambda_1 = -0.1406089027$$

$$\lambda_2 = -0.0141126769$$

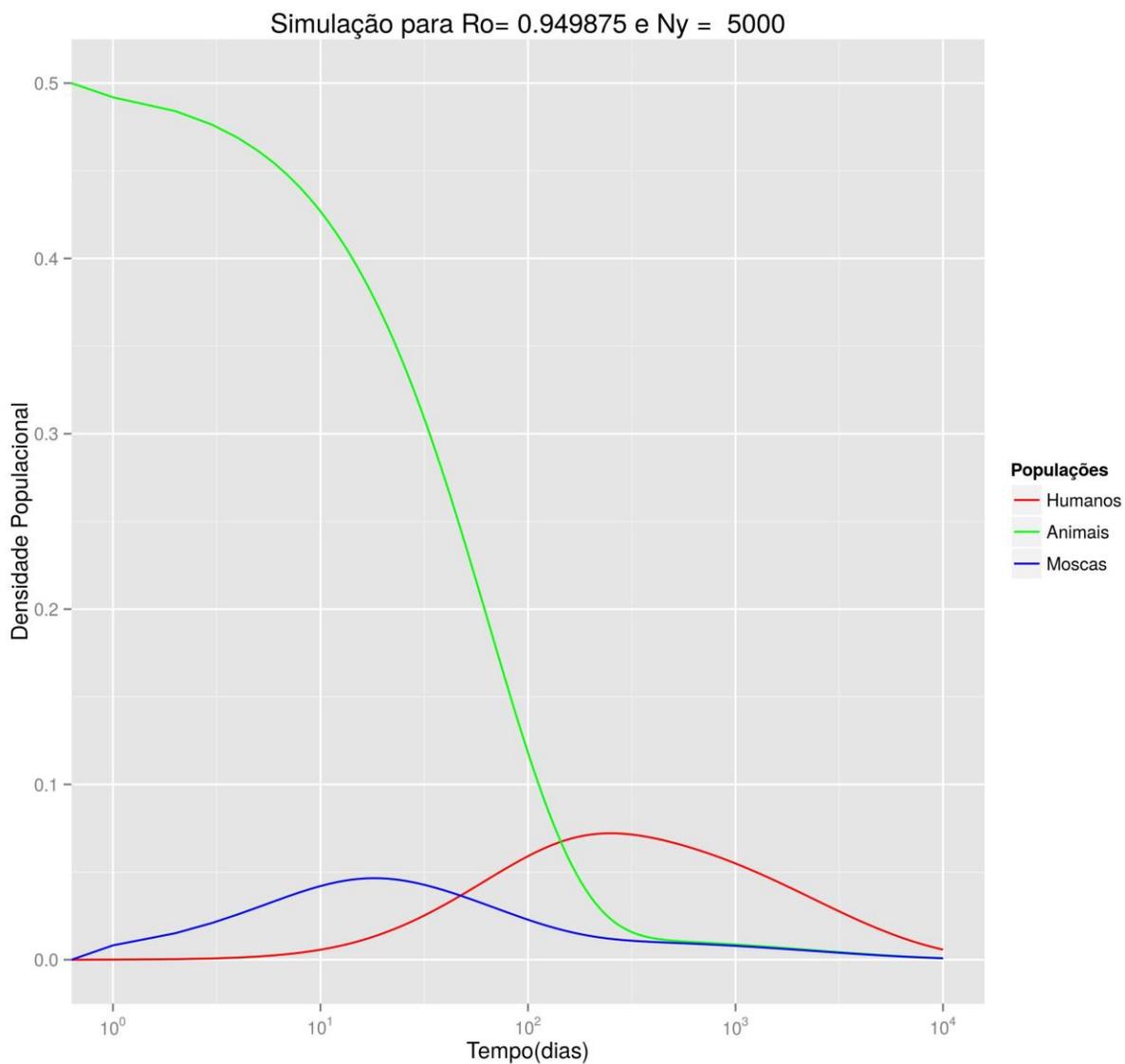
$$\lambda_3 = 0.0006747484$$

Podemos observar, que nem todos os autovalores da matriz jacobiana, para o ponto de equilíbrio do sistema, é estritamente positivo. Indicando assim, que o ponto de equilíbrio em questão, é instável.

E este resultado, vai em direção ao que era esperado. Visto que R_0 , para esta simulação, é menor que um, assim a leishmaniose não está instalada na população, e ao longo do tempo, ela tende a desaparecer.

