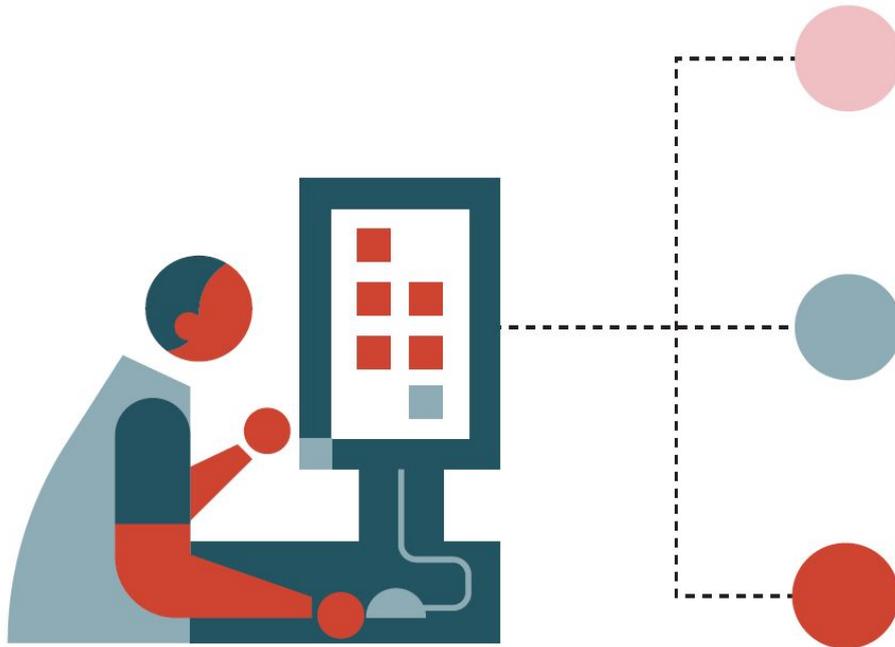


Universidade de São Paulo
Instituto de Matemática e Estatística

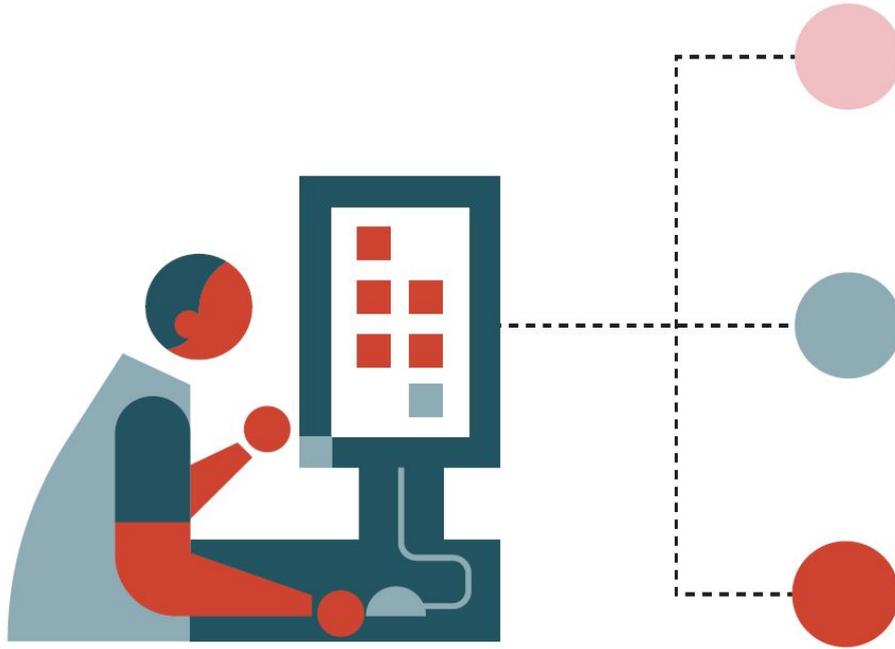


Gabriel Andrade Alves

A conta que fecha a reportagem:
palco e bastidores em três casos de
matemática aplicada

São Paulo
Fevereiro de 2019

Universidade de São Paulo
Instituto de Matemática e Estatística



Gabriel Andrade Alves

A conta que fecha a reportagem:
palco e bastidores em três casos de
matemática aplicada

Trabalho de Formatura feito sob a orientação do Prof. Dr. Eduardo Colli e apresentado à Universidade de São Paulo para a obtenção do título de Bacharel em Matemática Aplicada e Computacional

São Paulo

Fevereiro de 2019

Sumário

Agradecimentos	3
Introdução	4
Previsão do tempo	6
O matemático: Saulo Barros	8
A matemática: águas rasas	11
Referências	21
Disseminação de doenças infecciosas	22
O matemático: Sérgio Oliva	25
A matemática: modelos SIR e SEIRS	27
Referências	34
Evolução do altruísmo	36
O matemático: Renato Vicente	38
A matemática: modelo da evolução do altruísmo	41
Referências	48
Discussão	49
Anexos	50
Águas rasas - Código MATLAB/Octave	50
waterwave.m	50
Disseminação de doenças - Códigos MATLAB/Octave	53
espalhamento.m	53
sir.m	56
euler.m	56
sird.m	56
seird.m	57
Evolução do altruísmo - Códigos MATLAB/Octave	57
altruismo.m	57
plotarvks.m	61
plotarerrros.m	62
plotarlinhas.m	62

Agradecimentos

Este trabalho de formatura teve a participação crucial de muitas pessoas. A primeira a quem devo agradecer é o professor Eduardo Colli, por aceitar me orientar e por compartilhar comigo o interesse por divulgação científica. É uma referência que sempre terei.

Agradeço aos professores Renato Vicente, Saulo Barros e Sérgio Oliva, pela paciência e por aceitarem ser entrevistados para este projeto e ao William Mur, que desenhou e formatou os infográficos aqui apresentados.

Agradeço à professora Sônia Garcia e ao professor Manuel Garcia por sempre acreditarem em mim e no meu trabalho.

Agradeço à minha família, em especial à minha esposa, Caroline, por todo o suporte dado nos últimos anos.

Agradeço aos meus colegas e ex-colegas de trabalho da Folha de S.Paulo, especialmente à Mariana Versolato e ao Ricardo Miotto, pelo incentivo à realização deste projeto e à minha formação no IME.

Por fim, agradeço aos colegas que estudaram comigo no BMAC, com quem sempre aprendi muito. São todos fontes de inspiração para mim.

Muito obrigado a todos.

Introdução

Falar de matemática é um desafio para profissionais de comunicação. Depois de quase cinco anos na editoria de ciência de um dos maiores jornais do país, a Folha de S.Paulo, constatei que uma das áreas de conhecimento que mais me fascinava raramente aparecia em nossas páginas.

Quando escrevemos um texto, buscamos torná-lo atraente e suficientemente fácil de ler mesmo para quem não tenha conhecimentos avançados sobre o tema. Se o assunto for genômica, por exemplo, às vezes precisamos passar a ideia de como funciona o sequenciamento de DNA. As bases nitrogenadas, nessa metáfora, tornam-se letras; sequenciar um genoma seria análogo a soletrar. Um gene nada mais seria do que uma “frase” com um sentido biológico bem-definido, como a síntese de uma proteína.

No caso da matemática, sinto que nosso repertório de metáforas é insuficiente. Também insuficiente é a bagagem da população, que muitas vezes só associa a matemática às operações aritméticas e, se muito, ao cálculo de áreas e de proporções.

Há algumas maneiras de tentar amenizar esse quadro. A exposição ao raciocínio matemático desde a infância é uma delas. Um exemplo é o esforço na promoção de olimpíadas, como a Obmep (Olimpíada Brasileira de Matemática das Escolas Públicas), que já conseguiu despertar jovens com vocação para a matemática. Sozinhos, provavelmente eles não perceberiam esse potencial.

Outra possibilidade de atenuar as barreiras entre o saber acadêmico e o do público leigo é mostrar que a matemática pode ser visualizada e compreendida na forma de objetos frutos dessa linguagem. É o que faz a Matemateca da USP, comandada pelo professor Eduardo Colli, que também se dedica a outros temas ligados à divulgação matemática, como este trabalho de formatura, que ele orientou.

Este trabalho nasceu com a proposta de, a partir de questões ligadas ao mundo real, apresentar o potencial da matemática para ajudar a compreender o cotidiano e responder questões importantes para outras áreas do conhecimento. A diversidade de linhas de pesquisa no Departamento de Matemática Aplicada do IME foi oportuna.

Escolhemos aqui tratar de temas que, do ponto de vista jornalístico, teriam potencial para se transformarem em reportagem. Além da fração do conhecimento a ser potencialmente consumida pelo grande público, exploramos com um pouco mais de profundidade a linguagem e a modelagem básicas dessas áreas de pesquisa.

Os três assuntos abordados são estes: previsão do tempo, disseminação de doenças infecciosas e evolução do altruísmo. Os dois primeiros têm aplicabilidade mais óbvia no dia a dia, enquanto o último é uma das questões evolutivas mais importantes, inclusive considerada por Charles Darwin.

De posse de ao menos parte do repertório matemático que embasa essas questões, acreditamos ser possível fazer um trabalho de divulgação mais completo, que conecte matemáticos e público leigo de uma maneira mais rica e eficiente.

Previsão do tempo

Levar o guarda-chuva ou deixá-lo em casa? E o casaco? Se chover ou fizer frio, é praga de mãe ou azar? Existe muita matemática por trás da área que se conhece como meteorologia, que estuda o comportamento da atmosfera e a previsão do tempo.

Dias chuvosos podem estragar a praia do final de semana e uma seca pode fazer despencar a produtividade da lavoura de feijão. O planejamento do futuro depende desse tipo de informação, que também pode significar mais segurança: é sempre bom saber quais as chances de um furacão estar a caminho (felizmente o Brasil não sofre tanto com esses eventos extremos, embora vejamos, vez ou outra, grandes ressacas em nossa costa).

O primeiro passo para saber o que vem adiante é a obtenção de boas informações relativas ao tempo no presente, as chamadas “condições iniciais”. Para isso, são usadas milhares de estações meteorológicas em terra, que aferem, entre outras coisas, umidade, temperatura de superfície, direção e velocidade do vento e precipitação. Também são usadas informações coletadas por milhares de navios, boias, aviões, balões atmosféricos e satélites.

Com esse conjunto de dados, é possível alimentar modelos matemáticos de como o futuro do tempo poderia ser. Como o total de contas a serem realizadas é gigantesco, são usados supercomputadores.

Caso as contas fossem feitas “à mão” ou em computadores como aqueles que temos em casa ou no trabalho, as previsões demorariam muito para ficarem prontas, ou seja, seriam “previsões” do passado. Perder-se-ia, portanto, a finalidade mais prática da previsão do tempo, de ajudar no planejamento das atividades cotidianas (embora isso não anulasse seu valor científico).

Atualmente, os modelos globais mais utilizados fazem boas previsões para um prazo de sete a dez dias.

Mas, como sabemos, as previsões às vezes erram, e o tamanho do erro tende a ser maior quanto mais no futuro tentamos enxergar. A matemática também explica isso.

Pequenos erros ou imprecisões nas medidas das condições iniciais —como temperatura, cobertura de nuvens ou pressão atmosférica—, num prazo de apenas alguns dias podem gerar previsões nada condizentes com a realidade.

Isso porque a atmosfera pode ser definida como o que os matemáticos chamam de sistema caótico, ou seja, no qual pequenas mudanças nas condições iniciais podem acarretar um futuro completamente diverso.

Na década de 1960, o matemático Edward Lorenz, a partir de modelos simplificados de equações que regem a dinâmica atmosférica, chegou a um sistema que ilustra bem a questão. Pequeníssimas

variações nas coordenadas do ponto de partida levam a comportamentos bastante distintos, com padrões de movimentos complexos e não repetitivos.

Um meio de tentar garantir a confiabilidade das previsões no médio prazo, explica Saulo Barros, professor do Instituto de Matemática e Estatística da USP que trabalha com o tema, é fazer as projeções também com pequenas perturbações nas condições iniciais, a chamada previsão por conjuntos, realizadas há cerca de 25 anos.

Se essas previsões forem bastante parecidas entre si, há confiança de que a realidade será muito parecida com a média desse conjunto. Se as pequenas variações gerarem previsões muito divergentes, o futuro torna-se mais cinzento, figurativamente falando.

Outra maneira de tentar acertar mais do que errar é com melhores modelos matemáticos, área na qual a atuação de matemáticos, engenheiros, meteorologistas e outros cientistas é intensa.

“Ninguém faz modelagem partindo da coisa mais complexa. Dessa forma dificilmente se entenderia o problema ou haveria desenvolvimento”, diz Barros

Um exemplo didático para ilustrar a complexidade de modelos é a queda livre de um objeto: via de regra utiliza-se uma equação conhecida como movimento uniformemente acelerado. Dependendo do tamanho da queda e do formato do objeto, é possível que passe a ser importante incluir um termo na equação referente à resistência do ar — sob risco de que a previsão sobre a queda (tempo que vai levar para o objeto tocar o solo) se torne muito equivocada e, de certo modo, imprestável.

Em sua pesquisa, Barros estudou um modelo simplificado denominado equações de água rasa, que têm aplicações na dinâmica atmosférica ao descreverem o comportamento da superfície de fluidos. “Elas capturam informações relevantes para o modelo global.” O trabalho do matemático é encontrar um modo eficiente de resolver essas equações.

Há outras camadas de complexidade que podem entrar em jogo, como a radiação solar e o comportamento das nuvens. Quanto mais complexidade, porém, mais poder computacional é necessário para solucionar as equações, e maiores também as possíveis fontes de erros.

Para poder fazer as contas e a previsão propriamente dita (ou, no jargão matemático, integrar o modelo), é necessário antes fazer previsões para uma malha de pontos teóricos espalhados de modo uniforme pelo globo terrestre [veja no infográfico]. É preciso ter informações das condições iniciais (temperatura, pressão, direção do vento etc) para cada um deles. Só então tenta-se descobrir o que vem adiante.

Buscar a melhor maneira de estabelecer as condições iniciais de um sistema por si só já é uma área de pesquisa, conhecida como inicialização de modelos.

Os melhores modelos da atualidade, explica Barros, têm resolução de cerca de 10 km. Isso quer dizer que cada ponto dessa malha teórica está localizado 10 km distante dos outros mais próximos dele. Ter uma resolução menor (e melhor), de 1 km, por exemplo, pode ser vantajoso para ter uma previsão mais acurada, mas o preço disso, novamente, é o custo computacional, ou seja, pode não ser pragmático fazer essas contas de rotina.

Uma das fronteiras da dinâmica meteorológica são os chamados *cloud-resolving models* (CRM ou modelos de resolução de nuvens, em tradução livre), que buscam, com uma resolução baixa (como 1 km, por exemplo), entender o comportamento das nuvens — cruciais para o tempo, vale lembrar.

Se houver uma maneira eficaz de resolver essa questão, conta o matemático, é possível que os modelos sejam complementados com essa informação e se tornem ainda mais precisos.

Por ora, existem outras áreas de pesquisas que tentem capturar essas informações, como cobertura de nuvens, radiação solar e convecção a partir de outras grandezas, ou seja, de forma indireta — é a chamada parametrização.

Outro elemento no qual é possível haver otimização é a chamada computação paralela — fazer um supercomputador, com vários núcleos de processamento, trabalhar da maneira mais eficiente para resolver um problema. Barros explica: “Nem sempre é possível fazer dez pessoas fazerem dez vezes mais rápido o trabalho de uma. Na verdade, raramente isso acontece: uma tem que esperar a outra acabar a parte dela, elas têm de se comunicar etc”.

O matemático: Saulo Barros

Saulo Barros não seguiria uma carreira que não fosse de exatas. “Até por falta de opção”, como conta, já que quando teve de escolher pela área de estudo no antigo segundo grau, deixou para trás as humanidades (o chamado curso clássico) e as biológicas.

Como boa parte dos interessados por exatas, Barros optou pela engenharia, e entrou na Escola Politécnica da USP, embora também tivesse pensado em cursar física — o ano era 1976. Durante seis meses, levou o curso a sério. “Depois decidi que ia cair fora. Não me imaginava engenheiro. Além disso, o curso de física que tive foi muito ruim. No ano seguinte, pulei pra cá [IME-USP, onde cursou matemática aplicada].”

Será que dessa vez, então, Barros ficaria satisfeito? “Parcialmente, nessa idade eu tinha interesses diversos. Algumas partes do meu curso eu fiz com dedicação, a sério. Outras, a gente fazia para cumprir tabela. Havia uns cursos bons, e outros nem tanto. Eu fui me dedicar mais quando decidi fazer mestrado — aí ou tinha de fazer de verdade ou não fazia sentido.”

A descoberta sobre a área na qual iria trabalhar — análise numérica, campo relativamente amplo na matemática — veio só ao longo do mestrado, feito também na USP. No doutorado, Barros foi para a Alemanha, na Universidade de Bonn, onde defendeu sua tese em 1989.

Análise numérica é uma área da matemática que estuda métodos para fornecer boas aproximações numéricas para diversos problemas, como a resposta de concreto e aço a vibrações, a dispersão de poluentes nos mares e na atmosfera, a estipulação de preços de passagens aéreas, além da própria previsão do tempo, área à qual o matemático se dedica.

Nos cursos de formação em análise numérica são geralmente trabalhadas as equações clássicas, não aplicações específicas. “O lado vantajoso de trabalhar com essas abstrações é que coisas que muitas vezes aparentemente não têm nada a ver uma com a outra são essencialmente o mesmo problema matemático, assim como a técnica para contar laranjas e maçãs é a mesma.”

O pesquisador se queixa que hoje se solicita que tudo seja contextualizado. “Muitas vezes os exemplos são ruins, artificiais — os bons exemplos são mais complicados. Aí o aluno perde a chance de exercitar a abstração, que faz parte do raciocínio matemático.”

Com relação à formação da população, Barros diz que “infelizmente estamos em uma sociedade na qual as pessoas acham lindo dizer que não sabem nada de matemática. Às vezes a pessoa é culta e letrada e não tem vergonha de dizer que não sabe nada de matemática — matemática elementar, digo. É um problema sério da nossa formação como sociedade.”

“É preciso agir lá embaixo, na base. Você pega uma criança do Ensino Fundamental I (e elas não têm vícios, a princípio). Por que na maioria das vezes não é despertado o interesse pelo raciocínio matemático? O professor pode não saber lidar com temas elementares da matemática ou ter receio de abordar outros. Esse medo, essa aversão, se transmite.”

COMO É FEITA A PREVISÃO DO TEMPO?

1 Medições

O primeiro passo para conseguir fazer previsão do tempo é ter boas medidas do tempo no presente

Entre os fatores medidos estão:

- Umidade
- Temperatura de superfície
- Pressão atmosférica
- Cobertura de nuvens
- Direção e velocidade do vento
- Visibilidade
- Neblina
- Precipitação
- Radiação solar

2 Estações

Mas não basta saber o tempo em um só lugar, é preciso conhecê-lo em vários pontos diferentes do globo; há cerca de 10 mil estações terrestres espalhadas em todo o mundo

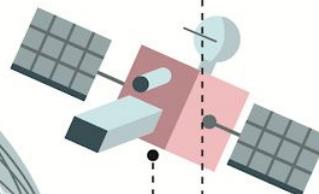
3 Aviões e boias

Não há estações meteorológicas em toda a superfície do planeta: as informações também vêm de medidas feitas por aviões, navios, boias e satélites



4 Modelo

Com todas essas medidas, o objetivo é tentar estimar o tempo em cada **casela** de uma malha esférica teórica que subdivide toda a superfície da Terra. Quanto mais precisas essas medidas, melhor o resultado da previsão. Sabe-se que o tempo em cada uma das caselas interfere bastante nas caselas adjacentes



5 Daqui a pouco

Conhecendo o tempo no presente e em alguns instantes atrás, no passado, é possível fazer previsões para um instante próximo, no futuro

6 Lá na frente

Usando agora as informações calculadas para esse futuro próximo, é possível ir um pouco além e prever como estará o tempo adiante, e assim sucessivamente

7 Contas

Como o número necessário de contas para fazer essas previsões são imensos, são empregados supercomputadores. Sem eles, demoraria tanto para as previsões ficarem prontas que elas não seriam do futuro, mas do passado

A matemática: águas rasas

As equações de águas rasas, uma das áreas de pesquisa de Saulo Barros, podem ser compreendidas como aquelas que regem o comportamento de massa d'água nas quais a extensão da superfície é muito maior do que a profundidade. O mesmo modelo vale para outros líquidos incompressíveis.

Nesse sentido, um oceano, com alguns poucos quilômetros de profundidade, pode, curiosamente, ser chamado de "água rasa", graças aos milhares de quilômetros de extensão de superfície.

Baseados nas notas do curso "Dynamics of the Atmosphere", de Alan Plumb, do MIT e na modelagem computacional de Clever Moler, começar o raciocínio em duas dimensões (x e z). A densidade ρ é uniforme e o fluxo é considerado invíscido (isto é, sem viscosidade) e independente da dimensão espacial y (transversal ao papel no esquema abaixo). Também consideramos que a água é tão rasa que o fluxo de velocidade $u(x, t)$ é constante em relação à profundidade e que a pressão atmosférica p_0 é constante e uniforme na superfície, localizada na altura $z = h(x, t)$.

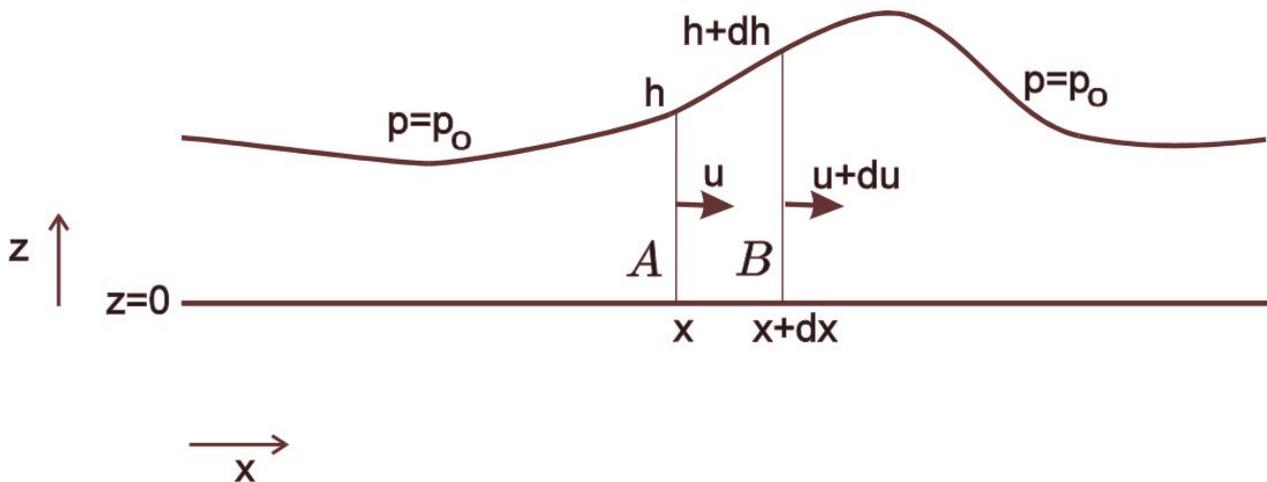


Figura 1: Esquema das forças envolvidas no comportamento de águas rasas, em duas dimensões.

Consideramos aqui o volume de entre as superfícies A e B , localizadas em x e $x + dx$, respectivamente. A massa desse volume (por unidade de comprimento y) é $dm = \rho h dx$. Como a massa não pode ser criada ou destruída, a única maneira de ela mudar é por meio do fluxo de massas através das superfícies A e B .

Na figura 2 abaixo, considerando que a velocidade em A é u e que no tempo dt todo o fluxo passa entre A' e A , que distam $dx = u dt$, a área (ou o volume por unidade de comprimento de y) que atravessa A é $h u dt$ e a massa é $\rho h u dt$.

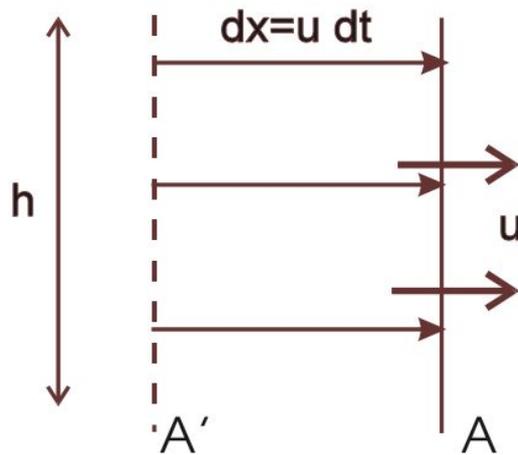


Figura 2. Esquema de bloco de líquido, como movimento através das superfícies A e A'

Assim, o fluxo de massas que atravessa A , por unidade de tempo, por unidade de comprimento em y , é $\rho u(x)h(x)$. O fluxo de massas na interface B é $\rho u(x + dx)h(x + dx)$ (considerando a direção positiva de x para fora do volume).

Dessa forma, a taxa de acumulação de massa (por unidade de comprimento em y) dentro do volume definido por AB é:

$$\frac{\partial m}{\partial t} = \rho u(x)h(x) - \rho u(x + dx)h(x + dx)$$

$$\frac{\partial m}{\partial t} = -\rho[u(x + dx)h(x + dx) - u(x)h(x)]$$

$$\frac{\partial m}{\partial t} = -\rho \frac{\partial(uh)}{\partial x} dx$$

Como $m = \rho h dx$, temos:

$$\rho \frac{\partial h}{\partial t} dx = -\rho \frac{\partial(uh)}{\partial x} dx$$

Podemos cancelar os termos ρ e dx :

$$\frac{\partial h}{\partial t} = -\frac{\partial(uh)}{\partial x}$$

Agora, vamos reescrever o lado direito da equação, com a regra do produto :

$$\frac{\partial h}{\partial t} = -\frac{\partial u}{\partial x}h - \frac{\partial h}{\partial x}u$$

$$\frac{\partial h}{\partial t} + u\frac{\partial h}{\partial x} = -h\frac{\partial u}{\partial x} \quad (1)$$

Esta é a equação de continuidade, que representa a mudança da altura em termos de duas contribuições:

$$-u\frac{\partial h}{\partial x} \text{ representa a advecção da altura}$$

$$-h\frac{\partial u}{\partial x} \text{ representa a convergência de volume}$$

Nesta próxima fase, vamos considerar o balanço de momento da água no volume. Precisamos conhecer a distribuição de p na água. Pelos princípios de hidrostática, sabemos que a pressão em uma determinada área aumenta com a profundidade de acordo com a coluna de água imediatamente acima.

No caso da Fig. 1, a pressão em uma profundidade qualquer $h - z$ abaixo da superfície pode se descrita como

$$p(z, t) = p_0 + \int_z^h \rho g dz = p_0 + \rho g(h - z) \quad (2),$$

na qual g é a aceleração da gravidade e que, assim como ρ , é constante. O termo $\rho g(h - z)$ representa a massa de água acima do nível .

Aplicando a lei de Newton ao volume de água z temos que $m \frac{du}{dt} = F$, na qual F é a força resultante (por unidade de comprimento em y) aplicada ao volume. As forças em questão são representadas na Fig. 4:

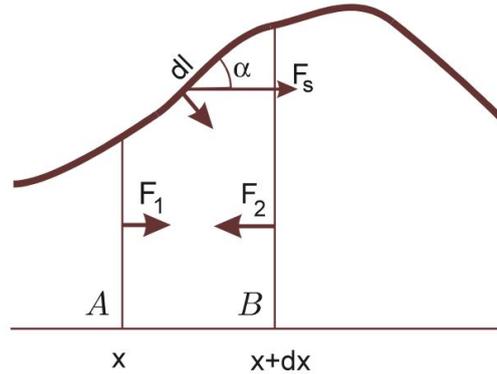


Figura 3. Esquema de forças agindo em um bloco de líquido, considerando a inclinação da superfície

A ação sobre volume ao longo da interface A (tendendo a acelerá-lo no sentido positivo de x) é

igual a uma força, por unidade de comprimento de y , é $F_1 = \int_0^h p(x, z) dz$. Em B (no sentido

negativo de x), temos $F_2 = \int_0^h p(x + dx, z) dz$.

Há ainda uma terceira componente na superfície livre, representada por F_s na Fig. 4. A pressão atmosférica exerce uma força normal à superfície de $p_0 dl$ por unidade de y e na qual dl é a largura desse volume ao longo da superfície.

Como essa superfície é inclinada, há um componente $p_0 dl \sin \alpha$ não nula agindo no sentido positivo de x , sendo α o ângulo dessa superfície em relação ao plano horizontal. Como $dl = dx / \cos \alpha$, a

contribuição dessa força em x é $F_s = p_0 \frac{\sin \alpha}{\cos \alpha} dx$. Se $\tan \alpha = \frac{\partial h}{\partial x}$, temos $F_s = p_0 \frac{\partial h}{\partial x} dx$.

A força resultante no volume de água, por unidade de y , pode ser descrito como:

$$F = F_s + F_1 - F_2$$

$$F = p_0 \frac{\partial h}{\partial x} dx + \int_0^h p(x, z) dz - \int_0^h p(x + dx, z) dz$$

Mas, de (2), temos que:

$$\int_0^h p dz = \int_0^h p_0 dz + \rho g \int_0^h (h - z) dz = \left[p_0 z + \rho g h z - \rho g \frac{z^2}{2} \right]_0^h = p_0 h + \frac{1}{2} \rho g h^2$$

Daí:

$$\int_0^h p(x, z) dz - \int_0^h p(x + dx, z) dz = p_0 h(x) + \frac{1}{2} \rho g h^2(x) - p_0 h(x + dx) - \frac{1}{2} \rho g h^2(x + dx)$$

$$\dots = p_0 h(x) - p_0 h(x + dx) + \frac{1}{2} \rho g h^2(x) - \frac{1}{2} \rho g h^2(x + dx)$$

$$\dots = -p_0 \frac{\partial h}{\partial x} dx - \rho g h \frac{\partial h}{\partial x} dx$$

—

A aceleração do volume é dada por

$$m \frac{du}{dt} = F = -\rho g h \frac{\partial h}{\partial x} dx,$$

e, como independe de p_0 , todos os termos que envolviam foram cancelados. A força resultante no volume se deve apenas aos gradientes dentro da água que, por causa do equilíbrio hidrostático, se devem inteiramente aos gradientes na superfície.

Como $m = \rho h dx$, temos:

$$\rho h \frac{du}{dt} dx = -\rho g h \frac{\partial h}{\partial x} dx$$

ou seja,

$$\frac{du}{dt} = -g \frac{\partial h}{\partial x}$$

Como $u = u(x, t) \equiv dx/dt$, aplicamos a regra da cadeia:

$$\frac{du}{dt} = \frac{\partial u}{\partial t} + \frac{dx}{dt} \frac{\partial u}{\partial x} = \frac{\partial u}{\partial t} + u \frac{\partial u}{\partial x}$$

A equação de movimento, na forma clássica, então, é a seguinte:

$$\frac{\partial u}{\partial t} + u \frac{\partial u}{\partial x} = -g \frac{\partial h}{\partial x} \quad \mathbf{(3)}$$

Da mesma forma que a equação (1), ela atrela a taxa de mudança de velocidade a dois termos: a) o termo de pressão do gradiente e b) a advecção de momento

As equações (1) e (3) são preditivas em relação às variáveis desconhecidas $u(x, t)$ e $h(x, t)$. Ai bastaria determinar como o sistema se desenvolve, graças às condições iniciais e às condições de contorno.

Como as equações são não lineares, apesar da forma simples como são escritas, suas propriedades são complexas.

No caso, o conjunto de equações que regem o comportamento das águas rasas seria formado por (1) e (3):

$$\frac{\partial h}{\partial t} + u \frac{\partial h}{\partial x} = -h \frac{\partial u}{\partial x}$$

$$\frac{\partial u}{\partial t} + u \frac{\partial u}{\partial x} = -g \frac{\partial h}{\partial x}$$

ou

$$\frac{\partial h}{\partial t} + u \frac{\partial h}{\partial x} + h \frac{\partial u}{\partial x} = 0$$

$$\frac{\partial u}{\partial t} + u \frac{\partial u}{\partial x} + g \frac{\partial h}{\partial x} = 0$$

Vamos agora apresentar o caso em três dimensões.