3.2.3 Simulação para $N_y = 5.000$

Gráfico 3. Simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 5.000



O gráfico acima (Gráfico 3), representa a simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 5.000.

Se observa nesta simulação um R_0 maior, porém ainda menor que um, indicando que a leishmaniose ainda não se instalou na população. Sendo assim, as população infectadas tendem a zero ao logo do tempo.

Porém, podemos observar que o R_0 , nesta simulação, foi maior que nas anteriores, e o número de indivíduos que foram infectados aumentaram, assim como o tempo também em que a doença ficou instalada na população.

Assim, a matriz Jacobiana no ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(X^*) = \begin{bmatrix} -0.14197689 & 0.01795466 & 0.01795466 \\ 0.02234626 & -0.00317398 & 0.00000000 \\ 0.01792454 & 0.00000000 & -0.01629557 \end{bmatrix}$$

E seus, respectivos autovalores, são:

$$\lambda_1 = -0.1472203606$$

$$\lambda_2 = -0.0143286081$$

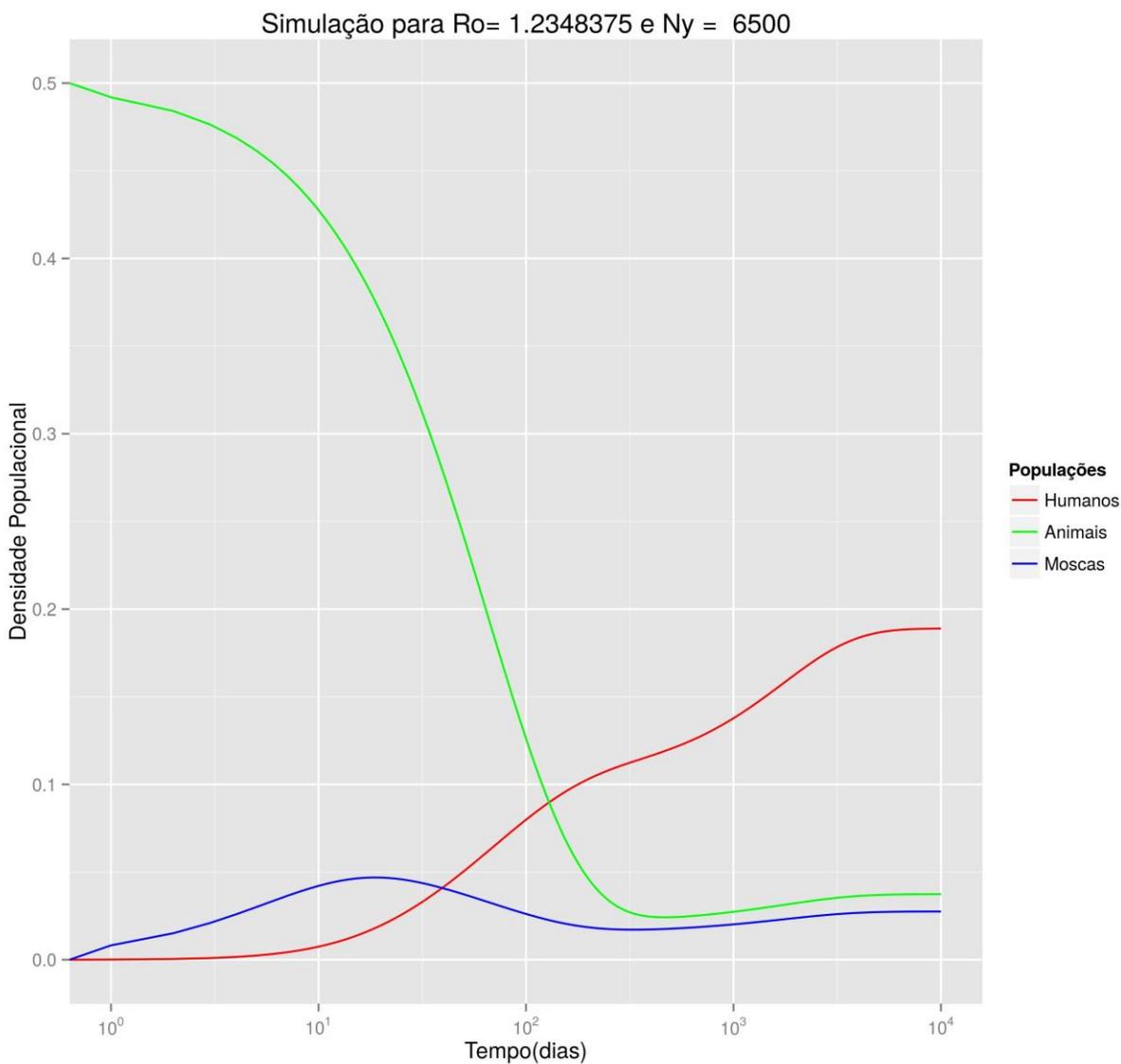
$$\lambda_3 = 0.0001025271$$

Podemos observar, que nem todos os autovalores da matriz jacobiana, para o ponto de equilíbrio do sistema, é estritamente positivo. Indicando assim, que o ponto de equilíbrio em questão, é instável.

E este resultado, vai em direção ao que era esperado. Visto que R_0 , para esta simulação, é menor que um, a leishmaniose não está instalada na população, e ao longo do tempo, ela tende a desaparecer.

3.2.4 Simulação para $N_y = 6.500$

Gráfico 4. Simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 6.500



O gráfico acima (Gráfico 4), representa a simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 6.500.

Conforme podemos observar, nesta simulação, o R_0 foi maior que um, indicando que a leishmaniose se instalou na população. Podemos observar que, mesmo depois de um grande intervalo de tempo, as população infectadas continuaram em um patamar elevado, sem tendências de cair.

Assim, a matriz Jacobiana no ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(X^*) = \begin{bmatrix} -0.14602600 & 0.01747282 & 0.01747282 \\ 0.02370047 & -0.00389041 & 0.00000000 \\ 0.02248280 & 0.00000000 & -0.01688925 \end{bmatrix}$$

E seus, respectivos autovalores, são:

$$\lambda_1 = -0.1517400468$$

$$\lambda_2 = -0.0145809080$$

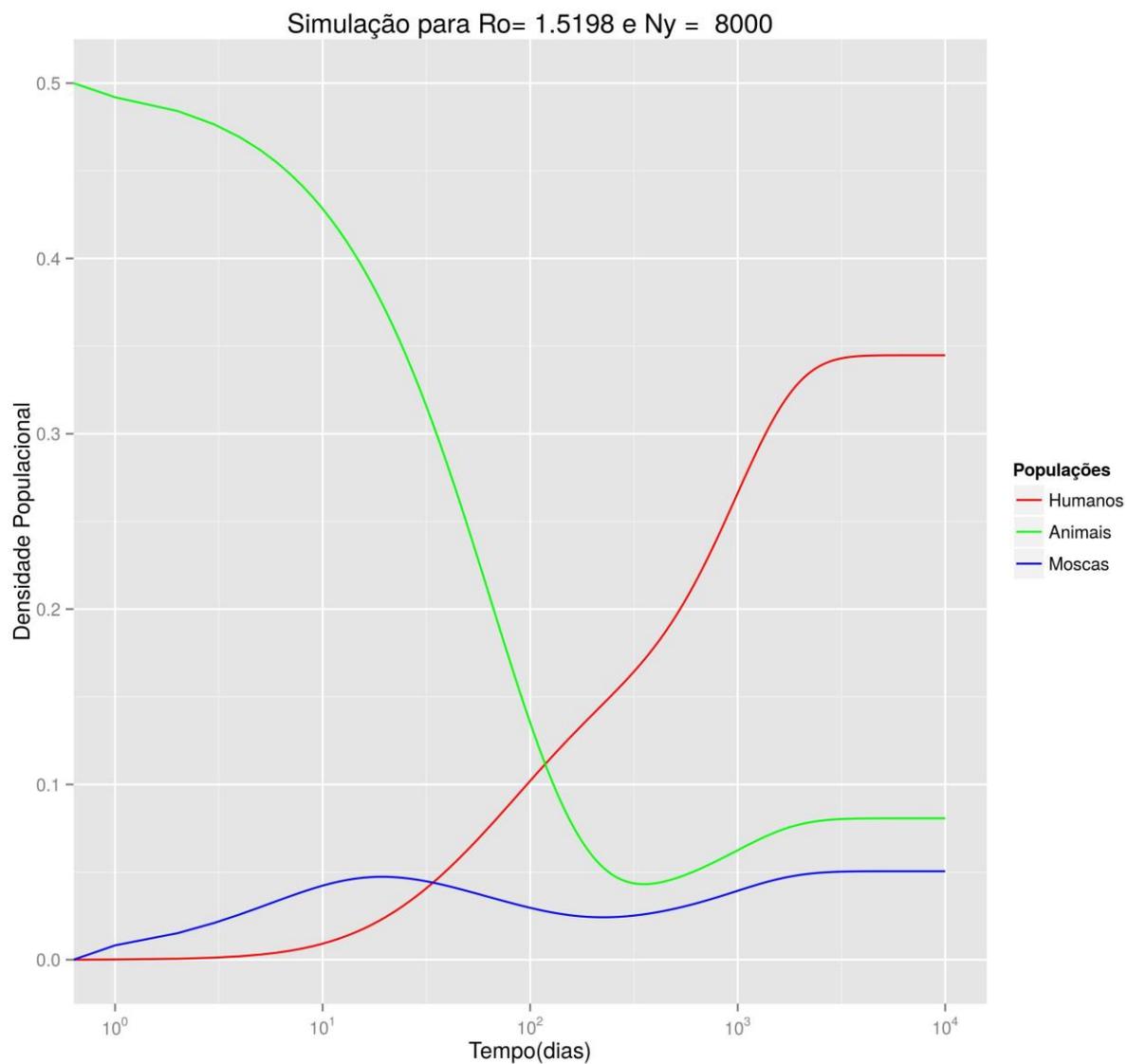
$$\lambda_3 = -0.0004847103$$

Conforme era esperado, todos os autovalores da matriz Jacobiana, para o ponto de equilíbrio em questão, são menores do que zero, visto que o R_0 é maior que um. Indicando, que o ponto de equilíbrio é assintoticamente estável.

Nesta simulação, o sistema entrou em equilíbrio, indicando que a leishmaniose se instalou na população.

3.2.5 Simulação para $N_y = 8.000$

Gráfico 5. Simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 8.000



O gráfico acima (Gráfico 5), representa a simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 8.000.

Conforme podemos observar, nesta simulação, o total das populações infectadas ficou em um número maior, e seu crescimento se deu em um espaço menor de tempo, o que era esperado, visto que o número R_0 nesta simulação, foi maior que na anterior.

Assim, a matriz Jacobiana no ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(X^*) = \begin{bmatrix} -0.14896925 & 0.01717166 & 0.01717166 \\ 0.02463348 & -0.00460684 & 0.00000000 \\ 0.02673150 & 0.00000000 & -0.01748293 \end{bmatrix}$$

E seus, respectivos autovalores, são:

$$\lambda_1 = -0.155114871$$

$$\lambda_2 = -0.014865014$$

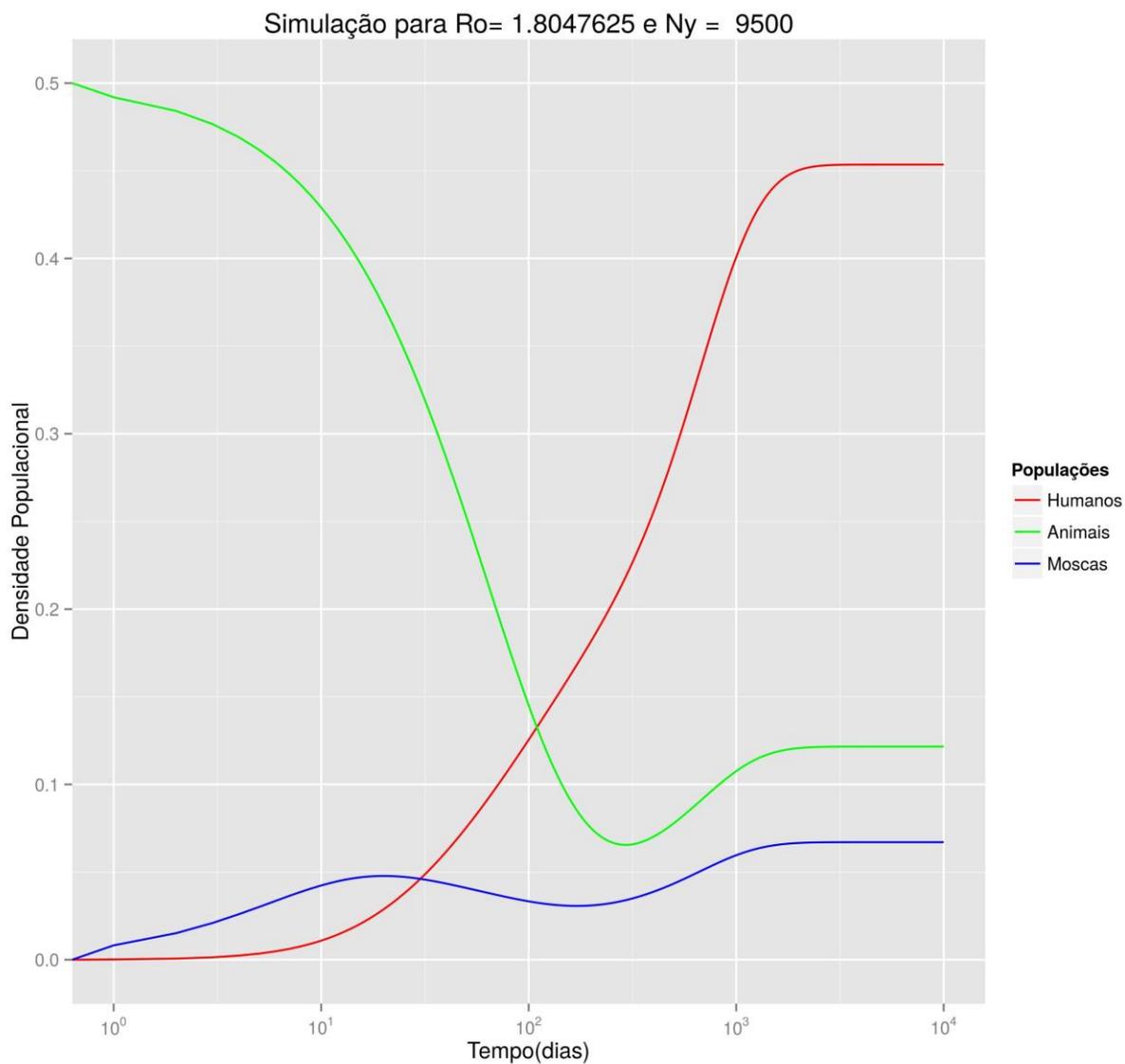
$$\lambda_3 = -0.001079133$$

Conforme era esperado, todos os autovalores da matriz Jacobiana, para o ponto de equilíbrio em questão, são menores do que zero, visto que o R_0 é maior que um. Indicando, que o ponto de equilíbrio é assintoticamente estável.

Nesta simulação, o sistema entrou em equilíbrio, indicando que a doença se instalou na população.

3.2.6 Simulação para $N_y = 9.500$

Gráfico 6. Simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 9.500



O gráfico acima (Gráfico 6), representa a simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 9.500.

Conforme podemos observar, nesta simulação, o total das populações infectadas ficou em um número maior, e seu crescimento se deu em um espaço menor de tempo, o que era esperado, visto que o número R_0 nesta simulação, foi maior que na anterior.

Assim, a matriz Jacobiana no ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(X^*) = \begin{bmatrix} -0.15124003 & 0.01696561 & 0.01696561 \\ 0.02531536 & -0.00532327 & 0.00000000 \\ 0.03070111 & 0.00000000 & -0.01807661 \end{bmatrix}$$

E seus, respectivos autovalores, são:

$$\lambda_1 = -0.157785268$$

$$\lambda_2 = -0.015177261$$

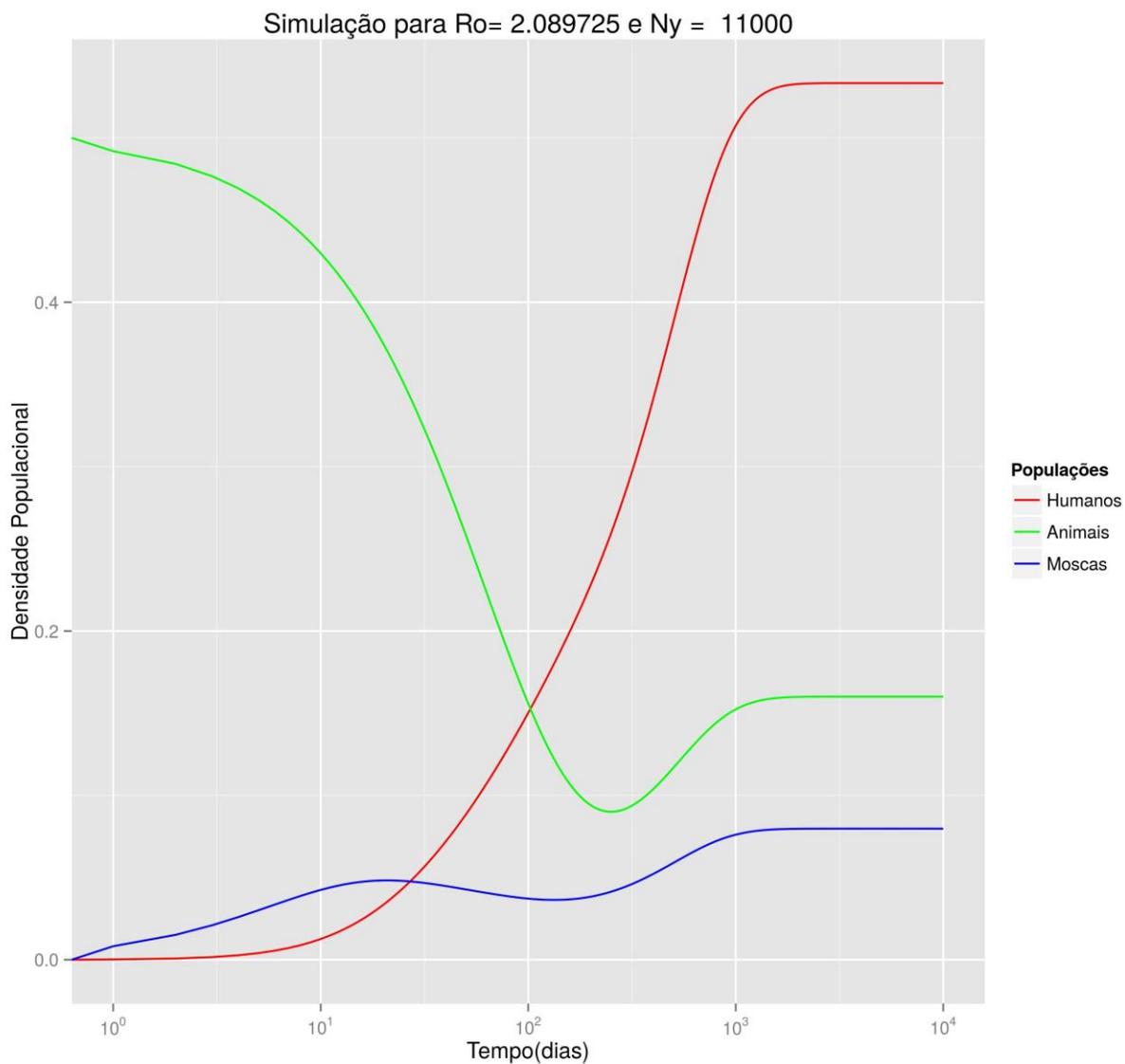
$$\lambda_3 = -0.001677378$$

Conforme era esperado, todos os autovalores da matriz Jacobiana, para o ponto de equilíbrio em questão, são menores do que zero, visto que o R_0 é maior que um. Indicando, que o ponto de equilíbrio é assintoticamente estável.

Nesta simulação, o sistema entrou em equilíbrio, indicando que a doença se instalou na população.

3.2.7 Simulação para $N_y = 11.000$

Gráfico 7. Simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 11.000



O gráfico acima (Gráfico 7) representa a simulação feita para o tamanho da população de mosca igual a 11.000.

Conforme podemos observar, nesta simulação, o total das populações infectadas ficou em um número maior, e seu crescimento se deu em um espaço menor de tempo, o que era esperado, visto que o número R_0 nesta simulação, foi maior que na anterior.

Assim, a matriz Jacobiana no ponto de equilíbrio, é dada por:

$$J(X^*) = \begin{bmatrix} -0.15306758 & 0.01681575 & 0.01681575 \\ 0.02583547 & -0.00603970 & 0.00000000 \\ 0.03441828 & 0.00000000 & -0.01867029 \end{bmatrix}$$

E seus, respectivos autovalores, são:

$$\lambda_1 = -0.159985231$$

$$\lambda_2 = -0.015514601$$

$$\lambda_3 = -0.002277736$$

Conforme era esperado, todos os autovalores da matriz Jacobiana, para o ponto de equilíbrio em questão, são menores do que zero, visto que o R_0 é maior que um. Indicando, que o ponto de equilíbrio é assintoticamente estável.