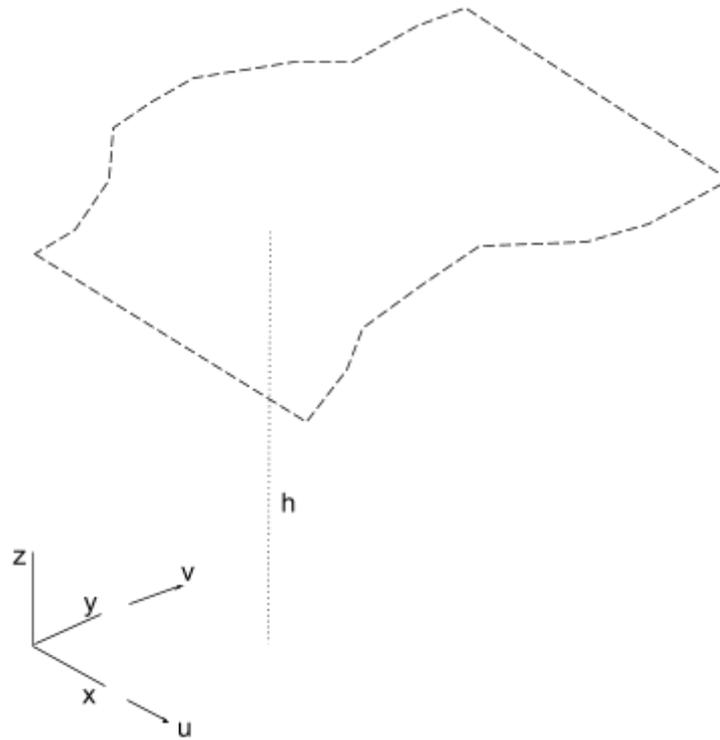


Figura 4. Esquema de bloco de líquido, considerando as três dimensões

No exemplo de um determinado oceano, vamos considerar x e y as coordenadas bidimensionais de sua superfície e t sendo o tempo. Essas são as variáveis independentes.

As variáveis dependentes seriam a profundidade h , as velocidades u e v , nas duas dimensões da superfície. A força que age no fluido é a gravidade g .

Tanto a massa (que é proporcional a h) quanto o momento (proporcional a uh e vh) são conservados.

A massa desse volume de água é dada por $m = \rho h dx dy$. Recuperando o raciocínio apresentado na figura 3, temos que:

$$\begin{aligned} \frac{\partial m}{\partial t} &= \rho u(x, y)h(x, y)dy - \rho u(x + dx, y)h(x + dx, y)dy \\ &+ \rho v(x, y)h(x, y)dx - \rho v(x, y + dy)h(x, y + dy)dx \\ \frac{\partial m}{\partial t} &= -\rho \frac{\partial uh}{\partial x} dx dy - \rho \frac{\partial vh}{\partial y} dx dy \end{aligned} \quad (4)$$

ou ainda, se adotarmos $W = (u, v)$,

$$\frac{\partial m}{\partial t} = -\rho[\text{div}(hW)]dxdy$$

Se $m = \rho h dxdy$, temos:

$$\frac{\partial m}{\partial t} = \rho \frac{\partial h}{\partial t} dxdy \quad (5)$$

Combinando 4 e 5, temos a :

$$\frac{\partial h}{\partial t} = -\frac{\partial(uh)}{\partial x} - \frac{\partial(vh)}{\partial y} \quad (6)$$

ou ainda

$$\frac{\partial h}{\partial t} = -\text{div}(hW)$$

Se expandirmos (6), temos:

$$\frac{\partial h}{\partial t} = -h \frac{\partial u}{\partial x} - u \frac{\partial h}{\partial x} - h \frac{\partial v}{\partial y} - v \frac{\partial h}{\partial y}$$

$$\frac{\partial h}{\partial x} + u \frac{\partial h}{\partial x} + v \frac{\partial h}{\partial y} = -h \left[\frac{\partial u}{\partial x} + \frac{\partial v}{\partial y} \right]$$

ou

$$\frac{\partial h}{\partial x} + W \cdot \nabla h = -h \text{div}W$$

Na modelagem aqui adotada, as equações parciais que regem o modelo de águas rasas são escritas na seguinte forma:

$$\frac{\partial h}{\partial t} + \frac{\partial(uh)}{\partial x} + \frac{\partial(vh)}{\partial y} = 0$$

$$\frac{\partial(uh)}{\partial t} + \frac{\partial(u^2h + \frac{1}{2}gh^2)}{\partial x} + \frac{\partial(uvh)}{\partial y} = 0$$

$$\frac{\partial(vh)}{\partial t} + \frac{\partial(uvh)}{\partial x} + \frac{\partial(v^2h + \frac{1}{2}gh^2)}{\partial y} = 0$$

Se adotarmos

$$U = (h, uh, vh)$$

$$F(U) = (uh, u^2h + \frac{1}{2}gh^2, uvh)$$

$$G(U) = (vh, uvh, v^2h + \frac{1}{2}gh^2)$$

então as equações podem ser representadas na forma vetorial compacta

$$\frac{\partial U}{\partial t} + \frac{\partial F(U)}{\partial x} + \frac{\partial G(U)}{\partial y} = 0$$

Para a modelagem, é preciso definir as chamadas condições de contorno, que definem o que acontece quando o modelo chega às bordas, como praias ou encostas, no caso de um oceano. No exemplo que usaremos aqui, consideramos uma pequena região quadrada, supondo que haja uma reflexão nas bordas, ou seja, Carregando... na vertical e Carregando...na horizontal.

Em um instante inicial, as variáveis representam soluções no centro dessa grade finita:

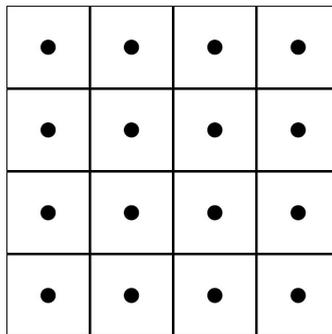


Figura 5. Esquema de malha usada no cálculo

Usaremos o método de Lax-Wendroff, conforme para achar uma solução numérica aproximada.

O termo $U_{i,j}^n$ representa um vetor com três componentes, na célula i, j , que evolui com o passo n .

Cada passo envolve duas etapas. O primeiro estágio é um “meio passo”, no qual os valores de U são

encontrados para o instante $n + \frac{1}{2}$ e nos pontos intermediários das bordas

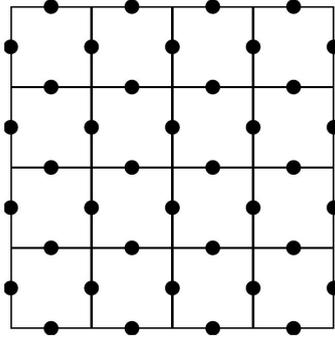


Figura 6. Esquema de pontos usados no cálculo após meio passo

$$U_{i+\frac{1}{2},j}^{n+\frac{1}{2}} = \frac{1}{2}(U_{i+1,j}^n + U_{i,j}^n) - \frac{\Delta t}{2\Delta x}(F_{i+1,j}^n + F_{i,j}^n)$$

$$U_{i,j+\frac{1}{2}}^{n+\frac{1}{2}} = \frac{1}{2}(U_{i,j+1}^n + U_{i,j}^n) - \frac{\Delta t}{2\Delta y}(G_{i,j+1}^n + G_{i,j}^n)$$

A segunda etapa envolve o uso desses cálculos para calcular os novos valores no centro de cada célula, voltando à figura 5, formando o passo completo.

$$U_{i,j}^{n+1} = U_{i,j}^n - \frac{\Delta t}{\Delta x}(F_{i+\frac{1}{2},j}^{n+\frac{1}{2}} - F_{i-\frac{1}{2},j}^{n+\frac{1}{2}}) - \frac{\Delta t}{\Delta y}(G_{i,j+\frac{1}{2}}^{n+\frac{1}{2}} - G_{i,j-\frac{1}{2}}^{n+\frac{1}{2}})$$

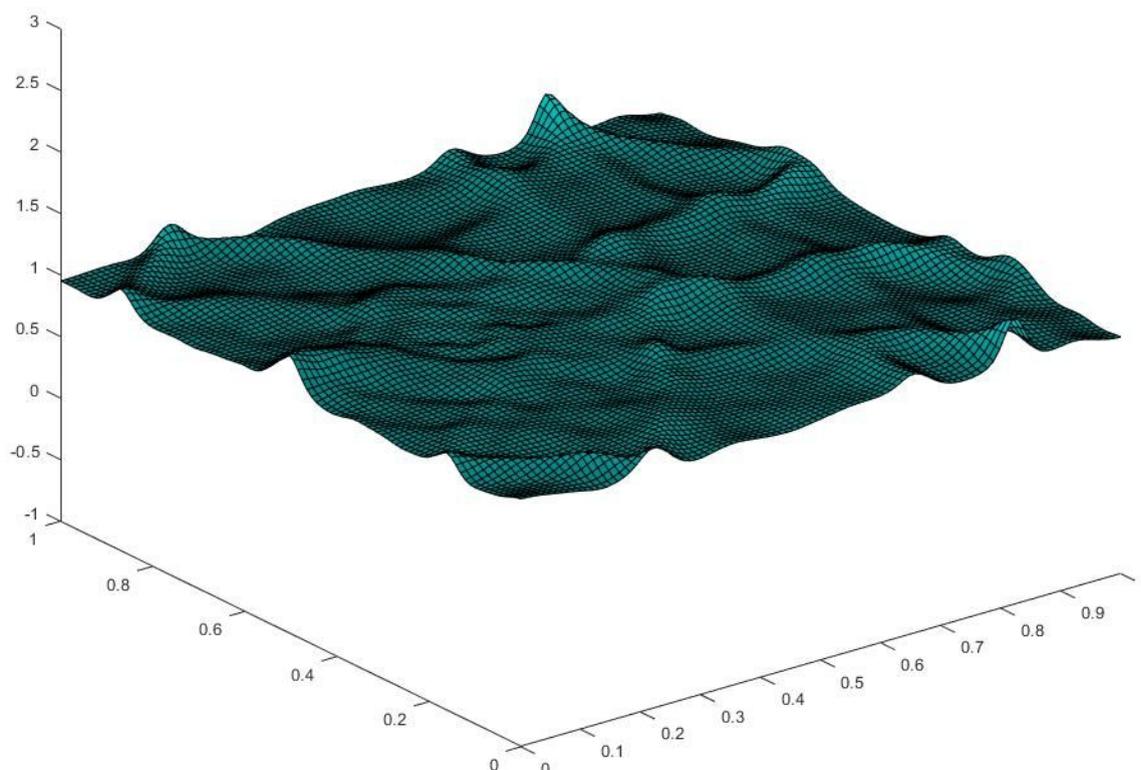


Figura 7. Imagem de simulação de águas rasas implementada em MATLAB. A perturbação inicial é feita na forma de algumas “gotas”. É possível alterar parâmetros como a gravidade e obter resultados diferentes.

Referências

Holton, James R. "An Introduction to Dynamic Meteorology" 4ª Ed. Burlington (MA): Elsevier, 2004

Mole, Clever. "Shallow Water Equations". Disponível em <<https://www.mathworks.com/content/dam/mathworks/mathworks-dot-com/moler/exm/chapters/water.pdf>> Acesso em 5 de fevereiro de 2019

Encyclopedia of Mathematics. "Lax-Wendroff method". Disponível em <http://www.encyclopediaofmath.org/index.php?title=Lax-Wendroff_method&oldid=22713> Acesso em 7 de fevereiro de 2019

Plumb, Alan. Notas do curso "Dynamics of the Atmosphere". Disponível em <<http://eaps.mit.edu/~rap/courses/12333>> Acesso em 5 de fevereiro de 2019

Disseminação de doenças infecciosas

Doenças infecciosas são uma das maiores preocupações globais de saúde, especialmente em países tropicais e em desenvolvimento, nos quais o *Aedes aegypti* e outros mosquitos transmissores de doenças proliferam-se com facilidade.

Todos os anos, 390 milhões de pessoas têm dengue e centenas de milhares sofrem com chikungunya, doença incapacitante que cada vez mais parece se aproximar dos grandes centros urbanos. Ainda há a zika, cujo surto recente assustou o Brasil e o mundo, graças aos nascimentos de bebês com microcefalia e outras más-formações ligadas à infecção.

Se, por um lado, é preciso atacar a raiz do problema, buscar vacinas e novos tratamentos, outra trincheira envolve compreender quantas pessoas são afetadas, como elas e mosquitos transmitem as doenças para as outras e, no fim das contas, qual é o tamanho da encrenca —e se os recursos disponíveis são capazes de ajudar a reverter o quadro.

Em um estudo publicado na revista *Scientific Reports*, o matemático Sérgio Oliva, do Instituto de Matemática e Estatística da USP, e pesquisadores do Canadá e da China avaliaram que a estratégia de usar mosquitos contaminados com a bactéria *Wolbachia* para reduzir o espalhamento de arboviroses poderia ser melhorada.

A bactéria tem a interessante propriedade de atrapalhar a reprodução de insetos como o *Aedes*, ao agir em seus ovários e testículos. Além disso, os insetos que carregam *Wolbachia* também se infectam e transmitem menos o vírus da dengue. Uma iniciativa australiana, “Eliminate Dengue”, aposta na estratégia para combater a doença.

Se uma fêmea com *Wolbachia* encontra um macho selvagem, os ovos produzidos também carregarão *Wolbachia* (o mesmo que acontece quando dois insetos com *Wolbachia* acasalam). Se um macho com *Wolbachia* encontra uma fêmea selvagem, porém, os ovos simplesmente não nascem.

A mudança proposta por Oliva e colaboradores, baseados em um modelo matemático da propagação de zika, é restringir a soltura de mosquitos apenas aos machos. Diferentemente do que acontece nos cruzamentos de fêmeas com *Wolbachia* e machos selvagens, os ovos resultantes do encontro entre machos com *Wolbachia* e fêmeas selvagens não são viáveis —o que leva à redução da população.

No caso da liberação conjunta de machos e fêmeas, eventualmente é possível atingir a meta de que todos os insetos no local adquiram a bactéria, mas só a liberação de um grande número de machos teria potencial para acabar com o mosquito.

Em seu trabalho, os pesquisadores, com dados disponíveis do surto de zika em 2016, concluíram que seria possível reduzir o pico de casos, que chegou a 16 mil em uma semana, para 12 mil, ao liberar

machos e fêmeas com *Wolbachia* e para 10,6 mil usando apenas os machos. Isso considerando apenas a liberação durante o próprio surto, como uma espécie de medida de emergência.

No caso de uma proposta de erradicação, a proporção de machos com *Wolbachia* liberados deveria ser cinco vezes aquela de machos selvagens —tarefa que pode ter uma logística complicada, já que não é trivial separar larvas machos e fêmeas.

A alternativa proposta por Oliva e colaboradores ainda não é considerada pelo projeto da *Wolbachia*, que afirma ter como objetivo principal bloquear a transmissão viral, não a eliminar os mosquitos.

Um outro resultado de modelagem matemática para entender a dinâmica da zika abordou o caso da Polinésia Francesa, onde houve um grande surto entre 2013 e 2014, que chegou a afetar 82% da população em algumas regiões do território. A principal conclusão é que demoraria entre 12 e 20 anos para que um número de indivíduos susceptíveis fosse grande o suficiente para permitir novamente o espalhamento da doença.

Nessa modelagem não foi considerada, por exemplo, a possibilidade de transmissão sexual da doença, que, apesar de pequena em comparação à transmissão via mosquito, não é negligenciável e pode piorar o surto e atrasar seu término. Daí surge a necessidade de providências, como o estímulo ao uso de preservativos e o diagnóstico acurado de casos suspeitos.

Um fator que atrapalha a construção de modelos mais fidedignos é a indisponibilidade de dados. Não se sabe no Brasil, por exemplo, quantas pessoas já tiveram cada um dos quatro tipos de dengue e, mesmo assim, os casos da doença são muito heterogêneos —vários são assintomáticos, ou seja, a pessoa nem sabe que foi infectada. Além disso, a maior parte dos casos leves nem é oficialmente reportada, lembra Oliva.

A maior ameaça para a saúde é quando uma pessoa pega dengue pela segunda vez. Pode acontecer o chamado *antibody-dependent enhancement* (ADE, reforço dependente de anticorpos, em tradução livre), em que os anticorpos produzidos contra um dos tipos da dengue, em vez de ajudarem a combater os demais tipos, acabam agravando a doença.

Alguns pesquisadores propõem que o ADE possa explicar a gravidade de casos de zika (o vírus causador é um flavivírus, da mesma família dos vírus da dengue). Esse é outro desafio de modelagem que Oliva e seus orientandos de pós-graduação enfrentam.

O que torna o desafio mais penoso é que ninguém sabe quantos mosquitos existem por aí. O uso de armadilhas pode ajudar na estimativa, mas não existe um esforço sistematizado nesse sentido no Brasil.

Antes de se aventurar pela área da epidemiologia, Oliva trabalhava com os chamados modelos de reação-difusão, que explicam, entre outras coisas, o surgimento de padrões, como as manchas na pele

de animais, como na onça-pintada, um dos temas ao qual se dedicou o matemático britânico Alan Turing.

A primeira dificuldade para entrar em uma nova área, é a linguagem, explica Oliva. “Não tinha ideia do que as pessoas falavam, o que era incidência, prevalência...” No caso, incidência é quantidade de novos casos de uma doença em um determinado período; prevalência é fração de uma determinada população que tem a doença.

Além disso, para bolar um modelo de espalhamento de doenças é importante ter (ou estimar) a probabilidade de uma pessoa infectada passar a doença para outras. O mesmo raciocínio vale para a probabilidade de um mosquito fêmea se infectar enquanto caça humanos, por exemplo.

“Demora até entender que perguntas são razoáveis. É muito fácil não fazer nada de relevante quando atuamos na intersecção de duas áreas [epidemiologia e matemática, no caso]. É muito fácil ficar no meio do caminho, em questões que não são relevantes nem na matemática nem na aplicação propriamente dita.”

Há um grande risco de o modelo matemático desenvolvido na verdade ser um profeta do passado, ou seja, explicar muito bem o que já aconteceu e não ser útil para tomar providências em relação ao que vem adiante.

O sucesso, afirma Oliva, depende da colaboração de indivíduos com formações distintas. No caso, para entender o que o achado significa para a doença, é ver se ele tem alguma correspondência clínica.

Uma das grandes apostas da área é o chamado modelo baseado em agente (*agent-based model*). Funciona como se fosse uma espécie de SimCity [jogo eletrônico em que o objetivo é gerenciar uma cidade] epidemiológico. No programa, planeja-se o comportamento de cada indivíduo, se vai à escola, se viaja, quem encontra... “Requer o trabalho de imaginar tudo o que pode acontecer, é quase um trabalho para Deus”, brinca Oliva.

Com uma base de até milhões de indivíduos, cada um com seu comportamento, é necessário um grande poder computacional para rodar esses modelos.

Esses modelos podem ser interessantes, já que consideram a dinâmica espacial dos agentes, viagens de avião, entre outros comportamentos. Mas a sofisticação vem com um preço: pode ser desafiador fazer previsões consistentes com a realidade.

O matemático: Sérgio Oliva

Graças ao engenheiro e matemático Waldyr Muniz Oliva, 86, a família não estranhou quando o jovem Sérgio decidiu cursar matemática. A presença do tio ajudou um pouquinho. “Ele sempre foi um apaixonado pela matemática, e isso influenciou bastante.”

Sérgio, 53, conta que morava no mesmo prédio em que o tio. “Ele se dedicava à matemática com paixão e estava sempre presente. Como ele era pesquisador, vários estrangeiros apareciam por lá. Na hora de eu escolher uma carreira, não foi uma decisão tão absurda.”

Ainda no começo do mestrado, também no IME, em 1987, Oliva foi contratado como professor. Logo começou a dar aula para os alunos da Escola Politécnica. “Eu tinha quase a mesma idade que eles”, lembra. “As turmas eram diferentes das de hoje, eles se dispersavam menos. Naquela época, o pior que acontecia era alguém ler um jornal durante a aula. Não que hoje as pessoas sejam menos dedicadas, mas acho que a capacidade de concentração diminuiu.”

O doutorado, com sistemas de reação-difusão, foi cursado nos EUA, no Instituto de Tecnologia da Georgia, sob orientação de Jack Hale, um amigo de seu tio. Os amigos latinos adoravam uma festa, conta Oliva, mas também trabalhavam bastante.

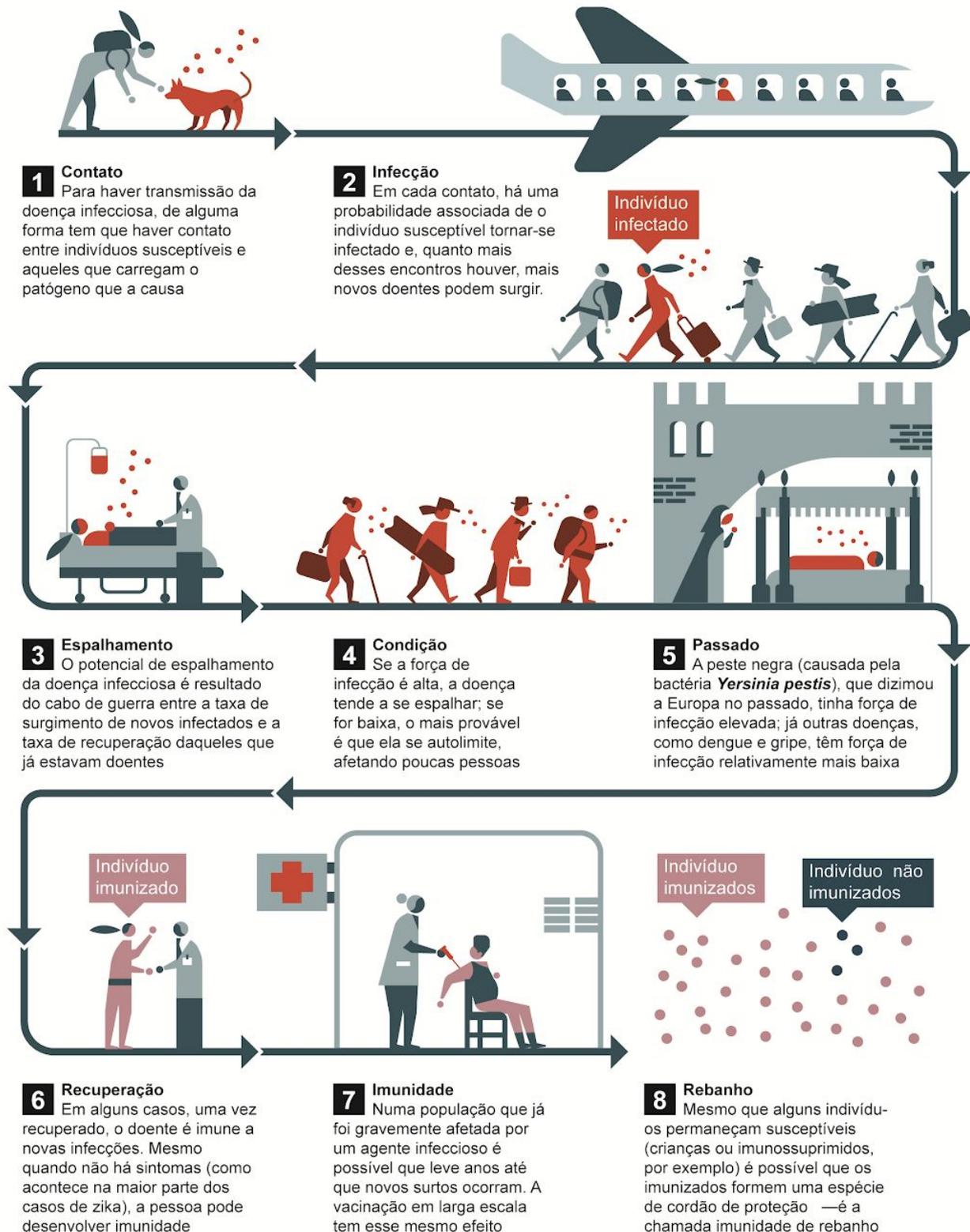
“Tem gente que faz pesquisa só pensando no artigo, mesmo sem gostar das pessoas com quem trabalha. Eu não consigo. Gosto de sentar, discutir um problema com alguém e construir algo. Isso é divertido, é o que me atrai, independentemente de ser na matemática ou em outra área. A academia permite essas uniões, que não servem para ganhar dinheiro, mas para produzir algo em conjunto.”

Uma dessas colaborações aconteceu durante seu doutorado, quando trabalhou com um engenheiro que tentava resolver um problema de rotores de helicópteros denominado “rotating stall”, que fazia a turbina parar de funcionar. O piloto, então, aumentava a potência: a turbina funcionava menos ainda, aquecia e explodia. Como resultado da parceria, surgiu o um modelo matemático que ajudava a descrever o problema. “Não tinha nada a ver com a minha tese, mas foi divertido.”

Oliva já publicou um artigo em que modela a dinâmica da inflamação em feridas diabéticas (um problema sério para quem tem a doença) e, no momento, trabalha com cientistas do Instituto Butantan para compreender o impacto da vacina contra a dengue que está em fase final de desenvolvimento. “Estamos tentando ajudar, mas o ritmo é outro. Nem sempre a velocidade que a gente consegue fazer bate com a velocidade que eles precisam, mas temos uma conversa com eles bem próxima.”

O matemático é um entusiasta da profissão, que segundo ele, se justifica também pelo baixo investimento necessário. “A gente faz matemática porque gosta. E tudo o que precisamos é de recurso para visitar um colega de fora do país de vez em quando. Custamos muito pouco.”

COMO UMA DOENÇA INFECCIOSA SE ESPALHA?



A matemática: modelos SIR e SEIRS

Um dos modelos matemáticos que permitem o estudo de características de epidemias é o chamado SIR. Cada letra, S, I e R, representa um compartimento, ou um subconjunto da população, a saber: o número de susceptíveis à doença, de infectados e de recuperados, em função do tempo.



Figura 1. Esquema do modelo SIR, as taxas β e γ são os únicos inputs, além das condições iniciais

No esquema, β representa a taxa de disseminação da doença, ou seja, a quantidade de novos infectados a partir do contato com alguém já com a doença. E $\gamma = 1/D$ representa a taxa de recuperação, na qual D é a média de duração da infecção.

No caso, o modelo SIR pode ser representado pelo seguinte conjunto de equações diferenciais ordinárias (EDO):

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

A soma $S(t) + I(t) + R(t) = 100\% = 1$ é constante ao longo do tempo; ou seja, não assumimos nenhuma grande variação de tamanho da população. Logo,

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0$$

Um dos parâmetros mais importantes que emergem desse modelo é o chamado R_0 , o chamado “número reprodutivo básico”, ou ainda “limiar epidemiológico”. Vale notar que R_0 não tem relação direta com o número de recuperados $R(t)$, e sim com o surgimento de novos infectados, ou seja, a segunda equação do sistema acima.

$$R_0 = \frac{\beta S}{\gamma}$$

Em outras palavras, essa quantidade representaria o potencial de novas infecções a partir de um único indivíduo. Se $R_0 > 1$, a infecção tem potencial de disseminação, caso contrário, tende a se autolimitar.

Considerando que praticamente 100% da população no início de um surto é susceptível, podemos simplificar a equação do R_0 para essa situação em particular:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

Ou seja, se soubermos de antemão os valores de β e de γ , temos condições de saber o potencial de disseminação. Essas medidas geralmente são feitas em campo, e são particularmente úteis nos modelos que tratamos aqui nesta seção.

Por exemplo, o sarampo tem $12 \leq R_0 \leq 18$, altíssimo. Isso pode ser interpretado como uma criança infectada que passa a doença para outras 15 em uma sala de aula.

Outras doenças, como a gripe, tem $R_0 < 2$. Taxa semelhante se dá na dengue, mas nesse caso há outros fatores que também entram na conta, como a taxa de picadas para cada *Aedes aegypti* fêmea e a chance de haver essa transmissão.

Com informações como essa, é possível também estabelecer metas de vacinação —quanto maior a fração imune da população, mais difícil é uma doença se espalhar.

Vamos observar a dinâmica do SIR. Na simulação abaixo, realizada no MATLAB, $R_0 = 5$.

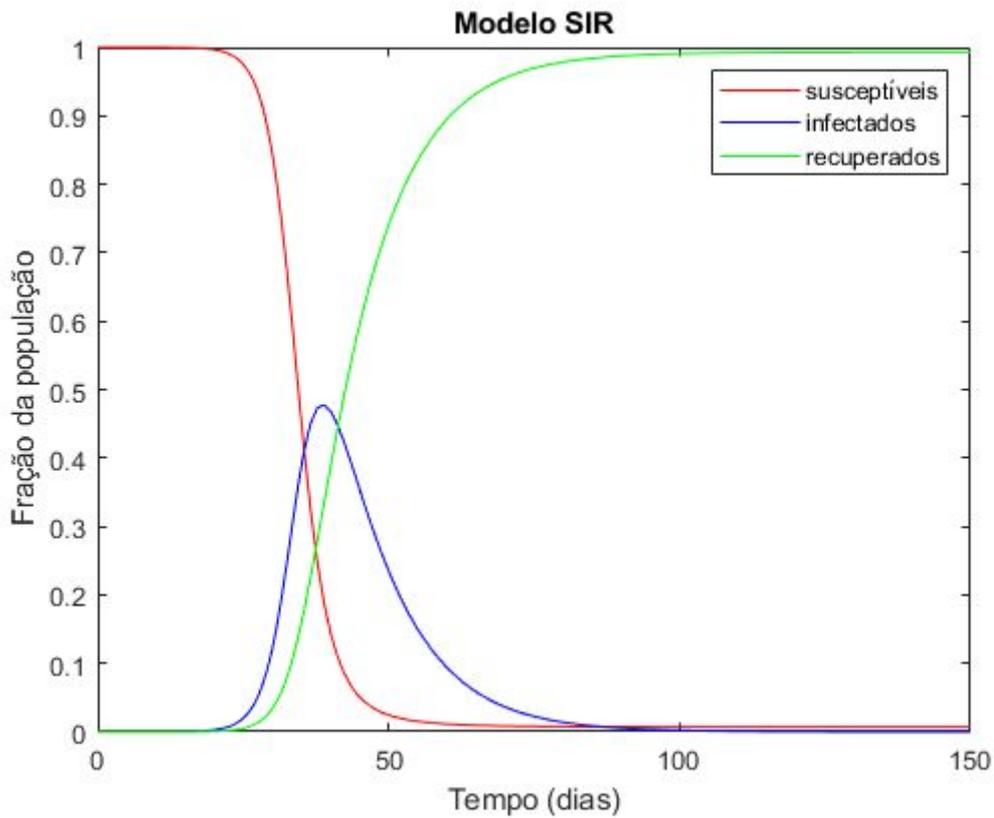


Figura 2. Simulação do tipo SIR ao longo de 150 dias. Foi utilizado a função ode45 para obter as quantidades S, I e R no período desejado. Os parâmetros usados foram $\beta = 0,5$ $\gamma = 0,1$. No instante $t = 0$, o número de infectados equivale a um milionésimo da população e não há recuperados.

Enquanto há um transiente de infectados, a população tende a se tornar cada vez mais mais imune (recuperada), com esse número perto de 100%. Como não há entrada ou saída de elementos nessa população, a partir de um certo patamar, não haverá mais mudanças: há estabilidade epidemiológica.

No caso, foi usada a função pré-implementada no MATLAB ode45, que usa uma forma do método de Runge-Kutta, para resolver o sistema de equações diferenciais. Mas é possível resolver o problema de forma menos sofisticada (ou “mais manual”), usando o método de Euler, por exemplo.

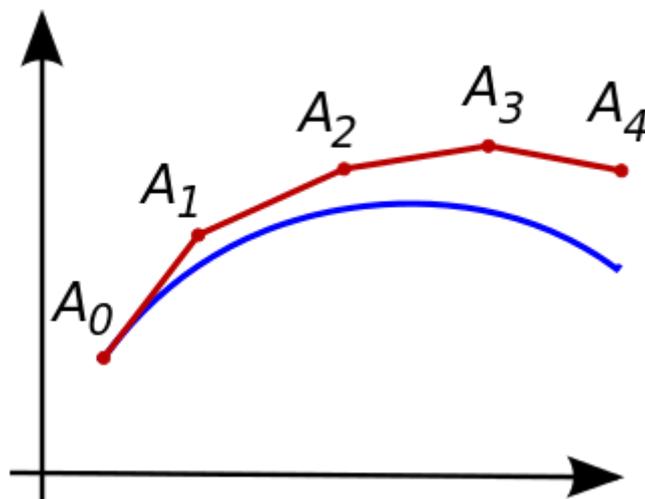


Figura 3. Esquema de resolução numérica pelo método de Euler. Sabendo as condições iniciais e com a definição do número de passos e do intervalo de interesse, é possível calcular cada ponto intermediário e chegar a uma aproximação da função a ser estudada.