Nesta simulação, o sistema entrou em equilíbrio, indicando que a doença se instalou na população.

CONCLUSÃO

O objetivo deste trabalho foi a simulação do modelo comportamental de leishmaniose, através do modelo de resolução numérica Runge-Kutta, achando seus pontos de equilíbrio, e a partir deles, a classificação do ponto em estável assintoticamente ou instável, através da matriz Jacobiana.

Para tal realização, foi observado que quando o número, R_0 , foi maior que um, o sistema apresentou um ponto de equilíbrio estável assintoticamente, indicando que a leishmaniose tinha se instalado na população.

Graficamente, foi observado, que quando R_0 , era maior que um, o gráfico ao longo do tempo não apresentava qualquer tipo de tendência de diminuição da proporção de infectados na população.

Esta condição pode ser observada, nas simulações, 4, 5, 6 e 7.

Nas simulações em que o R_0 foi menor do que um, o sistema apresentou um ponto de equilíbrio instável, indicando que a leishmaniose não tinha se instalado na população, e isso se refletiu graficamente, aonde foi possível indicar que ao longo do tempo, a proporção de indivíduos na população tanto de, humanos, moscas e animais, estavam com tendência a zero.

Esta condição pode ser observada, nas simulações, 1, 2 e 3.

Todas as simulações, foram feitas variando o número de moscas na sua população, e para todas as simulações, a condição inicial foi a mesma.

Deste modo, podemos concluir através de simulações, que quando o R_0 , é maior do que um, a matriz Jacobiana, para o ponto de equilíbrio em questão, apresenta todos os seus autovalores menores do que zero, indicando que aquele ponto de equilíbrio em

especifico é estável assintoticamente, ou seja, a leishmaniose tinha se instalado na população.

Podemos concluir também que o controle de moscas na população impede o avanço da leishmaniose na população, pois a mosca é o vetor principal da sua transmissão.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] **AGYINGI**, Ephraim O.; **ROSS**, David S.; **BATHENA**, Karthik. A model of the transmission dynamics of Leishmaniasis, *Journal of Biological Systems*, v. 19, n. 2 (2011), p. 237-550.
- [2] **PRESS**, William H. et al. *Numerical Recipes in C: the art of scientific computing*. 2. ed. New York: Cambridge University Press, 1992. p. 710 - 714.
- [3] **TASSIER**, Troy. *The economics of epidemiology*. Springer Briefs in Public Health. Springer, 2013. p. 9 - 16.
- [4] **ALLEN**, Linda J. S., *Mathematical Epidemiology*. Lecture Notes in Mathematics/Mathematical Biosciences Subseries. Springer, 2008. p. 81 - 130.
- [5] **ANDRADE**, Doherty. *Teorema de Taylor*. Disponível em: <http://www.dma.uem.br/kit/arquivos/arquivos_pdf/taylor.pdf>. Acesso em: 02 out. 2014.
- [6] **GINTIS**, Herbert. *Game Theory Evolving: a problem-centered introduction to modeling strategic interaction*. 2. ed. Princeton University Press, 2009. p. 248 – 257.
- [7] **MARCODES**, Mary; **ROSSI**, Claudio Nazaretian. Leishmaniose visceral no Brasil. *Braz. J. Vet. Res. Anim. Sci.*, São Paulo, v. 50, n. 5, p. 341-352, 2013.
- [8] **SAÚDE ANIMAL**. *Leishmaniose*. Disponível em: <<http://www.saudeanimal.com.br/artigo99.htm>>. Acesso em: 16 out. 2014.
- [9] **ABC da Saúde**. *Leishmaniose ou Leishmaníase*. Disponível em: <<http://www.abcdasaude.com.br/infectologia/leishmaniose-ou-leishmaniase>>. Acesso em: 16 out. 2014.
- [10] **MEDICINA NET**. *Leishmaniose Visceral*. Disponível em: <http://www.medicinanet.com.br/conteudos/conteudo/2170/leishmaniose_visceral.htm>. Acesso em: 16 out. 2014.
- [11] **BRASIL**. *DECRETO Nº 51.838, DE 14 DE MARÇO DE 1963*. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/decreto/1950-1969/D51838.htm>. Acesso em: 16 out. 2014.