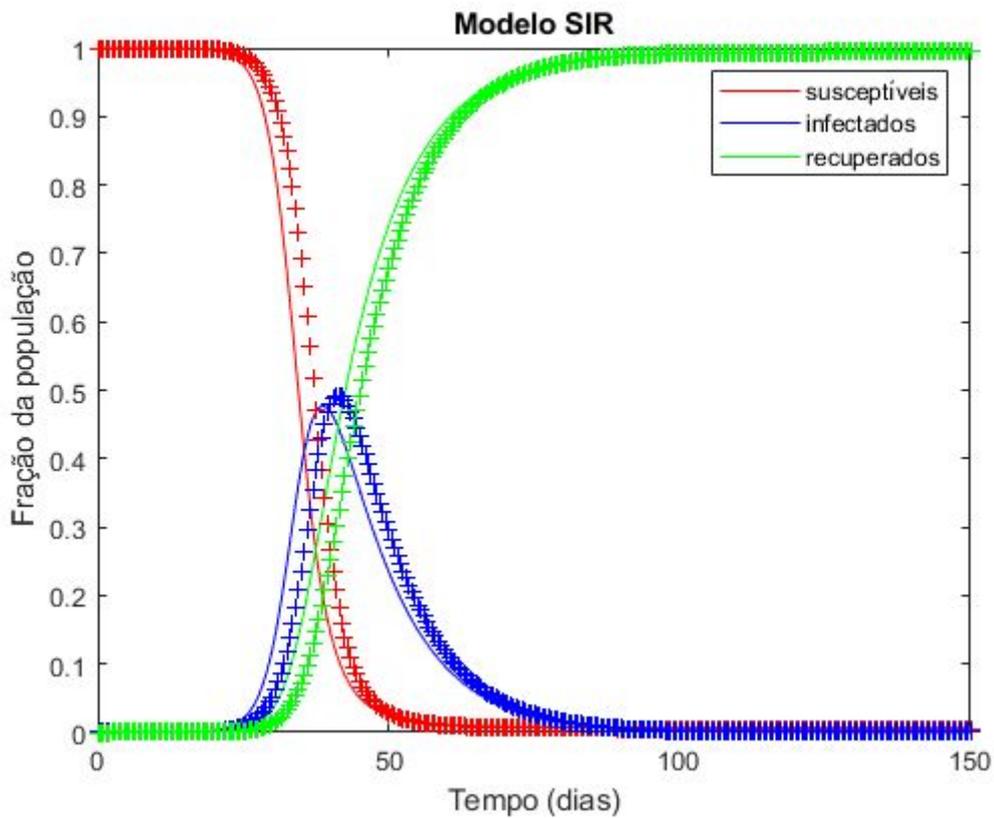


Figura 4. Resolução do sistema de equações SIR com o método de Euler. As cruzes representam os pontos em cada um dos 300 segmentos (passo de 0,5) utilizados nesta simulação. Com passos menores, é possível chegar a uma solução mais próxima da real.

É possível sofisticar o modelo-base SIR de algumas formas. Uma delas é inserir a dinâmica vital, ou seja, incluir uma taxa de nascimento e de mortalidade. A partir do modelo SIR anterior, adicionamos as taxas ν , de natalidade e μ , de mortalidade, em todos os compartimentos

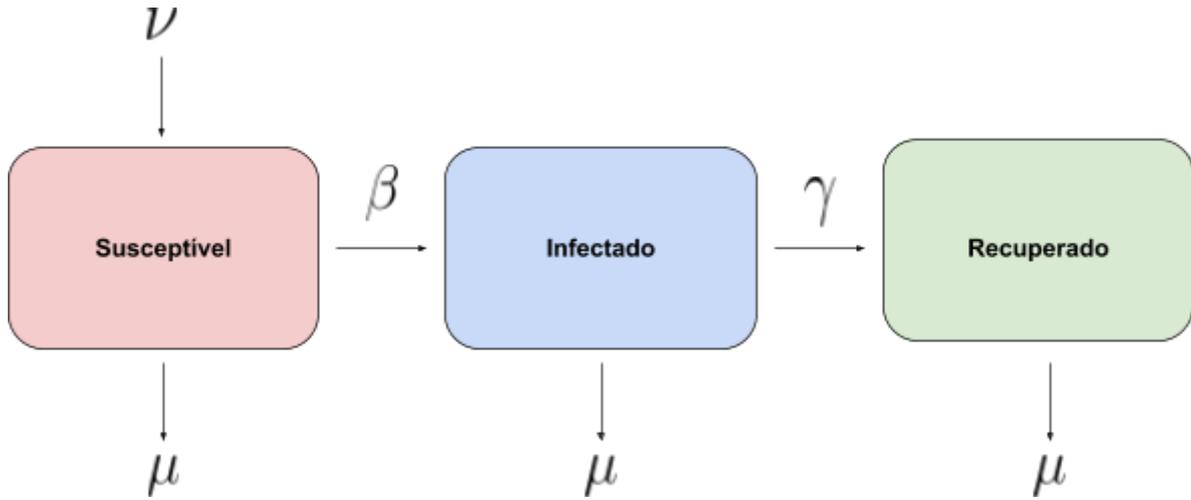


Figura 5. Esquema do modelo SIR com dinâmica vital, Além das taxas β e γ , são necessárias ν e μ , taxa de nascimento e de mortalidade, respectivamente

No caso, o sistema de equações pode ser expresso da seguinte maneira:

$$\frac{dS}{dt} = \nu N - \beta SI - \mu S$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

Para manter a população constante, vamos adotar $\nu = \mu$. Em nossa simulação, consideramos a taxa de mortalidade próxima àquela observada no Brasil, de 6,08 a cada 1.000 pessoas por ano. Para ela entrar no modelo, ela teve de ser transformada numa taxa média diária de entrada e saída de indivíduos da população (mais uma simplificação, já que o fluxo de novos bebês varia de acordo com a época do ano, assim como o de mortes).

O impacto desse fluxo de pessoas é perceptível numa escala de tempo um maior. Observa-se que, apesar da oscilação, a população caminha para um estado estacionário, no qual as quantidades $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ permanecem constantes.

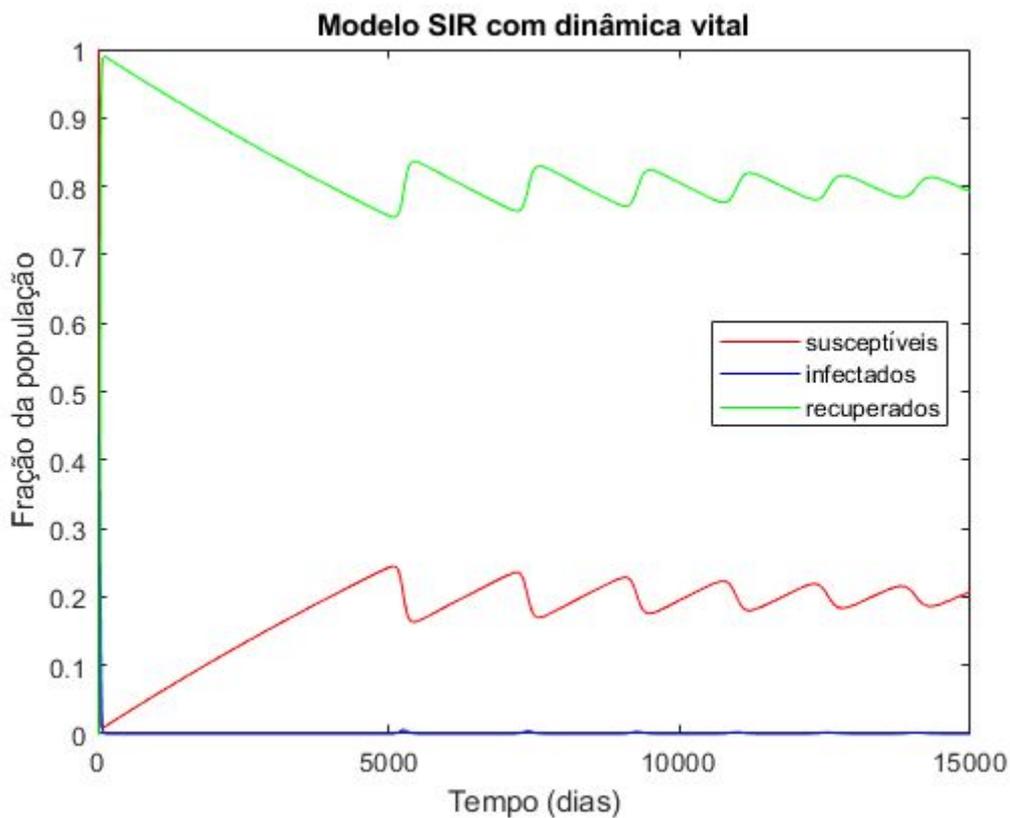


Figura 6. Resolução do sistema de equações SIR com dinâmica vital (nascimentos ν e mortes μ). Graças ao influxo e efluxo de população, há oscilação nas quantidades S , I e R . Ainda assim, elas caminham para um equilíbrio endêmico. Nos instantes iniciais há grande semelhança como cenário apresentado na Fig. 2 (os parâmetros β e γ são os mesmos),

É possível levar em conta outros fatores na hora de formatar um modelo epidemiológico como esses que tratamos aqui. Por exemplo, é possível inserir o tempo que um indivíduo é inoculado com o patógeno (“exposto”, nessa nomenclatura) e considerar a chance de ele vir ou não a se tornar de se tornar infectado (i.e. capaz de passar a doença para outros). Também é possível considerar o fato de a imunidade contra a doença ter uma duração média. Ou seja, os indivíduos recuperados podem voltar a ser suscetíveis.

No esquema abaixo consideramos a taxa β de conversão de suscetíveis em expostos e a taxa σ de conversão de expostos em infectados. A taxa ζ representa a transformação dos recuperados em suscetíveis (como acontece, por exemplo, na gripe). Esse modelo é o chamado SEIRS - Suscetíveis-Expostos-Infectados-Recuperados-Suscetíveis.

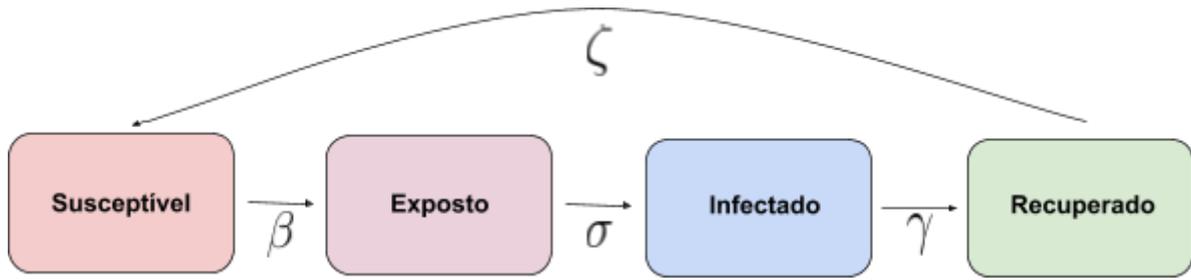


Figura 7. Esquema do modelo SEIRS, que considera um novo compartimento, o de indivíduos expostos, e a conversão de recuperados em susceptíveis

Podemos escrever o sistema SEIRS da seguinte forma:

$$\frac{dS}{dt} = \zeta R - \beta SE$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SE - \sigma E$$

$$\frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \zeta R$$

No exemplo abaixo consideramos a taxa $\beta = 0,5$ igual à dos casos anteriores. O período médio de incubação aqui considerado é de 4 dias, ou seja, $\sigma = 0,25$. O tempo médio de duração da infecção é de 10 dias e a conversão de recuperados em susceptíveis demora em média 100 dias para acontecer, ou seja, $\zeta = 0,01$. Nota-se que após uma oscilação inicial, novamente o modelo caminha para um equilíbrio endêmico e mantém um certo nível de infectados, aqui perto do patamar de 7%.

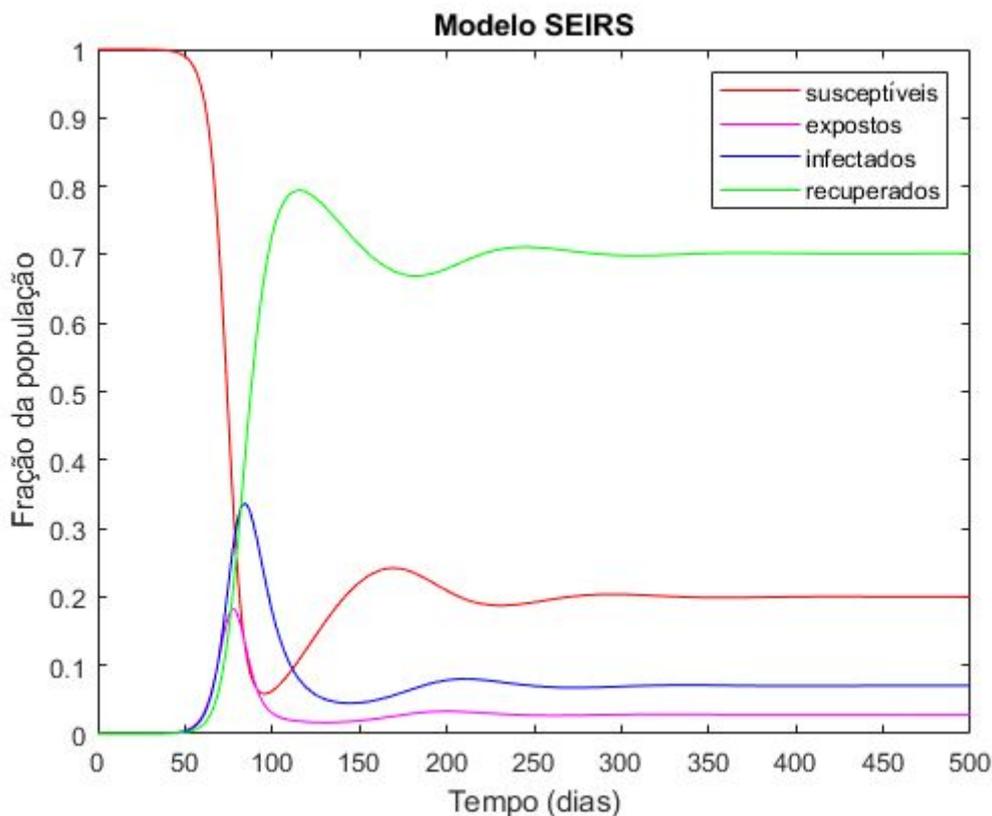


Figura 8. Resolução do sistema de equações SIR com dinâmica vital (nascimentos ν e mortes μ). Graças ao influxo e efluxo de população, há oscilação nas quantidades S , I e R . Ainda assim, elas caminham para um equilíbrio endêmico. Nos instantes iniciais há grande semelhança com o cenário apresentado na Fig. 2.

Outra limitação desses modelos aqui tratados é a ausência de estratificação social ou modelagem específica por faixa etária — o comportamento das doenças pode diferir bastante entre elas (e.g. idosos podem perder a imunidade para certas doenças a uma taxa mais rápida do que os mais jovens).

Referências

Barker, Christopher A. "Numerical Methods for Solving Differential Equations". Disponível em <http://calculuslab.deltacollege.edu/ODE/7-C-1/7-C-1-a-ma.html> Acesso em 5 de fevereiro de 2019

Cofee, Megan. "R0 for Determining the Spread of Disease". Disponível em <https://www.verywellhealth.com/some-diseases-spread-some-dont-how-to-know-which-will-1958758>. Acesso em 5 de fevereiro de 2019

Edmunds, W.J. et al. The pre-vaccination epidemiology of measles, mumps and rubella in Europe: implications for modelling studies

Smith, David e Lang, Moore. "The SIR Model for Spread of Disease - The Differential Equation Model".
Epidemiol. Infect., 2000.

Weisstein, Eric W. "Kermack-McKendrick Model." Disponível em
<<http://mathworld.wolfram.com/Kermack-McKendrickModel.html>> Acesso em 5 de fevereiro de 2019

Evolução do altruísmo

Imagine uma região na qual existam tribos em guerra constante. Nesse contexto, em um dos grupos emerge uma curiosa característica comportamental e alguns indivíduos passam a se sacrificar em prol dos demais, levando o grupo a ter melhor desempenho nesse ambiente belicoso.

Se um determinado grupo derrota outro, ele o coloniza —e isso é compatível com o que se observa na história, quando, por exemplo, todos os homens de uma tribo são mortos e suas mulheres têm filhos dos vencedores, explica Renato Vicente, professor do Instituto de Matemática e Estatística da USP.

Dessa forma, aquele traço de altruísmo tem chance de se perpetuar, seja ele transmitido horizontalmente, ou seja, entre os membros do grupo, ou verticalmente, para os descendentes, da mesma forma que acontece com uma nova mutação genética.

A transmissão vertical, seja genética ou comportamental (matematicamente não há prejuízo em supor nenhuma das duas) é o que se pode chamar de “piores caso”, explica Vicente. É nessa modalidade em que esse traço tem mais dificuldade para se propagar, já que indivíduos altruístas se arriscam e podem até mesmo morrer.

Assim, se for possível mostrar que, mesmo no cenário mais desfavorável, há espaço para o altruísmo florescer, estaria mais claro o modo que essa importante característica surgiu entre os animais e, especialmente, entre os homens.

Esse é um dos temas estudados por Vicente, que mostrou que é possível modelar matematicamente a evolução do altruísmo —tema do interesse de biólogos, antropólogos, cientistas sociais e agora, por que não, de matemáticos.

Macacos, insetos, morcegos, lobos, camarões e até organismos unicelulares demonstram comportamento altruístico —que pode ser definido como aquele no qual um indivíduo arrisca ou abre mão de seu sucesso reprodutivo em prol dos descendentes de seus pais.

Nesse sentido, não há a obrigatoriedade de se considerar a intenção por trás dos atos generosos, visto que alguns indivíduos altruístas nem cérebro têm —e outros certamente não são capazes de raciocínio simbólico elaborado como o humano.

Uma das explicações para esse comportamento seria que, na verdade, os muitos dos genes que serão transmitidos adiante pelos sobreviventes são compartilhados entre todo o grupo. Daí também decorre o fato de que o comportamento altruísta é mais forte entre pais e filhos, por exemplo. Essa relação também pode ser escrita matematicamente e levada em conta na dinâmica do altruísmo.

O biólogo Richard Dawkins apresenta em seu clássico livro “O Gene Egoísta” a ideia de que os organismos e grupos funcionam como maquinário, como meio para permitir a autorreplicação de genes —que, essencialmente, podem sobreviver por gerações e gerações, ao passo que o indivíduo é muito mais efêmero.

Assim, em um aparente paradoxo, o comportamento egoísta dos genes pode ter encontrado uma saída altruística para continuarem a existir.

Um dos exemplos lembrados por Vicente são os insetos da ordem *Hymenoptera*, como abelhas, vespas e formigas. O grau de altruísmo observado é tão grande que culmina na perda total da capacidade de reprodução da maioria da colônia. Tão devotado sacrifício pode ser explicado pelo alto coeficiente de parentesco entre seus membros.

Além de mostrar um caminho viável para a evolução do altruísmo, Vicente e colaboradores também mostraram como outros fatores podem intervir nesse processo, como a migração de indivíduos, mimetizando o que pode acontecer em grupos reais.

A grande espinha dorsal da atuação acadêmica de Vicente é a área conhecida como mecânica estatística, que teve origem com os estudos do polímata belga Adolphe Quételet (1796-1874), que formulou pela primeira vez o conceito de normalidade, ou seja, que populações, apesar das variações individuais, convergem para uma média que tende a ser estável com o tempo ou muda muito vagarosamente.

Por exemplo, a altura: sabe-se que a de homens brasileiros, na média, é 1,71 cm, por mais que indivíduos muito maiores e menores possam existir. Na área da física, o comportamento médio de moléculas de gases também pode ser pensado nesse sentido, do micro, para o macro, a fim de se obter uma lei que explique seu comportamento.

Vicente lembra que a clássica equação $PV = nRT$, na qual volume e pressão se relacionam com a temperatura e quantidade de gás pode ser interpretada dessa forma. Supondo uma certa quantidade de gás dentro de uma caixa, as moléculas, cada uma de um jeito, se chocam contra as paredes. “Esses inúmeros piparotes formam a pressão, que nada mais é do que uma média de força aplicada por área.”

O pesquisador almeja obter leis de funcionamento análogas —que se baseiam no comportamento do elemento micro para derivar o comportamento do macro— aplicáveis a questões como a evolução do altruísmo, e também para um outro problema: o surgimento de hierarquia em grupos.

Em grupos pequenos humanos, a navegabilidade social depende de conhecer as relações entre os indivíduos. Ou seja, é bom saber quem conhece quem para pedir ajuda numa caça ou para medir as consequências na hora de arrumar uma briga.

Nessa conta, então, para o indivíduo podem pesar dois tipos de custo: um pequeno custo de conhecer essas relações entre indivíduos e de guardá-las na memória e um possivelmente grande custo de ter esse “mapa social” mal memorizado.

Em matemática, situações que envolvem redução de custos são conhecidos como problemas de otimização. A ideia então é encontrar quais são os modelos de interação entre indivíduos que reduzem, na média, esse custo.

Os resultados apontam que, a partir de um determinado número de indivíduos, vale mais a pena restringir o quanto de pessoas se conhece, já que a soma de todos os pequenos custos cognitivos se torna imensa. Se num grupo de 4 pessoas há 6 relações entre os indivíduos, num grupo de 15 esse número já sobe para 105.

“Existe muita diferença entre viver num grupo pequeno, do ponto de vista da navegação social, e em um grupo grande. Você não usa as mesmas estratégias para viver num grupo de cem ou num de três ou quatro pessoas”, diz Vicente.

Mas esse valor crítico, a partir do qual as relações mais horizontais e menos hierarquizadas se transformam —e alguns indivíduos viram pontos de referência, ou “hubs” de conexões, depende do ambiente.

Em um local onde abundam recursos, a transição é mais lenta; em um meio mais pobre, essa hierarquização é mais rápida.

O mais interessante é que os resultados batem com os dados do “Atlas Etnográfico” compilado pelo antropólogo George P. Murdock, em 1967, que reúne informações de 1.167 culturas, seu tamanho, nível de hierarquização e tipo do clima em que viviam, entre muitas outras características (não utilizadas no modelo). Mais um ponto para a matemática.

O matemático: Renato Vicente

O herói de infância de Renato Vicente, 47, era o astrônomo Carl Sagan (1934-1996), famoso por seu trabalho de divulgação científica, tanto na forma de livros quanto da série televisiva Cosmos (que em 2014 ganhou uma versão com o astrofísico Neil DeGrasse Tyson).

“Carl Sagan era sensacional: falava de vários assuntos: música, arte, ciência e matemática. Tudo misturado”, lembra Vicente, que queria ser uma mistura de Carl Sagan com astronauta quando crescesse.

Depois que assistia aos episódios de Cosmos, corria para as enciclopédias procurar os verbetes que acabara de aprender. Sua mãe por um tempo trabalhou no Círculo do Livro, empresa que fornecia acesso a livros por preços bem abaixo do de mercado.

Nem na adolescência o lado nerd deixou de dar as caras. Um de seus projetos, desenvolvido no ensino técnico, foi o de criar foguetes experimentais. Contou com a ajuda do capitão Basílio Baranoff, da Aeronáutica, que apadrinhou o projeto.

Volta e meia tinha que ir ao ITA em busca de livros que o ajudariam a entender a matemática e a física necessária para o lançamento do foguete. Entre os temas, teve que dominar cálculo, termodinâmica e, claro, a famigerada mecânica estatística.

Sua parte especificamente consistia em projetar o compartimento que armazenaria combustível do foguete. De acordo com a geometria dessa peça, o desempenho — o quão alto o dispositivo poderia ir — seria alterado. Infelizmente (ou felizmente), os testes foram interrompidos por questões de segurança, já que os combustíveis que seriam testados eram altamente explosivos. “A brincadeira já estava ficando perigosa.”

Quando entrou em física, na USP (logo se transferiria para o curso de Ciências Moleculares), já tinha bom conhecimento de mecânica estatística. “Descobri que ela poderia explicar coisas diferentes; era um método para estudar sistemas que envolvessem a agregação de pequenas partes”.

Um exemplo do que pode ser estudado com essa estratégia é o cérebro. Seu mestrado, orientado por Nestor Caticha, do Instituto de Física, envolveu a otimização de algoritmos para trabalhar com redes neurais —isso entre 1995 e 1997, antes mesmo da popularização da internet e do Google no país.

Fez doutorado na Universidade de Aston, em um dos grupos mais importantes de aprendizado de máquina (ou machine learning) do mundo e, depois de uma passagem no banco Itaú, ingressou de vez na carreira docente.

Hoje também é diretor de data science da Serasa Experian onde trabalha com aprendizado de máquina e big data a fim de resolver problemas relevantes para os serviços de análise de crédito e de apoio a empresas realizados pela companhia.

Na parte acadêmica, orienta projetos que buscam entender como se dá o aprendizado de máquina e quais são os melhores meios de isso acontecer: seja o algoritmo que consegue extrair mais informação, seja o algoritmo que é mais eficiente energeticamente. “Não sei dizer por quê, mas provavelmente não devem ser o mesmo”, profetiza Vicente.

POR QUE O ALTRUÍSMO EXISTE?



1 Primórdios
Em um grupo de indivíduos no qual basicamente cada um depende de suas próprias habilidades para sobreviver, talvez fosse difícil pensar que houvesse espaço para o altruísmo surgir, mas isso pode acontecer

2 Preço
No sentido biológico, o comportamento altruístico é aquele que reduz a probabilidade de um indivíduo deixar descendentes (ou de transmitir seus genes) ao passo que aumenta essa mesma probabilidade para outros indivíduos de seu grupo



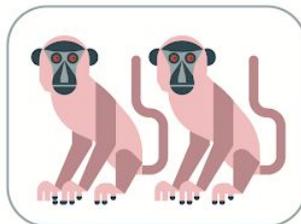
3 Grupo
O que explicaria a existência de altruístas é o benefício para o grupo, já que aqueles cujos membros se sacrificam pelo bem comum teriam vantagem na competição com os demais e maior chance de deixarem descendentes —altruístas, inclusive

4 Aproveitadores
Grupos com muitos altruístas, porém, poderiam ser complacentes com o aparecimento de indivíduos aproveitadores, que não trazem benefícios à coletividade, e com grande chance de deixarem seus próprios descendentes, perpetuando o egoísmo

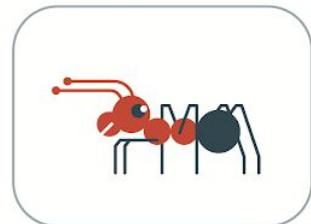
5 Bichos
A existência do altruísmo não depende de funções cognitivas superiores, como o raciocínio lógico, tanto que no reino animal há diversos exemplos não humanos:



■ Morcegos-vampiros regurgitam sangue para alimentar outros que não conseguiram predação nenhum outro bicho, abrindo mão de parte de sua fonte de energia



■ Macacos *Chlorocebus pygerythrus* fazem sinais vocais para alertar os demais sobre predadores, correndo risco de revelar sua posição



■ Formigas e abelhas operárias devotam sua vida a proteger e alimentar a rainha e sua prole, sem deixar descendentes seus

A matemática: modelo da evolução do altruísmo

Em sua tese de livre-docência, intitulada “Altruísmo, Moralidade e Hierarquia - Modelos Quantitativos”, Renato Vicente adota e apresenta um modelo para a evolução do altruísmo.

Vamos aqui trabalhar com as ideias iniciais deste processo.

Suponhamos um número fixo g de grupos de tamanho n fixo, compostos por dois tipos de indivíduos, A , de “altruísta” ou N , de “natural”). Nessa modalidade, os indivíduos são haploides (i.e. só há uma cópia do material genético que define o tipo A ou o tipo N), a reprodução é assexuada e não há intersecção entre as gerações.

Num grupo com k indivíduos do tipo A , define-se a aptidão relativa dos indivíduos altruístas como:

$$w_k^A = 1 + \delta v_k^A$$

Analogamente, num grupo com k indivíduos A , a aptidão relativa de um indivíduo N seria esta:

$$w_k^N = 1 + \delta v_k^N$$

O parâmetro δ representa a força de seleção natural sobre esses genes naturais ou altruístas. As quantidades v_k^A e v_k^N representam a recompensa (ou “payoff”) da determinada condição no ciclo de vida desses indivíduos. Convenciona-se que $v_0^N = 0$ e, por conseguinte, que $w_0^N = 1$.

Note que tanto as aptidões relativas dos indivíduos naturais e altruístas dependem do número k de altruístas no grupo. No fim das contas, essa aptidão vai ser importante para um indivíduo prevalecer na população e deixar descendentes.

Cada passo nesta modelagem (processo de Wright-Fisher em dois níveis) se dá em duas etapas, a de competição entre os grupos —que vão poder servir de matrizes para os g grupos da geração seguinte— e dentro de cada grupo. Também ocorre uma migração, com taxa $0 \leq m \leq 1$.

A reprodução de cada grupo depende da aptidão relativa calculada pela média do grupo

$$\bar{w}_k = \frac{k w_k^A + (n - k) w_k^N}{n} = 1 + \delta \bar{v}_k, \text{ em que } \bar{v}_k = \frac{k v_k^A + (n - k) v_k^N}{n}.$$

Na geração $t + 1$, cada grupo α “escolhe” seu grupo paterno do conjunto de grupos $[g]$ da geração anterior com uma probabilidade dada por

$$p_\alpha := \frac{\bar{w}(\alpha, t)}{\sum_{\xi \in [g]} \bar{w}(\xi, t)}$$

Ou seja, a aptidão relativa de cada grupo perante a dos demais é o que define a probabilidade de ele originar grupos na geração seguinte.

As n posições nos novos g grupos serão preenchidas com probabilidades proporcionais à aptidão de cada indivíduo, de acordo com uma distribuição binomial, na qual $\text{Bin}(n, q)$ denota uma variável aleatória com distribuição binomial que corresponde a n tentativas com probabilidade de sucesso q .

$$p(k, i) := \mathbb{P} \left[\text{Bin} \left(n, \frac{k w_k^A}{n \bar{w}_k} \right) = i \right]$$

Dessa forma é possível que o número de altruístas e de naturais a cada geração aumente ou diminua, de acordo com as probabilidades, que dependem essencialmente das expressões que definem os payoffs v_k^A e v_k^N .

Essas funções podem ter diversos tipos e elas podem atender a algumas condições, a depender do caso

(C1) $v_1^A < 0$ ou $w_1^A < 1 = w_0^N$, de forma que um indivíduo de fenótipo A solitário tenha aptidão menor do que a de um indivíduo em grupos sem nenhum altruísta;

(C2) ou , de forma que indivíduos do tipo tenham aptidão relativa maior quando em grupos homogêneos do que indivíduos do tipo ;

(C3) , i.e., , para , de forma que a aptidão do grupo seja maximizada quando ele é formado apenas por altruístas;

(C4) ou é crescente para , de forma que para altruístas é sempre mais vantajoso estarem cercados de mais altruístas;

(C5) ou é crescente com , de forma que para não altruístas é sempre vantajoso explorar mais altruístas;

(C6) ou é crescente com , de forma que os membros de um grupo estão em média melhores quando há mais altruístas no grupo.

Suponha uma população inicialmente formada por indivíduos naturais. Se ocorre uma mutação em um indivíduo e ela for neutra, ou seja, se , o número esperado de altruístas com o passar das gerações é constante, igual a 1. A probabilidade de que o traço altruísta se fixe é . Assim, se houver grupos muito grandes, a probabilidade de acontecer a fixação desse traço passa a ser cada vez

mais improvável. Com $\frac{1}{n}$, o número esperado de altruístas a partir de um único indivíduo passa a ser maior que 1.

Neste texto vamos citar três entre as possibilidades de payoffs trabalhadas por Renato Vicente:

Modelo de Public Goods Game (PG)

para constantes positivas α e β .

Neste modelo, a um custo C , cada altruísta produz um benefício B dividido igualmente para todos os outros membros do grupo. Por exemplo, altruístas poderiam ser indivíduos que adotassem um hábito de higiene custoso para si próprio, mas benéfico para o grupo.

Interações diádicas (General Linear Fitness, GLF)

Neste cenário supomos que os membros do grupo interagem aos pares durante sua vida. Denota-se por α_{ij} , com $\alpha_{ii} = 1$, o payoff de um tipo i que interage com um tipo j . Cada indivíduo contribui para seu próprio payoff com α_{ii} . O payoff final será uma composição das contribuições da cada par possível.

É possível reescrever a função de custos adotando α_{ij} e β_{ij} e benefícios β_{ij} , assumindo que $\alpha_{ij} = \beta_{ij}$, ou seja, que relações entre indivíduos não geram benefício extra para os demais.

Modelo de Limiar (THR)

Para constantes positivas α , β e γ e um inteiro n .

Neste cenário, os altruístas estão expostos a um custo C , mas, a partir de um determinado número deles no grupo, eles podem desfrutar de um benefício B . Já os naturais, teriam um benefício B nas mesmas condições.

Figura 1. Payoffs para os tipos selvagens ("N") são representados em verde e para os tipos altruístas (A) aparecem em azul. O primeiro painel mostra uma remuneração do tipo "Public Goods", com α , β e γ ; o segundo, uma do tipo "Interações Diádicas", com α , β e γ ; o último, uma do tipo "Limiar", com α , β e γ .

Implementamos o modelo de evolução do altruísmo usando a linguagem de programação MATLAB/Octave. Adotando um nível de altruístas aleatórios de cerca de 10% na primeira geração (α), nível de migração β , força de seleção γ tamanho de grupo n e número de grupos m , e α acima obtivemos os seguintes resultados, em 30 experimentos, considerando até a quinquagésima ou centésima geração:

Figura 2. Resultado da simulação para os modelos de payoffs de Public Goods (PG), Interações Diádicas (GLF) e de Limiar (THR), conforme parâmetros apresentados na figura anterior. Adotando um número inicial altruístas aleatório entre 0 e 4 indivíduos por grupo e taxa de migração (demais parâmetros acima), houve fixação do gene altruísta apenas no modelo GLF, em 10% casos (nos demais casos, o gene foi extinto) e no modelo THR, em todos os casos. No caso do primeiro modelo (PG), em poucas gerações os altruístas desapareceram. Barras indicam desvio-padrão em cada geração (devido à grande variabilidade os extremos chegam a valores negativos ou superiores a 100%, o que não faz sentido nesse contexto).

Para estudarmos melhor o comportamento dos modelos de payoffs PG e GLF, inicializamos nosso programa com uma taxa de altruístas fixa de 35% em cada grupo (7 em um total de 20). Houve uma mudança importante de comportamento nos dois casos:

Figura 3. Resultado da simulação para os modelos de payoffs de Public Goods (PG) e, Interações Diádicas (GLF) com quantidade de altruístas de pouco mais de um terço (35% em cada grupo). No caso PG, em 4 dos 30 experimentos houve estabilização do gene altruístas no nível de 100%, nos demais, foi a 0. Para o caso GLF, em pouco mais de 10 gerações, todos os indivíduos da população já eram altruístas. Barras indicam desvio-padrão em cada geração (devido à grande variabilidade os extremos chegam a valores negativos ou superiores a 100%, o que não faz sentido nesse contexto).

Outro parâmetro ao qual os modelos são sensíveis é a taxa de migração . Abaixo apresentamos um breve estudo, usando o modelo de interações diádicas (GLF) do efeito de migração com , e . No primeiro caso, equivale a dizer que não existe migração entre grupos e, no último, que estamos tratando de um único grupo do tamanho total da população (400, no nosso exemplo).

Figura 4. Resultado da simulação para os modelos de payoffs de Interações Diádicas (GLF) com α variando entre 0, 0,1 e 1. Houve redução expressiva do número necessário de gerações para a fixação, de perto de 20 no primeiro caso, para 4 no último. Barras indicam desvio-padrão em cada geração

Mesmo com uma taxa de migração igual a zero, é possível que o gene altruísta se espalhe na população. Isso acontece porque a cada geração, cada grupo filho descende, em média, dos grupos paternos mais aptos —a aptidão cresce conforme a fração de altruístas cresce.

Se variarmos a taxa α , até mesmo o modelo de payoffs com pior performance até o momento (no sentido de promover o espalhamento de altruístas na população), o de Public Goods, pode ser incrementado.

Figura 5. Resultado da simulação para os modelos de payoffs de Public Goods (PG) variando a taxa de migração entre 10%, 50% e 80%. No último caso, em todos os experimentos (30) houve fixação do gene altruísta na população, contra apenas um no primeiro.

Entre outras limitações, este conjunto de simulações não levou em conta o interessante caso em que apenas um indivíduo altruísta surge na população —nos experimentos realizados (não mostrados), nunca havia fixação do traço.

O modelo adotado também considera que a herança do altruísmo é haploide. Nossa espécie, na verdade, é diploide, ou seja, carrega duas cópias de cada gene. Dessa forma, a depender da

característica do “gene do altruísmo”, se dominante ou recessivo, poderia haver implicações diferentes daquelas observadas aqui.

Outra condição que adotamos é o tamanho dos grupos, fixo, e o número de grupos, também fixo, o que dificilmente condiz com a realidade. Essa construção, entretanto, simplifica bastante a realização dos experimentos de simulação.

Referências

Okasha, Samir. "Biological Altruism", The Stanford Encyclopedia of Philosophy (Fall 2013 Edition), Edward N. Zalta (ed.), Disponível em <<https://plato.stanford.edu/archives/fall2013/entries/altruism-biological/>>, acesso em 5 de fevereiro de 2019

Vicente, Renato. Tese de Livre Docência "Altruísmo, Moralidade e Hierarquia - Modelos Quantitativos". Instituto de Matemática e Estatística da USP, 2016

Discussão

Não é trivial falar sobre matemática para a população — isso é uma certeza. No entanto, é possível, sim, abordar o conhecimento de maneira ao menos um pouco mais aprofundada em relação ao que observamos cotidianamente, ao inserir elementos que aproximem o público do conhecimento que é produzido em universidades e institutos de pesquisa. Mostramos isso três vezes.

No texto sobre previsão do tempo, depreende-se o quanto a precisão das medidas meteorológicas é importante para uma projeção confiável. Mesmo com uma variação inicial baixa, pode haver discrepância nos resultados. Com isso é possível aprender um pouco sobre o que é o caos, matematicamente.

O instinto de autopreservação faz com que todos saibamos, ao menos um pouco, sobre doenças. Mas muitas vezes esse conhecimento não é sistematicamente organizado. Em nossa abordagem, são apresentados quais são os passos para que uma epidemia ocorra, que esses requisitos podem ser quantificados e que isso permite estabelecer prognósticos através de modelos.

Por fim, no capítulo sobre altruísmo foi apresentado como um tema complexo e relevante do ponto de vista antropológico, biológico e evolutivo pode ser formatado matematicamente e estudado. Questões do tipo “de onde viemos?” têm um apelo natural entre as pessoas e podem servir como ponte para a introdução de temas filosoficamente relacionados.

Em cada caso, além de uma breve explicação sobre algum dos temas matemáticos relacionados, apresentamos uma simulação computacional, o que de certa forma materializa aquele conhecimento em figuras e gráficos. Cremos que esse tipo de demonstração seja benéfico no sentido de aumentar o interesse pela matemática por meio de programação, competências hoje de alto valor no mercado de trabalho e que já é ensinada desde cedo em algumas escolas.

Vale ressaltar que a divulgação científica tem limitações. Muitas vezes não é possível apresentar todo um conjunto de ideias por uma questão de espaço. Quando o texto ou vídeo é longo ou saturado de informações e detalhes, pode haver rejeição por parte do consumidor. Há de se pensar no contexto em que esses conteúdos são apresentados para maximizar o impacto de cada iniciativa.

Daí a importância da pluralidade de abordagens, que podem ir desde textos na imprensa a vídeos divulgados pela internet ou mostras educativas. Cada uma delas tem seu papel na construção do repertório daqueles que são expostos a esses conhecimentos.

No caso específico da matemática, mostramos que é possível inseri-la em textos noticiosos, usando como arcabouço, ou como veículo, suas aplicações. Permanece, porém, o desafio de como tratar de temas puramente matemáticos de uma maneira relevante para quem vive distante desse universo.

Anexos

Águas rasas - Código MATLAB/Octave

waterwave.m

```
function waterwave ( )

% WATER WAVE
% 2D Shallow Water Model
%
% Lax-Wendroff finite difference method.
% Reflective boundary conditions.
% Random water drops initiate gravity waves.
% Surface plot displays height colored by momentum.
% Plot title shows t = simulated time and tv = a measure of total
variation.
% An exact solution to the conservation law would have constant tv.
% Lax-Wendroff produces nonphysical oscillations and increasing tv.
%
% Author:
%
% Cleve Moler
%
% Reference:
%
% http://en.wikipedia.org/wiki/Shallow\_water\_equations
% http://www.amath.washington.edu/~rjl/research/tsunamis
% http://www.amath.washington.edu/~dgeorge/tsunamimodeling.html
% http://www.amath.washington.edu/~claw/applications/shallow/www

% Parameters

n = 64;           % grid size
g = 9.8;         % gravitational constant
dt = 0.02;       % hardwired timestep
dx = 1.0;
dy = 1.0;
nplotstep = 8;   % plot interval
ndrops = 3;      % maximum number of drops
dropstep = 500;  % drop interval
D = droplet(1,21); % simulate a water drop

% Initialize graphics

[surfplot,top,start,stop] = initgraphics(n);

% Outer loop, restarts.

while get(stop,'value') == 0
    set(start,'value',0)
```

```

H = ones(n+2,n+2); U = zeros(n+2,n+2); V = zeros(n+2,n+2);
Hx = zeros(n+1,n+1); Ux = zeros(n+1,n+1); Vx = zeros(n+1,n+1);
Hy = zeros(n+1,n+1); Uy = zeros(n+1,n+1); Vy = zeros(n+1,n+1);
ndrop = ceil(rand*ndrops);
nstep = 0;

% Inner loop, time steps.

while get(start,'value')==0 && get(stop,'value')==0
    nstep = nstep + 1;

    % Random water drops
    if mod(nstep,dropstep) == 0 && nstep <= ndrop*dropstep
        w = size(D,1);
        i = ceil(rand*(n-w))+(1:w);
        j = ceil(rand*(n-w))+(1:w);
        H(i,j) = H(i,j) + rand*D;
    end

    % Reflective boundary conditions
    H(:,1) = H(:,2); U(:,1) = U(:,2); V(:,1) = -V(:,2);
    H(:,n+2) = H(:,n+1); U(:,n+2) = U(:,n+1); V(:,n+2) =
-V(:,n+1);
    H(1,:) = H(2,:); U(1,:) = -U(2,:); V(1,:) = V(2,:);
    H(n+2,:) = H(n+1,:); U(n+2,:) = -U(n+1,:); V(n+2,:) =
V(n+1,:);

    % Take a half time step to estimate derivatives at middle time.

    % x direction
    i = 1:n+1;
    j = 1:n;

    % height
    Hx(i,j) = (H(i+1,j+1)+H(i,j+1))/2 -
dt/(2*dx)*(U(i+1,j+1)-U(i,j+1));

    % x momentum
    Ux(i,j) = (U(i+1,j+1)+U(i,j+1))/2 - ...
dt/(2*dx)*((U(i+1,j+1).^2./H(i+1,j+1) +
g/2*H(i+1,j+1).^2) - ...
(U(i,j+1).^2./H(i,j+1) + g/2*H(i,j+1).^2));

    % y momentum
    Vx(i,j) = (V(i+1,j+1)+V(i,j+1))/2 - ...
dt/(2*dx)*((U(i+1,j+1).*V(i+1,j+1)./H(i+1,j+1)) - ...
(U(i,j+1).*V(i,j+1)./H(i,j+1)));

    % y direction
    i = 1:n;
    j = 1:n+1;

    % height

```

```

    Hy(i,j) = (H(i+1,j+1)+H(i+1,j))/2 -
dt/(2*dy)*(V(i+1,j+1)-V(i+1,j));

    % x momentum
    Uy(i,j) = (U(i+1,j+1)+U(i+1,j))/2 - ...
              dt/(2*dy)*((V(i+1,j+1).*U(i+1,j+1)./H(i+1,j+1)) - ...
              (V(i+1,j).*U(i+1,j)./H(i+1,j)));

    % y momentum
    Vy(i,j) = (V(i+1,j+1)+V(i+1,j))/2 - ...
              dt/(2*dy)*((V(i+1,j+1).^2./H(i+1,j+1) +
g/2*H(i+1,j+1).^2) - ...
              (V(i+1,j).^2./H(i+1,j) + g/2*H(i+1,j).^2));

    % Now take a full step that uses derivatives at middle point.

    i = 2:n+1;
    j = 2:n+1;

    % height
    H(i,j) = H(i,j) - (dt/dx)*(Ux(i,j-1)-Ux(i-1,j-1)) - ...
                  (dt/dy)*(Vy(i-1,j)-Vy(i-1,j-1));

    % x momentum
    U(i,j) = U(i,j) - (dt/dx)*((Ux(i,j-1).^2./Hx(i,j-1) +
g/2*Hx(i,j-1).^2) - ...
                  (Ux(i-1,j-1).^2./Hx(i-1,j-1) +
g/2*Hx(i-1,j-1).^2)) ...
              - (dt/dy)*((Vy(i-1,j).*Uy(i-1,j)./Hy(i-1,j)) -
...
                  (Vy(i-1,j-1).*Uy(i-1,j-1)./Hy(i-1,j-1)));

    % y momentum
    V(i,j) = V(i,j) - (dt/dx)*((Ux(i,j-1).*Vx(i,j-1)./Hx(i,j-1)) -
...
                  (Ux(i-1,j-1).*Vx(i-1,j-1)./Hx(i-1,j-1))) ...
              - (dt/dy)*((Vy(i-1,j).^2./Hy(i-1,j) +
g/2*Hy(i-1,j).^2) - ...
                  (Vy(i-1,j-1).^2./Hy(i-1,j-1) +
g/2*Hy(i-1,j-1).^2));

    % Update plot
    if mod(nstep,nplotstep) == 0
        C = abs(U(i,j)) + abs(V(i,j)); % Color shows momentum
        t = nstep*dt;
        tv = norm(C,'fro');
        set(surfplot,'zdata',H(i,j),'cdata',C);
        set(top,'string',sprintf('t = %6.2f, tv = %6.2f',t,tv))
        drawnow
    end

    if all(all(isnan(H))), break, end % Unstable, restart
end
end
close(gcf)

return

```

```

end

% -----

function D = droplet ( height, width )

% DROPLET 2D Gaussian
% D = droplet(height,width)
%
  [ x, y ] = ndgrid ( -1:(2/(width-1)):1 );

  D = height * exp ( -5 * ( x.^2 + y.^2 ) );

  return
end
% -----

function [surfplot,top,start,stop] = initgraphics(n)

% INITGRAPHICS Initialize graphics for waterwave.
% [surfplot,top,start,stop] = initgraphics(n)
% returns handles to a surface plot, its title, and two uicontrol
toggles.

  clf
  shg
  set(gcf,'numbertitle','off','name','Shallow_water')
  x = (0:n-1)/(n-1);
  surfplot = surf(x,x,ones(n,n),zeros(n,n));
  grid off
  axis([0 1 0 1 -1 3])
  caxis([-1 1])
  shading faceted
  c = (1:64)'/64;
  cyan = [0*c c c];
  colormap(cyan)
  top = title('Click start');
  start = uicontrol('position',[20 20 80
20],'style','toggle','string','start');
  stop = uicontrol('position',[120 20 80
20],'style','toggle','string','stop');

  return
end

```

Disseminação de doenças - Códigos MATLAB/Octave

espalhamento.m

```

% Gabriel Andrade Alves - BMAC - TCC - n° USP 5892669
% Espalhamento de doenças infecciosas - modelo SIR

```

```

clear
clc

% Se S=susceptíveis, I=infectedos e R=recuperados
% nosso sistema pode ser escrito como:
%  $S' = -\beta * S * I$ 
%  $I' = \beta * S * I - \gamma * I$ 
%  $R' = \gamma * I$ 

global beta gama sigma tmax mu nu zeta

tmax = 150; % número de dias na nossa simulação
D = 10; % número médio de dias que uma pessoa fica infectada
Ds = 4; % dia médio que uma pessoa fica incubando a doença
t_i = 100; % tempo médio de duração da imunidade (em dias)
gama = 1/D; % taxa de recuperação
beta = 0.5; % nº de novos infectados que um infectado gera por dia
sigma = 1/Ds; % taxa de conversão de infectados (SEIR)
zeta = 1/t_i; % taxa de conversão de suscetíveis (SEIR)
s0 = 1; % fração inicial de indivíduos suscetíveis
i0 = 1*10^-6; % fração inicial de indivíduos infectados
r0 = 0; % fração inicial de indivíduos recuperados (imunes)
mu = 5.5*10^-5; % taxa de mortalidade diária - supondo 2% ao ano
nu = 5.5*10^-5; % taxa de natalidade diária - idem
R0 = beta/gama;

% No nosso caso, as quantidades S, I e R estarão empacotadas no vetor w
w0 = [s0,i0,r0]'; %nosso vetor de condições iniciais

% Aqui calculamos as soluções do sistema no intervalo entre 0 e tmax
com a
% função embutida no matlab ode23
[t,w]=ode45('sir',[0,tmax],w0);

% para fins didáticos, separamos os componentes da matriz w
% em vetores com as soluções de s, i e r
s=w(:,1); i=w(:,2); r=w(:,3);

% plotamos os gráficos
hold off
plot(t,s,'r')
hold on
plot(t,i,'b')
plot(t,r,'g ')
title('Modelo SIR')
legend('susceptíveis','infectados','recuperados')
ylabel('Fração da população')
xlabel('Tempo (dias)')

disp('Continue para plotar a aproximação de Euler')
pause
euler %chama o arquivo euler.m para plotar "manualmente" uma solução

disp('Continue para inserirmos a dinâmica vital')

```

```

pause

tmax = 15000; % número de dias na nossa simulação
[t_d,w_sird]=ode45('sird',[0,tmax],w0);
s_d=w_sird(:,1); i_d=w_sird(:,2); r_d=w_sird(:,3);

% plotamos o gráfico
hold off
plot(t_d,s_d,'r')
hold on
plot(t_d,i_d,'b')
plot(t_d,r_d,'g')
title('Modelo SIR com dinâmica vital')
legend('susceptíveis','infectados','recuperados')
ylabel('Fração da população')
xlabel('Tempo (dias)')

axis([0 15000 0 1]);

%-----

disp('Continue para plotar o gráfico do modelo SEIR com dinâmica
vital')
pause

s0 = 1; % fração inicial de indivíduos suscetíveis
e0 = 1*10^-6; % fração inicial de indivíduos expostos
i0 = 0; % fração inicial de indivíduos infectados
r0 = 0; % fração inicial de indivíduos recuperados (imunes)

w0_seird = [s0,e0,i0,r0]'; %nosso vetor de condições iniciais
tmax = 300; % número de dias na nossa simulação

[t_seird,w_seird]=ode45('seird',[0,tmax],w0_seird);
s_seir=w_seird(:,1); e_seir= w_seird(:,2);
i_seir=w_seird(:,3); r_seir=w_seird(:,4);

% plotamos o gráfico
hold off
plot(t_seird,s_seir,'r')
hold on
plot(t_seird,e_seir,'m')
plot(t_seird,i_seir,'b')
plot(t_seird,r_seir,'g')
title('Modelo SEIRS')
legend('susceptíveis','expostos','infectados','recuperados')
ylabel('Fração da população')
xlabel('Tempo (dias)')
%END

```

sir.m

```
function wlinha=sir(t,w)
% Lado direito do sistema de equações diferencias
% dw(1)/dt=...
% dw(2)/dt=...
% dw(3)/dt=...
% em que x=w(1), y=w(2) e z=w(3)
% w e wlinha são vetores
global beta gama

wlinha=[-beta*w(1)*w(2)
        beta*w(1)*w(2) - gama*w(2)
        gama*w(2)] ;
```

euler.m

```
% é possível calcular também com método de Euler, por exemplo
n = 300; %número de intervalos
delta = tmax/n; %passo

t_e=zeros(1,n);
for j=1:n+1
    t_e(j)=(j-1)*delta;
end

% inserir condições iniciais
s_e(1)=s0;
i_e(1)=i0;
r_e(1)=r0;

for j=2:n+1
    wlinha_e=sir(t_e(j-1),[s_e(j-1),i_e(j-1),r_e(j-1)]);
    s_e(j)=s_e(j-1)+wlinha_e(1)*delta;
    i_e(j)=i_e(j-1)+wlinha_e(2)*delta;
    r_e(j)=r_e(j-1)+wlinha_e(3)*delta;
end

    plot(t_e,s_e,'r+')
    plot(t_e,i_e,'b+')
    plot(t_e,r_e,'g+')
    legend('susceptíveis','infectados','recuperados')
```

sird.m

```
function wlinha=sird(t,w)
% Lado direito do sistema de equações diferencias
% dw(1)/dt=...
% dw(2)/dt=...
% dw(3)/dt=...
% em que x=w(1), y=w(2) e z=w(3)
% w e wlinha são vetores
global beta gama mu nu
```

```
wlinha=[ nu*(w(1)+w(2)+w(3))-beta*w(1)*w(2)-mu*w(1)
        beta*w(1)*w(2) - gama*w(2) - mu*w(2)
        gama*w(2)-mu*w(3)] ;
```

seird.m

```
function wlinha=seird(t,w)
% Lado direito do sistema de equações diferenciais
% dw(1)/dt=...
% dw(2)/dt=...
% dw(3)/dt=...
% em que x=w(1), y=w(2) e z=w(3)
% w e wlinha são vetores
global beta gama mu nu sigma zeta

wlinha=[ -beta*w(1)*w(3) + zeta*w(4)
        beta*w(1)*w(3) - sigma*w(2)
        sigma*w(2) - gama*w(3)
        gama*w(3) - zeta*w(4)] ;
```

Evolução do altruísmo - Códigos MATLAB/Octave

altruismo.m

```
% Gabriel Andrade Alves - BMAC - TCC - n° USP 5892669
% Evolução do Altruísmo
% Vamos fazer uma simulação da evolução do altruísmo, baseado na
% exposição de Renato Vicente em sua tese de Livre Docência

clear
clc

N = 20; % Número de grupos
n = 20; % Tamanho dos grupos
A = floor(4*rand(1,N)); %aleatório de 0 a 3
%A = zeros(1,N); %inicializa vetor de altruístas
%A(ceil(10*rand)) = 1; %um indivíduo mutante surge em um grupo
%Ai = A; % registra A inicial
delta = 0.8; % força de seleção
m = 0.1; % taxa de migração, entre 0 e 1
Tmax = 50; % número máximo de gerações
Nmax = 30; % número de experimentos

i=0:1:n; % possibilidades de altruístas em cada grupo
C=1; B=5; % parametros dos modelos
Blinha = 2; a1= 0.5; d=0.05; dlinha=0.065; % mais parâmetros
blinha=2; b=blinha;% mais parâmetros
%Ck = C./i.^a1; Bk=b*i.^2./(1+d*i.^2); % parametros do modelo VCB
%Bklinha=blinha*i.^2./(1+dlinha*i.^2); % parametros do modelo VCB
teta=3; Azaa=10; Azaolinha=Azaa; % parametros do modelo THR

% Public Goods (PG)
vkPG_A = -C + (i-1)*B/(n-1); %payoffs PG para altruístas
```

```

vkPG_N = i*B/(n-1); %payoffs PG para naturais

% Interações Diádicas / General Linear Fitness (GLF)
vkGLF_A = -C + (i-1)*B/(n-1); %payoffs GLF para altruístas
vkGLF_N = i*Blinha/(n-1); %payoffs GLF para naturais

% Modelo de Limiar (THR)
vkTHR_A=zeros(1,n);
vkTHR_N=zeros(1,n);
for j=1:n+1
    if (j-1)<teta
        vkTHR_A(j)=-C;
        vkTHR_N(j)=0;
    else
        vkTHR_A(j)=-C+Azaao;
        vkTHR_N(j)=Azaolinha;
    end
end
end

%-----

%plotarvks % chama plotarvks.m para plotar os vks

%-----
% selecionamos aqui a função v de interesse e calculamos o w
% aqui estão todos os wks possíveis, de 0 a 20
wkA = 1 + delta*vkPG_A;
wkN = 1 + delta*vkPG_N;
%-----

W=zeros(1,N); %inicializar vetores, para poupar memória
wA=zeros(1,N);
wN=zeros(1,N);
Wrel=zeros(1,N);
Wreli=zeros(1,N);
R=zeros(Nmax,Tmax+1);
%R(1)=sum(Ai); - útil quando não há loop de fora (1:Nmax)

%esta iteração é feita uma vez fora do loop, porque é necessária nos
%cálculos iniciais, na ordem planejada
for k=1:Nmax

A = floor(5*rand(1,N)); % gera A aleatório de 0 a 4 indivíduos por
grupo
A(1,:)=7; % para fixar A inicial, se conveniente
%A = zeros(1,N); %inicializa vetor de altruístas
%A(ceil(10*rand)) = 1; %um indivíduo mutante surge em um grupo
Ai = A; % registra A inicial
R(k,1)=100*sum(Ai)/(N*n);

    for j=1:N %percorre grupos
        wA(j) = A(j)*wkA(A(j)+1); %aptidão total dos altruístas
        wN(j) = (n-A(j))*wkN(A(j)+1); %aptidão total dos naturais
    end
end

```

```

        W(j) = wA(j)+wN(j); %aptidão média pro grupo
        Wrel(j) = wA(j)/W(j); %aptidão relativa dos altruístas no
grupo
    end

for t=1:Tmax
    %Vamos calcular as aptidões relativas de cada grupo

    % Vamos calcular uma vetor P com as probabilidades cumulativas de
um certo
    % grupo ser selecionado como pai de outro
    Paux=0;
    Y=W/sum(W);
    P=zeros(1,N);
    for u=1:N
        P(u)=Y(u)+Paux;
        Paux=P(u);
    end

    % Sorteio de um "pai": o índice paterno é escolhido de acordo com
a
    % presença de elementos A. Quanto mais As, maior a chance de um
grpuo
    % ser escolhido. Dois ou mais grupos podem ter o mesmo "pai".
    Atemp = ones(1,N);
    y=rand(1,N);
    casa=zeros(1,N);
    for j=1:N
        for z=1:N
            if P(z) <= y(j)
                casa(j) = z+1;
            end
        end
    end

    for j=1:N
        if casa(j)==0
            casa(j)=1;
        end
        Atemp(j)= A(casa(j));
    end

    % Novo vetor A, dos pais de cada filho

    for j=1:N %percorre grupos
        wA(j) = Atemp(j)*wkA(Atemp(j)+1); %aptidão total dos altruístas
naturais
        wN(j) = (n-Atemp(j))*wkN(Atemp(j)+1); %aptidão total dos
        W(j) = wA(j)+wN(j); %aptidão média pro grupo
        Wrel(j) = wA(j)/W(j); %aptidão relativa dos altruístas no grupo
    end
end

```

```

BIN=zeros(n+1,N);
for v=1:N
    for u=1:n+1 %vamos começar do 0
        BIN(u,v)= binocdf(u-1,n,Wrel(v)); % Wrel é a % do impacto
do altruismo no grupo
    end
end

%escolha dos números de altruístas para cada grupo na prox geração
index=ones(1,N);
x=rand(1,N);
for v=1:N
    for u=1:n+1
        if BIN(u,v)<x(v)
            index(v)=u+1;
        end
    end
end

end
A=index-1; %atualiza número de altruístas por grupo

%INÍCIO - Sorteio
%Vamos definir quantos migrantes haverá em cada grupo

V1=zeros(1,N);
for j=1:N
    for l=1:n
        if rand()<=m %todos tem chance m de mudar de grupo
            V1(j)=V1(j)+1;
        end
    end
end
end
Totmigrantes = sum(V1); %Guardamos o total de migrantes

%Vamos calcular o total de altruístas migrantes em cada grupo
V3=zeros(1,N);
for j=1:N
    if V1(j)>0
        for l=1:V1(j)
            if rand()<=A(j)/n
                V3(j)=V3(j)+1;
            end
        end
    end
end
end
Tmigalt=sum(V3);

%Criamos uma vetor zerado com o comprimento igual ao número de
migrantes
V2=zeros(1,Totmigrantes);

% Vamos atualizar V2 nas primeiras com os altruístas e depois
embaralhar
for j=1:Tmigalt
    V2(j)=1;
end

```

```

end
V2=V2(randperm(length(V2)));

% Vamos percorrer o V2 e as vagas de cada grupo (tem que casar), e
% atualizar o valor de A de cada grupo

j=1; % índice do vetor V2
for l=1:N % vamos percorrer vetor V1 de grupos, com nº de migrantes
de cada
    if V1(l)==0
        j=j+1;
    else
        for q=1:V1(l)
            A(l)=A(l)+V2(j+q-1); %atualizamos os migrantes
        end
    end
    if A(l)>20
        A(l)=20; % restrição de tamanho máximo em cada grupo
    end
end

    %FIM do sorteio

    R(k,t+1)= 100*sum(A)/(N*n); %Guardando o número de altruístas na
população
end
end

Rmedio=zeros(1,Tmax+1);

for u=1:(Tmax+1)
    Rmedio(u)=mean(R(:,u));
    Erro(u)=std(R(:,u));
end

%plotarerros % chama plotarerros.m para plotar gráfico de erros

%plotarlinhas % chama plotarlinhas.m para plotar gráfico de linhas
%END

```

plotarvks.m

```

%plotar os vks
sz=25;
subplot (1,3,1);
scatter (i,vkPG_A,sz,'b','filled');
hold on
scatter (i,vkPG_N,sz,'g','filled');
title ('Public Goods (PG)');
xlabel('k')
ylabel('payoff')
grid on
grid minor
pbaspect([1 1 1])

```

```

subplot (1,3,2);
scatter (i,vkGLF_A,sz,'b','filled');
hold on
scatter (i,vkGLF_N,sz,'g','filled');
title ('Interações diádicas (GLF)');
xlabel('k')
ylabel('payoff')
grid on
grid minor
pbaspect([1 1 1])

subplot (1,3,3);
scatter (i,vkTHR_A,sz,'b','filled');
hold on
scatter (i,vkTHR_N,sz,'g','filled');
title ('Modelo de Limiar (THR)');
xlabel('k')
ylabel('payoff')
grid on
grid minor
pbaspect([1 1 1])
legend({'v_k^A','v_k^N'},'Location','southeast')

```

plotarerros.m

```

%END

% para plotar gráfico de erro
if wkA==1 + delta*vkPG_A
    modelo=' Public Goods (PG)';
elseif wkA==1 + delta*vkVPG_A
    modelo=' Interações diádicas (GLF)';
elseif wka==1 + delta*vkTHR_A
    modelo=' Limiar (THR)';
end

hold off
errorbar(0:Tmax, Rmedio,Erro);
title ('Simulação com modelo de Public Goods (PG)');
xlabel('Geração')
ylabel('Fração de altruístas (%)')
grid on
pbaspect([1 1 1])

% x = [1 2 3 4 5];
% ymin = [0.01 0.02 0.03 0.04 0.05]; % lower error bar position
% ymax = [0.02 0.03 0.04 0.05 0.06]; % upper error bar position
% % draw error bar from minimum value to maximum value
% errorbar(x,(ymin+ymax)/2,(ymax-ymin)/2)

```

plotarlinhas.m

```

%para plotar gráfico de linhas
if wkA==1 + delta*vkPG_A
    modelo=' Public Goods (PG)';

```

```

elseif wkA==1 + delta*vkVPG_A
    modelo=' Interações diádicas (GLF)';
elseif wka==1 + delta*vkTHR_A
    modelo=' Limiar (THR)';
end

hold off
for j=1:Nmax
    plot (0:Tmax, R(j,:));
    hold on
end
title (['Simulação com modelo de' modelo]);
xlabel('Geração')
ylabel('Fração de altruístas (%)')
grid on
pbaspect([1 1 1])

```